

ITBC BIO-INFORMATICA

# Bioinformatica course 1



Week 3:  
Genlengte  
Aminozyuren

# Onderwerpen

- Resultaten afgelopen week
- Verschil in lengte gen/mrna
- Aminozuren
- Lading eiwit

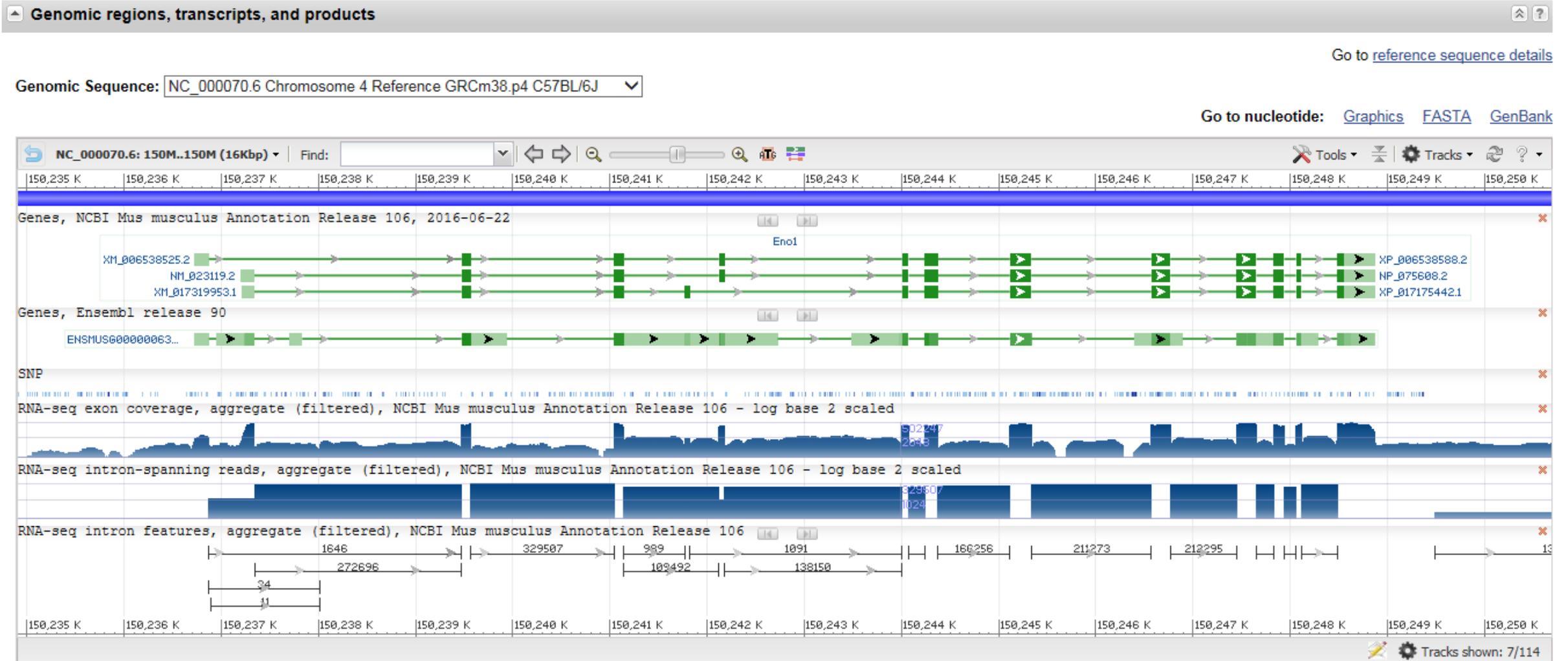
## Resultaten afgelopen week

- GC% mRNA hoger dan GC% van totaal genoom organisme
- In *Homo Sapiens* ligt 80% van de genen op GC-rijk gebied
- Lengte mRNA sequentie korter dan lengte gen sequentie

## Verskil in lengte Gen en mRNA

- Opdracht:
- ga naar de ncbi Gene pagina
- ENO1 *Mus musculus*
  
- ga naar Genomic regions, transcripts en products

# Genomics regions, transcript, products



# Verskil in lengte gen en mRNA

- Opdracht:
- ga naar de ncbi Gene pagina
- ENO1 *Saccharomyces cerevisiae*
- ga naar Genomic regions, transcripts en products

The screenshot displays the NCBI Genomic regions, transcripts, and products interface. At the top, the genomic sequence is identified as NC\_001139.9. Navigation links include 'Go to reference sequence details', 'Go to nucleotide: Graphics FASTA GenBank', and 'Tools'. The main visualization shows a genomic map with a scale from 3,700 to 1,002,300. A green bar represents the ENO1 gene, with its transcript NM\_001181383.3 and protein product NP\_011770.3. The interface includes a search bar, navigation arrows, and a 'Tracks shown: 2/11' indicator at the bottom right.

# Verskil in lengte gen en mRNA

- Opdracht:
- ga naar de ncbi Gene pagina
- ENO1 *Pseudomonas syringae*
- ga naar Genomic regions, transcripts en products

Genomic Sequence: NC\_004578.1 [Go to reference sequence details](#)

Go to nucleotide: [Graphics](#) [FASTA](#) [GenBank](#)

NC\_004578.1 | Find:  | [Tools](#) | [Tracks](#) | [?](#)

Genes

eno-1

NP\_791379.1

NP\_791380.1

STIS Markers

Warning: No track data found in this range

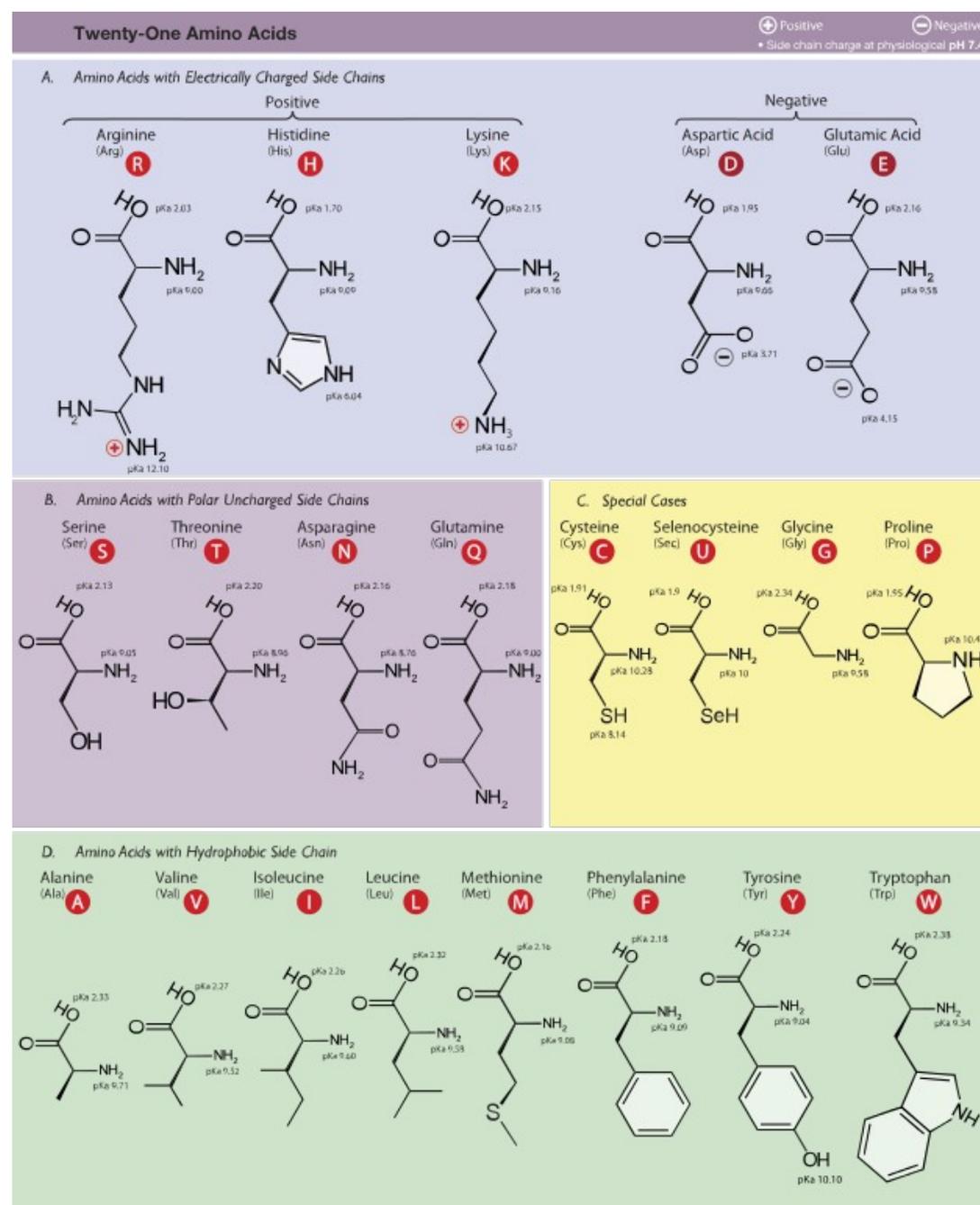
NC\_004578.1: 1.7M..1.7M (1.7Kbp) | [Tracks shown: 3/8](#)

## Verskil in lengte gen en mRNA

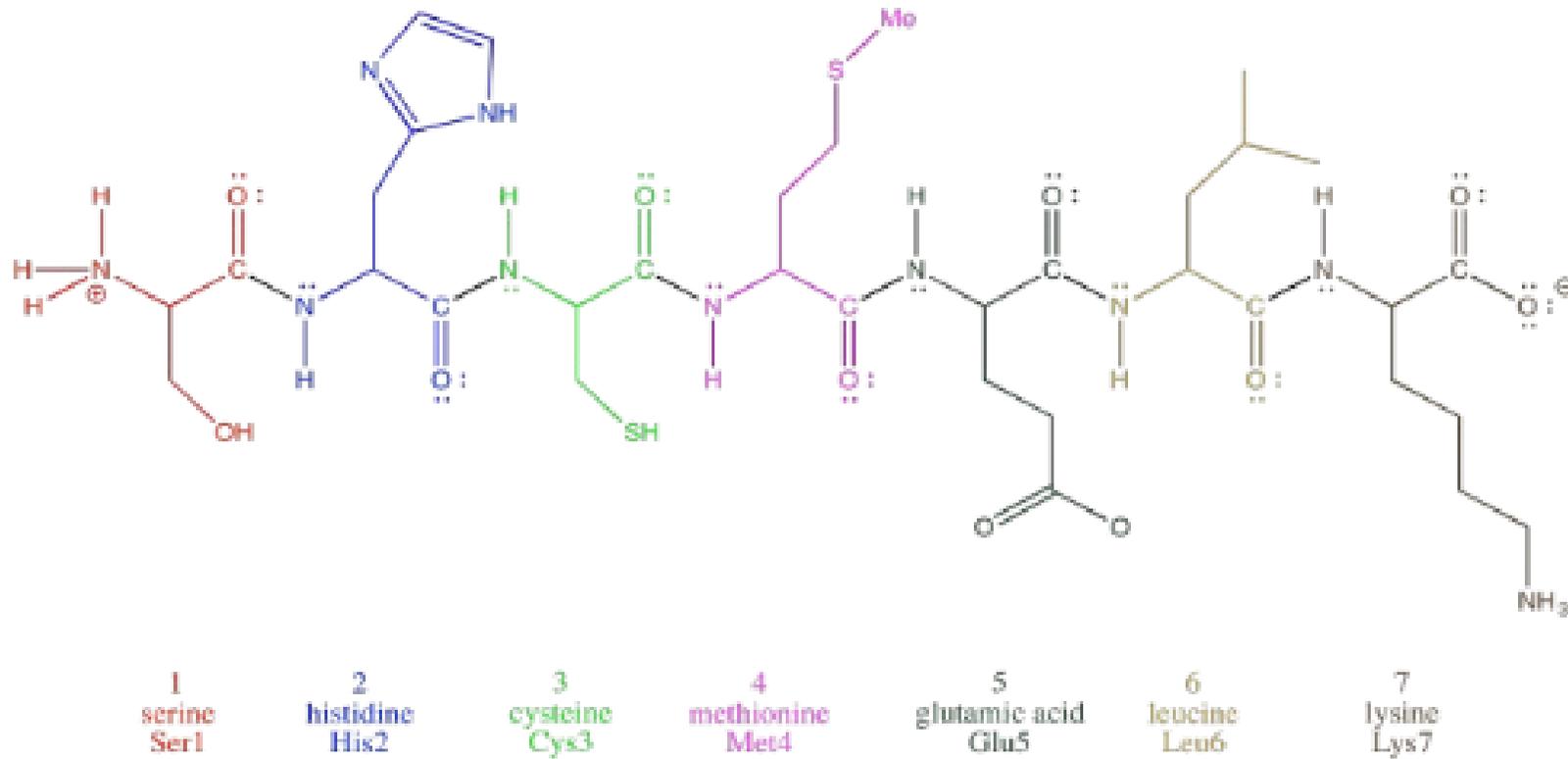
- NCBI nucleotide DB
- Ga naar de mRNA sequentie van **LIG1**, homo sapiens
- Klik op CDS en gene, vergelijk

# Aminoszuren

- Verschillende eigenschappen



# Aminosäuren



## Lading Eiwit

- Naar EBI – tools – SAPS
- Laad je eiwitsequentie in, kijk naar de resultaten

# Lading Eiwit

- Met pythonscript:
- Toets of je input sequentie DNA of eiwit is
- Bepaal de lengte van de sequentie
  
- In eiwit:
- Aantallen D,E,R,K tellen
- Percentage DE, RK, DERK uitrekenen ten opzichte van de totale eiwitsequentie.
- Bereken met verschil  $RK - DE$ , de netto lading.
- Visualiseren met Pie-chart in excel.

Vragen?

# Verantwoording

- In deze uitgave is géén auteursrechtelijk beschermd werk opgenomen
- Alle teksten © Gonny Henkes tenzij expliciet externe bronnen zijn aangegeven
- Screenshots op basis van vernoemde websites
- Eventuele images zijn opgenomen met vermelding van bron