

OBSAH

Predhovor	
1 Úvod	7
2 Párové prirovnávanie sekvencií	8
2.1 Globálne a lokálne prirovnávanie sekvencií	10
2.2 Vizualne zobrazenie podobnosti prirovnávaných sekvencií	11
2.3 Skórovacie matice	11
2.3.1 PAM matice	12
2.3.2 BLOSUM matice	12
2.3.3 Podmienky výberu skórovacích matíc	13
2.4 Skórovacie matice nukleotidov	14
2.4.1 Medzery a medzerové pokuty (penalty)	14
2.5 Algoritmus BLAST (<i>Basic Local Alignment Search Tool</i>)	14
2.5.1 Aplikácie nástroja BLAST	17
2.5.2 Parametre nástroja BLAST pre prirovnávanie bielkovín	25
2.5.3 Parametre nástroja BLAST pre prirovnávanie preložených sekvencií (blastx/tblastn)	28
2.5.4 Výstup a interpretácia výsledkov analýz BLAST	30
3 Viacnásobné prirovnávanie sekvencií	35
3.1 Prirovnávanie sekvencií na základe ich štruktúry	35
3.2 Postup viacnásobného prirovnávania sekvencií	36
3.3 Výstup a interpretácia výsledkov analýz Clustal Omega	42
4 Fylogenetické vzťahy biologických dát a sekvencií	45
4.1 Princíp konštrukcie dendrogramov	47
4.2 UPGMA analýza	52
5 Úlohy	61
6 Slovensko-anglická terminológia	65
7 Zoznam použitej literatúry	70