

## SMAM cvičení III. – Materiály pro předpřípravu

Cílem předpřípravy je, abyste si připomněli základní principy, na kterých je praktické cvičení postaveno. V laboratoři tak už můžeme rovnou diskutovat nad samotným postupem a strávit více času experimentováním.

Během prvních tří cvičení budeme pracovat s neznámou bakterií, kterou budeme identifikovat sekvenováním jejího genu pro 16S rRNA. Dílčími úkoly pro úspěch těchto cvičení budou amplifikace genu, přečištění získané DNA, sekvenace získané DNA a bioinformatické porovnání získané sekvence s knihovnou známých sekvencí. Ve třetím cvičení zpracujeme výsledky ze sekvenace - nejdříve se přesvědčíme o kvalitě získaných sekvencí a poté je porovnáme s internetovými knihovnami genů abychom určili identitu naší neznámé bakterie.

Na vašich noteboocích budete potřebovat „Balíček pro práci s DNA“:

- Nainstalujte si program BioEdit (např. zde <https://bioedit.software.informer.com/7.2/>)
- Založte si účet v Benchling <https://benchling.com/>
- Přečtěte si - Jak interpretovat chromatogram ze sekvenace ->  
<https://www.labxchange.org/library/items/lb:LabXchange:e7e6a2bf:html:1>

Nakonec si projděte výsledky prvních dvou cvičení. Zkuste si napsat co bylo hlavním cílem a co očekáváme od sekvenace, jejíž výsledky už máte v IS v poskytovně. Co budeme se sekvencemi dělat? Diskuzí na toto téma začneme třetí cvičení.

