

Programy

Primer3 (<http://primer3.ut.ee/>) NEBcutter2.0 (<http://nc2.neb.com/NEBcutter2/>)

U67065 10741-13080 11711(971) 11181(441)
NM_177508 1247-1249

Primer3

1. W bazie GenBank odszukaj rekord o numerze dostępu AB209485. Wyświetl rekord w formacie FASTA. Skopiuj zawartość rekordu i wklej do okna edycyjnego programu Primer3.
2. W opcjach programu wybierz ludzką bibliotekę sekwencji powtarzalnych.
3. Wprowadź nazwę sekwencji w polu „Sequence Id”
4. Przy domyślnych ustawieniach programu, zatwierdź zadanie.
5. Zinterpretuj arkusz wynikowy, podając dla każdego startera: pozycję nt na końcu 5’ startera, długość, temperaturę topnienia, zawartość nukleotydów GC (%), wartość wewnętrznej komplementarności startera, wartość wewnętrznej komplementarności startera na końcu 3’, podobieństwo do wyspecyfikowanej biblioteki sekwencji powtarzalnych, sekwencję obu starterów, długość analizowanej sekwencji i produktu.