

Indhold

FORORD	4
Kapitel 1 BIOINFORMATIK	9
Hvad er bioinformatik?	9
Filekstensioner	9
Inputdata	9
<i>FASTA-format</i>	10
Hvorfra kommer data?	11
Værd at vide om søgning	11
Hvad kan bioinformatik?	12
Alignments	13
Fylogenetiske stamtræer	14
Proteinstruktur	17
Software	17
Tekniske problemer	18
Kapitel 2 SMÅ STAMTRÆER – STORE FORKLARINGER	19
PROGRAM: GENEIOUS PRIME	
Morfologiske træer	19
Fylogenetiske stamtræer	20
Opbygning af stamtræer	21
UPGMA- og Neighbor-Joining-stamtræer	22
Klassifikation og evolution	22
Konstruktion af stamtræer	24
Elefanter og mammut	24
HIV	27
<i>HIV's opståen</i>	27
Primater	30
<i>Primaternes slægtskab</i>	32
Virus evolution	33
Strudsefugle - molekylært ur	35
Genetiske afstande omsættes til tidsangivelser	37
Moer	39
<i>Timetree.org</i>	41
<i>Stamtræer</i>	41
Stamtræer med i felten	43
Et eksempel på udarbejdelse af et stamtræ	44
Fremstilling af fylogenetisk stamtræ	46
Kapitel 3 FORM OG FUNKTION HÆNGER SAMMEN - PROTEINSTRUKTUR	49
PROGRAMMER: CHIMERAX OG GENEIOUS PRIME	
3D-struktur-alignment	51
3D-strukturer af hæmoglobin og myoglobin	51

Sammenligning af strukturer	52
Primærstrukturen af myoglobin og hæmoglobins D-kæde	53
Sammenligning af hæmoglobin og leghæmoglobin	54
Dolkhaler og hæmocyanin	56
Kapitel 4 BIOINFORMATISK ANALYSE AF INSULIN	57
PROGRAMMER: GENEIOUS PRIME, CHIMERAX OG UNIPROT	
Lokalisering af dele i præ-proinsulinsekvensen	58
Annotationer for insulinsekvenser fra menneske og gris	58
Disulfidbindinger mellem A- og B-kæden i insulin	60
Signalpeptidets polaritet	60
Sammenligning vha. alignment og Consensus/Identity	61
Information på UniProt om sekvenserne	62
Strukturel analyse af insulin fra menneske og gris	64
Strukturel sammenligning	64
Kapitel 5 PLASMIDANALYSER	67
PROGRAMMER: GENEIOUS PRIME OG SNAPGENE VIEWER	
Plasmidet med GFP	68
Find proteinstrukturen	70
Alignment af plasmider	72
Restriktionssites	73
pUC18	74
Kapitel 6 GÆS – FYSIOLOGI PÅ MOLEKYLÆRT PLAN	79
PROGRAM: GENEIOUS PRIME	
Undersøgelse af forskelle i hæmoglobin.	80
BLAST-søgning af strukturfiler	82
Analyse af strukturfiler	83
Afstand mellem to aminosyrer	84
Gæs i Sydamerika	85
Kapitel 7 SARS-COV-2	87
PROGRAM: GENEIOUS PRIME	
Hvor kommer virus fra?	88
Undersøgelse af hvor SARS-CoV-2 kommer fra	88
Analyse af SARS-CoV-2-genomet vha. annotationer	89
Opbygningen af SARS-CoV-2	93
Undersøgelse af proteinerne N, E og S	93
De ikke-strukturelle proteiner	95
Mutationer	95
Mutationer i spikeproteinet	100
Den oprindelige zoonose	100
Undersøgelse af zoonosen	101
PCR-analyse	103
Undersøgelse af primernes bindingssteder	103

Kapitel 8 VACCINATIONER	105
PROGRAMMER: GENEIOUS PRIME OG BEPIRED	
Analyse af spikeproteinet	105
Glycoproteiner	105
Proteinets fysiske egenskaber	106
Strukturanalyse	107
<i>Primærstruktur</i>	107
<i>Sekundærstruktur</i>	108
<i>Tertiærstruktur</i>	109
<i>Undersøgelse af disulfidbindingerne</i>	109
<i>Kvarternærstruktur</i>	111
Epitoper og minkmutationer	111
Cluster-5-varianten	112
Placeringen af mutationer	113
Epitoper og bioinformatik	114
Perspektiver	116
Kapitel 9 POLYPLOIDI	117
PROGRAM: GENEIOUS PRIME	
Polyploidi opstår ved fejl i meiosen	118
Autopolyploidi og allopolyploidi	119
Allopolyploid artsdannelse	119
En bioinformatisk tilgang	120
Analyse af det fundne stamtræ	121
Maternal arv	121
Polyploidi hos tobak	122
Polyploidi hos <i>Nicotiana</i>	122
Undersøgelse af slægtskabsforhold hos <i>Nicotiana</i>	122
Alignment af sekvenser	124
Fremstil et fylogenetisk træ	124
Den oprindelige tobak, <i>Nicotiana clevelandii</i>	124
Den oprindelige hanlige og hunlige gamet	125
Kapitel 10 STØRRE SKRIFTLIGE OPGAVER	
- VIDERE MED BIOINFORMATIK	127
Materiale til undersøgelserne	127
Almindelig internetsøgning	127
AI	128
Søgning via Geneious Prime	128
PDB 101	129
Opgradér software	130
Plugins	131
INDEKS	133
BILLEDLISTE	134
KILDELISTE	136