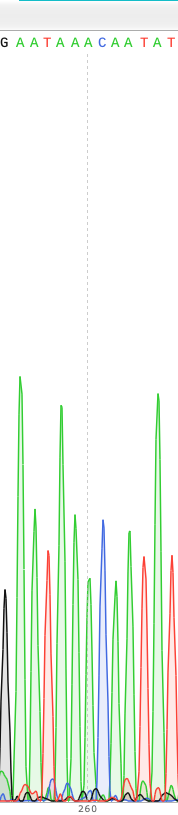
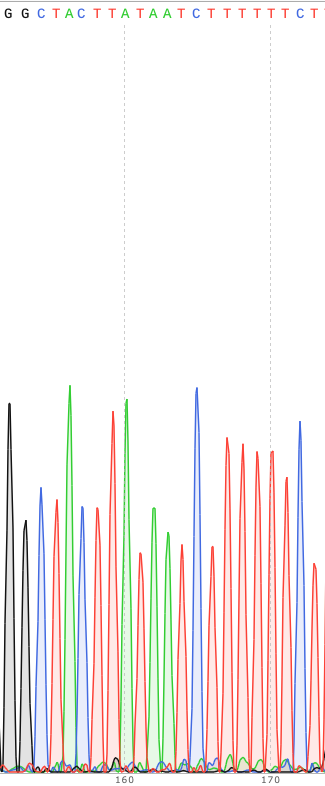
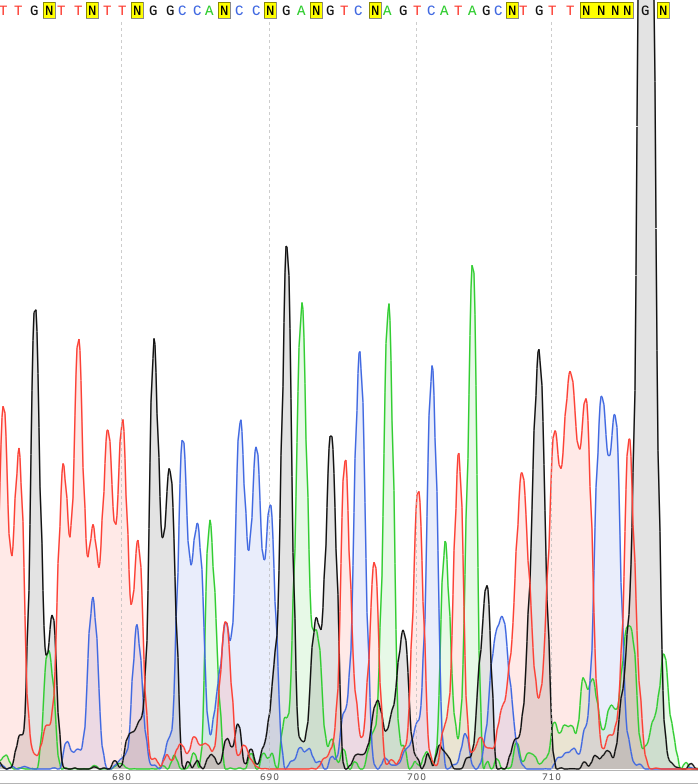
Для работы с файлом я использовала программу SnapGene т.к. я с ней уже работала и она у меня установлена.

1. Название предложенного вам файла: 24\_F.ab1
2. Длина хроматограммы: 717 оснований
3. Длины начального и конечного трудно читаемых фрагментов, оцените “на глаз”: начальный: примерно до 29ого основания, конец: начиная от 675
4. Оцените “на глаз” отношение сигнала и шума в среднем: отношение сигнала к шуму где-то 10:1 (т.е. шум где-то 10% от сигнала, есть места где шум больше ( например на участке от 80 до 84;118-123 и т.п.), есть – где меньше(например 229-234; 301-305)
5. Приведите примеры в виде картинок:
   1. “шума” почти нет

* 1. “шум” мешает интерпретации сигнала



* 1. “шум” есть, но не мешает интерпретации сигнала



1. Выберите 5-7 проблемных нуклеотидов или полиморфизмов и опишите:
   1. координату проблемного нуклеотида или полиморфизма: 80, 82, 84, 397, 675, 678.
   2. причину выбора (полиморфизм, разное расстояние между сигналами, пятно краски и т.п. (см. презентацию)) пятно краски 80 82 84; полиморфизм 397; пятно краски 675 678
   3. решение (гомо-/гетерозигота, необходимо удалить или добавить нуклеотид, фрагмент не подлежит интерпретации, другое …) участки 80, 82, 84, 675, 678 - не подлежат интерпретации, 397 – гетерозигота.
2. картинку окрестности проблемного нуклеотида, достаточную для обоснования описанного решения.

