

Costruire una **mappa di restrizione** del **DNA** del **Fago Lambda**

Obiettivo Utilizzare software bioinformatici per identificare numero e dimensione dei frammenti generati dal taglio del DNA del Fago Lambda con gli enzimi di restrizione BamHI e EcoRI, fatti agire singolarmente.

Autore Irene Martina Maina, Fondazione Diasorin



Materiali e reagenti

Nessuno



Strumenti

- Computer



Sicurezza

Nessuno



Tempo

Circa 1 ora e 30 minuti



Procedimento

1. Collegarsi al sito NCBI Nucleotide (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/?term=>) per cercare la sequenza completa del DNA del Fago Lambda nel database di GenBank®: scrivere nella banda di ricerca “Phage Lambda” e cliccare su “Search” (riquadro rosso).

The screenshot shows the NCBI Nucleotide search interface. At the top, the NIH logo and 'National Library of Medicine' are visible. Below the logo, there is a search bar with a dropdown menu set to 'Nucleotide' and the text 'Phage Lambda' entered. A red box highlights the search bar and the 'Search' button. To the right of the search bar is a 'Log in' button. Below the search bar, there is a 'Help' link. The main content area features a large image of DNA sequence letters (A, C, G, T) and the heading 'Nucleotide'. Below this, there is a brief description of the Nucleotide database. At the bottom, there are three columns of links: 'Using Nucleotide' (Quick Start Guide, FAQ, Help, GenBank FTP, RefSeq FTP), 'Nucleotide Tools' (Submit to GenBank, LinkOut, E-Utilities, BLAST, Batch Entrez), and 'Other Resources' (GenBank Home, RefSeq Home, Gene Home, SRA Home, INSDC).

2. Appare una schermata in cui sono elencate varie sequenze del DNA del Fago Lambda con diverse caratteristiche: scegliere l'opzione 1 denominata “Enterobacteria phage lambda, complete genome” (riquadro rosso).

The screenshot shows the NCBI Nucleotide search results page. The search bar at the top contains 'Phage Lambda' and the 'Search' button is highlighted with a red box. Below the search bar, there is a 'Create alert' button and an 'Advanced' link. The main content area is divided into several sections. On the left, there is a sidebar with filters for 'Species' (Animals, Plants, Fungi, Protists, Bacteria, Viruses), 'Molecule types' (genomic DNA/RNA, mRNA), 'Source databases' (INSDC, RefSeq), and 'Sequence Type' (Nucleotide, EST). The main results area shows a list of items, with the first item highlighted by a red box: '1. Enterobacteria phage lambda, complete genome'. This item is described as '48,502 bp linear DNA' with accession number 'NC_001416.1' and GI '9626243'. It includes links for 'Assembly', 'BioProject', 'Protein', 'PubMed', 'Taxonomy', 'GenBank', 'FASTA', and 'Graphics'. To the right of the results, there is a 'Results by taxon' section with a 'Top Organisms' list (Salmonella enterica, Escherichia coli, Klebsiella pneumoniae, Lambdavirus lambda, Enterobacter hormaechei) and a 'Find related data' section with a 'Database' dropdown menu and a 'Find items' button. At the bottom right, there is a 'Search details' section with the search criteria: '"Escherichia phage Lambda"[Organism] OR Phage Lambda[All Fields]'. The page also includes navigation links like '<< First', '< Prev', 'Page 1 of 602', 'Next >', and 'Last >>'.

3. Nella schermata successiva sono riassunte alcune caratteristiche della sequenza del DNA del Fago Lambda, come la lunghezza in paia di basi (48.502 pb), la conformazione del DNA (lineare) e l'ospite da cui il DNA è stato estratto (*Escherichia coli*). A seguire è riportata una lunga serie di referenze con indicazione di autore, titolo e rivista scientifica dell'articolo su cui è stato pubblicato lo studio associato al genoma cercato.

National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

Nucleotide Advanced Help

GenBank Send to: Change region shown Customize view

Enterobacteria phage lambda, complete genome
NCBI Reference Sequence: NC_001416.1
[FASTA](#) [Graphics](#)

Go to:

LOCUS NC_001416 **48502 bp** **DNA linear** PHG 11-JAN-2023
DEFINITION Enterobacteria phage lambda, complete genome.
ACCESSION NC_001416
VERSION NC_001416.1
DBLINK BioProject: [PRJNA485481](#)
KEYWORDS RefSeq.

SOURCE **Escherichia phage Lambda**
ORGANISM [Escherichia phage Lambda](#)
Viruses; Duplodnaviria; Heunggongvirae; Uroviricota; Caudoviricetes; Lambdavirus; Lambdavirus lambda.

REFERENCE 1 (sites)
AUTHORS Chen, C.Y. and Richardson, J.P.
TITLE Sequence elements essential for rho-dependent transcription termination at lambda tR1
JOURNAL J. Biol. Chem. 262 (23), 11292-11299 (1987)
PUBMED [3038914](#)

REFERENCE 2 (sites)
AUTHORS Peltz, S.W., Brown, A.L., Hasan, N., Podhajska, A.J. and Szybalski, W.
TITLE Thermosensitivity of a DNA recognition site: activity of a truncated nutL antiterminator of coliphage lambda
JOURNAL Science 228 (4695), 91-93 (1985)
PUBMED [3156406](#)

REFERENCE 3 (sites)
AUTHORS Coleclough, C. and Erlitz, F.L.
TITLE Use of primer-restriction-end adapters in a novel cDNA cloning strategy

Related information
Assembly
BioProject
Protein
PubMed
Taxonomy
Full text in PMC
Gene
Identical GenBank Sequence
Mature Peptides
Other INSDC Genome Sequences
PubMed (Weighted)

Alla fine della lista di referenze scientifiche, sono presentati i geni che costituiscono il DNA del Fago Lambda e le proteine che questi geni codificano. Nell'immagine sotto riportata come esempio si evince che i nucleotidi in posizione 191..736 (pb) costituiscono il gene denominato "nu1" e che la CDS, ovvero la sequenza codificante di questo gene (inizio a 191 pb e fine a 736 pb) porta le informazioni per la proteina "terminase small subunit". Nell'ultimo riquadro rosso è evidenziata la sequenza amminoacidica della proteina corrispondente.

FEATURES	Location/Qualifiers
source	1..48502 /organism="Escherichia phage Lambda" /mol_type="genomic DNA" /host="Escherichia coli" /db_xref="taxon:2681611"
gene	191..736 /gene="nu1" /locus_tag="lambdap01" /db_xref="GeneID:2703523"
CDS	191..736 /gene="nu1" /locus_tag="lambdap01" /codon_start=1 /transl_table=11 /product="terminase small subunit" /protein_id="NP_040580.1" /db_xref="GeneID:2703523" /translation="MEVNKKQLADIFGASIRTIQNWQEQGMPVLRGGGKGNEVLYDSA AVIKWYAERDAEIENEKLRREVEELRQASEADLQPGTIEYERHRLTRAQADAQELKNA RDSAEEVETAFCTFVLSRIAGEIASILDGLPLSVQRRFPELENRHVDFLKRDIKAMN KAAALDELIPGLLSEYIEQSG"

La pagina continua con un lungo elenco di geni, fino a quando si giunge alla sequenza nucleotidica del DNA del Fago Lambda. Ulteriori dettagli sulle informazioni riportate in questa pagina sono reperibili nelle note.

- Per ottenere la sequenza del DNA del Fago Lambda in formato FASTA, tornare all'inizio della pagina e cliccare su "FASTA" (riquadro rosso). Maggiori informazioni sul formato FASTA sono disponibili nelle note.

NIH National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

Nucleotide Advanced Help

GenBank Send to: Change region shown Customize view

Enterobacteria phage lambda, complete genome
NCBI Reference Sequence: NC_001416.1
FASTA [Graphics](#)

Go to:

LOCUS NC_001416 48502 bp DNA linear PHG 11-JAN-2023
DEFINITION Enterobacteria phage lambda, complete genome.
ACCESSION NC_001416
VERSION NC_001416.1
DBLINK BioProject: [PRJNA485481](#)
KEYWORDS RefSeq.
SOURCE Escherichia phage Lambda
ORGANISM [Escherichia phage Lambda](#)
Viruses; Duplodnaviria; Heunggongvirae; Uroviricota;
Caudoviricetes; Lambdavirus; Lambdavirus lambda.

Analyze this sequence
Run BLAST
Pick Primers
Highlight Sequence Features
Find in this Sequence

Related information
Assembly

- Copiare la sequenza completa del DNA del Fago Lambda, a partire dalla riga identificata dalla freccia rossa.

NIH National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

Nucleotide Advanced Help

FASTA Send to:

Enterobacteria phage lambda, complete genome

NCBI Reference Sequence: NC_001416.1
[GenBank](#) [Graphics](#)

>NC_001416.1 Enterobacteria phage lambda, complete genome
GGGCGGCGACCTCGCGGTTTTTCGCTATTATGAAAATTTCCGGTTAAGGCGTTCCGTTCTTCTCG
TCATAACTTAATGTTTTTATTTAAATACCTCTGAAAAGAAAGGAAACGACAGGTGCTGAAAGCGAGGC
TTTTTGGCCTCTGCTGTTTTCTCTGTTTTGTCGTGGAATGAACAATGGAAAGTCAACAAAAGCA
GCTGGCTGACATTTTCGGTGCAGATTCGGTACCATTCAGAACTGGCAGGAACAGGGAATGCCGTTCTG
CGAGGCGGTGGCAAGGGTAATGAGGTGCTTTATGACTCTGCCGCGCTCATAAAATGGTATGCCGAAAGGG
ATGCTGAAATTGAGAACGAAAAGCTGCGCCGGGAGGTTGAAAGAACGCGGCAAGCCAGCGAGGCAGATC
CCAGCCAGGAACATATGAGTACGAACGCATCGACTTACGCGTGCAGGCGCCAGCGCACAGGAACGAAG
AATGCCAGAGACTCCGCTGAAAGTGGTGGAAACCGACTTCTGACTTTCTGTTGCTGCTCGCGGATCGCAGGTG
AAATGCCAGATTTCTGACGGGCTCCCGCTGCGTGCAGCGGCTTTTCCGAACTGGAAAACCGAC
TGTGATTTCTGAAACGGGATATCATCAAGCCATGAAACAAAGCAGCCGCGCTGGATGAACTGATACC
GGGTTGCTGAGTGAATATCGAACAGTCAAGTTAACAGGCTGCGGCTTTTGTCCGCGCCGGGCTTCG
TCACGTTTCAGGCGGAGCCACAGACCGCCGTGAAATGGCGGATGCTAATTAATCTCCCGAAAAGAA
CCGCATACAGGAAGGGCTGGGAAACACTGCCCTTTACGCGGCCATCATGAATGCGATGGGCAGCGA
CTACATCCGTAAGGTGAATGGTGAAGTCTGCCCGTGTGGTATTCCAAAATGCTGCTGGTGTTTAT
GCCTACTTTATAGAGCATAAGCAGCGCAACACCCCTTATCTGGTTGCCGAGGATGGTATGCGGAACT
TTATGAAAACCCAGTTGAGCGCACTTTCGTGATTTCTGCTGCTGGCGCTGGCCCGTGGTATGG
CAAAAAGCAGCGGATAACACGCTCACCATGAAGGTTTCACTAATGGGCGTGGCTTCTGGTGCCTGGC
GGTAAAGCGGCAAAAACCTGCAAGTCCGTTGATGAGGCTGATGATGAATGCTGCTGTTTTG
ATGATGATTTGAAACAGGAAGGCTCTCCGACTTCTGGGTGACAAGCGTATGAAAGCTCGGCTCGGCC
AAAGTCCATCGTGGCTCACGCCAAAAGTGAAGGCACTCTCAGATGAGCGTGCAGCAAGTGAATCC
CCGATTTTTATGCGTTTTATGTTGCTGCCCGCTGCGGGAGGAGCAGTATCTAAATTTGGCGACA

Analyze this sequence
Run BLAST
Pick Primers

Related information
Assembly
BioProject
Protein
PubMed
Taxonomy
Full text in PMC
Gene
Identical GenBank Sequence
Mature Peptides

- Collegarsi al sito NEBcutter (<https://nc3.neb.com/NEBcutter/>), sviluppato da New England BioLabs, per identificare i siti di taglio degli enzimi di restrizione BamHI e EcoRI sulla sequenza del DNA del Fago Lambda.

NEBcutter® v3.0.19

WELCOME GUEST, [SIGN IN](#) OR [SIGN UP](#) [FEEDBACK](#) [HELP](#)

Enter a DNA sequence, or select from other options, to identify cut sites. Once you submit a sequence, you may choose to customize your digest.

Open Recent Project
Projects will be automatically deleted 7 day(s) after they were last accessed.

Disable cookies

1. Input or choose sequence.

Text File GenBank Plasmid Vector Viral & Phage

Type or paste sequence

2. Set preferences.

Circular Additional Preferences (enzymes, oligos, etc)

3. Name project (optional).

Enter project name

Looking for NEBcutter v2? It's still available at <https://nc2.neb.com>, but is no longer being updated.

[ABOUT THIS TOOL](#) [HISTORY](#) [ALL TOOLS](#) [TECH SUPPORT](#)

[NEB Overview](#) [Site Map](#) [Trademarks](#) [Legal and Disclaimers](#) [Privacy](#) [Cookie Policy](#) [Terms of Use](#)

© Copyright 2025 New England Biolabs. All Rights Reserved.

7. Incollare nell'apposito riquadro la sequenza FASTA del DNA del Fago Lambda, precedentemente copiata.

NEBcutter®

v3.0.19

WELCOME GUEST, SIGN IN OR SIGN UP FEEDBACK HELP

Open Recent Project
Projects will be automatically deleted 7 day(s) after they were last accessed.

Disable cookies

Enter a DNA sequence, or select from other options, to identify cut sites. Once you submit a sequence, you may choose to customize your digest.

1. Input or choose sequence. ⓘ

Text File GenBank Plasmid Vector Viral & Phage

```
GGGCGGCACCTCGCGGGTTTTCGCTATTATGAAAATTTCCGGTTAAGCGTTCCGGTCTTCTTCG
TCATAACTTAATGTTTTTAAAAATCCCTCTGAAAAGAAAGGAAACGACAGGTGCTGAAAGCGAGGC
TTTTTGGCCTCTGTCGTTTCCTTTCTCTGTTTTGTCCGTGGAATGAACAATGGAAGTCAACAAAAAGCA
GCTGGCTGACATTTTCGGTGCAGTATCCGTACCAATCAGAACTGGCAGGAAACAGGGAATGCCCGTTCTG
CGAGGCGGTGGCAAGGTAATGAGGTGCTTTATGACTCTGCCGCCGCATAAAATGGTATGCCGAAAGGG
ATGCTGAAATTGAGAACGAAAAGCTGCGCCGGGAGGTTGAAGAACTGCGGCAGGCCAGCGAGGCAGATCT
```

2. Set preferences. ⓘ

Circular

3. Name project (optional). ⓘ

Enter project name

Submit

8. Impostare le preferenze desiderate, cliccando su “Additional Preferences (enzymes, oligos, etc)” (freccia dell’immagine al punto 7): viene caricata una schermata in cui è possibile inserire gli enzimi di restrizione di interesse e le loro sequenze di taglio. Nell’immagine sotto riportata, è stato chiesto al programma di trovare nel DNA del Fago Lambda i siti di taglio degli enzimi BamHI e EcoRI, riportando a tal proposito la sequenza da loro riconosciuta. Aiutarsi con i simboli dei punti interrogativi per conoscere come scrivere la sequenza di taglio e la tipologia dell’enzima di restrizione. Salvare le preferenze, cliccando sul riquadro arancione (freccia).

Additional Preferences

Enzymes Supplier:

NEB enzymes only

All commercially available enzymes

All enzymes, including non-commercially available

Oligonucleotide sequences to include:

None

Enzymes selected & oligonucleotide sequences defined below

Only oligonucleotide sequences defined below

Name (optional)	Sequence
BamHI	G [^] GATC_C
EcoRI	G [^] AATT_C
+	

Enzymes to include:

Type I

Type II

Type III

Homing endonucleases

Nicking enzymes

Methylation sensitivities to include:

CpG

Dam

Dcm

EcoBI

EcoKI

Process this region only:

- bp

Sequence is a fragment

Minimum ORF length:

aa

Genetic code for ORFs:

11. Bacterial, Archaeal and Plant Plastid

Ignore ORFs in input and locate them instead

9. Tornati alla pagina principale, non spuntare l'indicazione "circular", dal momento che il DNA del Fago Lambda è lineare, inserire un nome al progetto (opzionale) e cliccare su "submit" (freccia).



v3.0.19



WELCOME GUEST, [SIGN IN](#) OR [SIGN UP](#) [FEEDBACK](#) [HELP](#)

Enter a DNA sequence, or select from other options, to identify cut sites. Once you submit a sequence, you may choose to customize your digest.

1. Input or choose sequence.

Text | File | GenBank | Plasmid Vector | Viral & Phage

```

GGGCGGCGACCTCGCGGGTTTTGCTATTATGAAAATTTCCGGTTAAGGCGTTCCGTTCTTCTCG
TCATAACTTAATGTTTTATTTAAAATACCTCTGAAAAGAAAGGAAACGACAGGTGCTGAAAGCGAGGC
TTTTTGGCCTCTGTCGTTTTCTTTCTGTTTTGTCGGTGAATGAACAATGGAAGTCAACAAAAAGCA
GCTGGCTGACATTTTCGGTGCGAGTATCCGTACCATTGAACTGGCAGGAACAGGGAATGCCGTTCTG
CGAGCGGTGGCAAGGTAATGAGGTGCTTTATGACTGCGCCGCTCATAAATGGTATGCCGAAAAGGG
ATGCTGAAATTGAGAACGAAAAGCTGCGCCGGGAGGTTGAAGAACTGCGGCAGGCCAGCGAGGAGATCT
CCAGCCAGGAACTATTGAGTACGAACGCCATCGACTTACGCTGCGCAGGCCAGCCACAGGAACTGAAG
AATGCCAGAGACTCCGCTGAAGTGGTGGAAAACCGATTCTGTACTTTCTGCTGTCCGGATCGCAGGTTG

```

2. Set preferences.

Circular Additional Preferences (enzymes, oligos, etc)

3. Name project (optional).

DNA Fago Lambda_BamHI_EcoRI

10. Il programma elabora la richiesta e, cliccando su “Enzyme List” (evidenziato in arancione), viene riportato il numero dei siti di taglio (indicati come “Cuts” nell’immagine) che i due enzimi di restrizione riconoscono nella sequenza del DNA del Fago Lambda: 5 per la digestione operata da BamHI e 5 da EcoRI.

NEBcutter® v3.0.19

WELCOME GUEST, SIGN IN OR SIGN UP FEEDBACK HELP

Create New Project

DNA Fago Lambda_EcoRI_BamHI

Supplier: NEB, Other supplier, Not commercially available

Cutters: All enzymes, n cutters (min 1, max 1), 0 cutters

NEB Restriction Enzyme Activity/Performance Chart

Enzyme	Cuts	Recognition Sequence	Methylation Sensitivity?
BamHI	5	G [*] GATC ₋ C	CpG, Dam
EcoRI	5	G [*] AATT ₋ C	CpG

11. Cliccando sulle frecce, posizionate vicino ai nomi degli enzimi di restrizione, vengono mostrate le posizioni (riquadri rossi) in cui BamHI e EcoRI agiscono tagliando il DNA del Fago Lambda.

NEBcutter® v3.0.19

WELCOME GUEST, SIGN IN OR SIGN UP FEEDBACK HELP

Create New Project

DNA Fago Lambda_EcoRI_BamHI

Supplier: NEB, Other supplier, Not commercially available

Cutters: All enzymes, n cutters (min 1, max 1), 0 cutters

NEB Restriction Enzyme Activity/Performance Chart

Enzyme	Cuts	Recognition Sequence	Methylation Sensitivity?				
BamHI	5	G [*] GATC ₋ C	CpG, Dam				
Cut Position	Site with Flanks (5' → 3')	CpG	Dam	Dcm	EcoBI	EcoKI	
5505/5509	5495 CGCATTATGG G [*] GATC ₋ C TCAACTGTGA	No overlap	Not tested	No overlap	No overlap	No overlap	
22346/22350	22336 AAAGTGTCC G [*] GATC ₋ C GGGAGCGGA	Not tested	Not tested	No overlap	No overlap	No overlap	
27972/27976	27962 AAAGTAGGC G [*] GATC ₋ C CCTCGAAGG	Not tested	Not tested	No overlap	No overlap	No overlap	
34499/34503	34489 GTATAGAAAT G [*] GATC ₋ C ACTCGTTATT	No overlap	Not tested	No overlap	No overlap	No overlap	
41732/41736	41722 GGTATCAGC G [*] GATC ₋ C CATGTGCGTG	No overlap	Not tested	No overlap	No overlap	No overlap	
EcoRI	5	G [*] AATT ₋ C	CpG				
Cut Position	Site with Flanks (5' → 3')	CpG	Dam	Dcm	EcoBI	EcoKI	
21226/21230	21216 GGGCCGGTGA G [*] AATT ₋ C GGCCTTCCG	Not tested	No overlap	No overlap	No overlap	No overlap	
26104/26108	26094 ATGCTGAAAT G [*] AATT ₋ C TAAGCGGAGA	No overlap	No overlap	No overlap	No overlap	No overlap	
31747/31751	31737 CGCCGGAAGT G [*] AATT ₋ C AAACAGGGTT	No overlap	No overlap	No overlap	No overlap	No overlap	
39168/39172	39158 ATTCTGACAG G [*] AATT ₋ C TGCCGAATCC	No overlap	No overlap	No overlap	No overlap	No overlap	
44972/44976	44962 TGTCTGCTCT G [*] AATT ₋ C ATTAGTAATA	No overlap	No overlap	No overlap	No overlap	No overlap	

Results For: Edit

- Oligos:
 - G^{*}AATT₋C
 - G^{*}GATC₋C
- ORFs:
 - Min: 100 aa
 - Searched

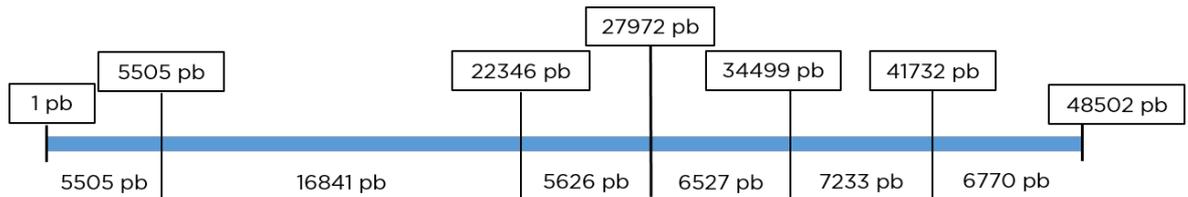
Sequence Information: 48502 bp, Linear, GC = 50%, AT = 50%

Analysis Warnings: Too many sites

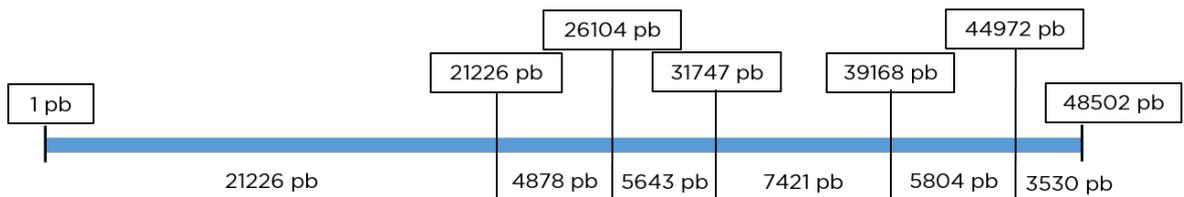
View details

12. Sulla base delle informazioni ottenute è possibile costruire la mappa di restrizione degli enzimi BamHI e EcoRI, identificando numero e dimensioni dei frammenti che si generano dalla loro azione sul DNA del Fago Lambda. Nell'immagine sottostante il DNA del Fago Lambda è indicato come una linea colorata: nella parte superiore della linea sono evidenziate le posizioni di taglio dell'enzima di restrizione in esame, mentre in quella inferiore la lunghezza dei frammenti generati.

BamHI



EcoRI



I dati ricavati dalla ricostruzione delle mappe di restrizione possono essere riassunti nelle tabelle sottostanti:

DNA FAGO LAMBDA DIGERITO CON BamHI		DNA FAGO LAMBDA DIGERITO CON EcoRI	
NUMERO FRAMMENTI	DIMENSIONE FRAMMENTI	NUMERO FRAMMENTI	DIMENSIONE FRAMMENTI
1	5.505 pb	1	21.226 pb
2	16.841 pb	2	4.878 pb
3	5.626 pb	3	5.643 pb
4	6.527 pb	4	7.421 pb
5	7.233 pb	5	5.804 pb
6	6.770 pb	6	3.530 pb

- 13.** Testare in laboratorio le informazioni ricavate dall'analisi bioinformatica, facendo digerire *in vitro* il DNA del Fago Lambda con gli enzimi BamHI e EcoRI e visualizzando i frammenti ottenuti con corsa elettroforetica su gel d'agarosio, come spiegato nel protocollo "Digestione enzimatica del DNA del Fago Lambda" (sezione: Biotecnologie)".

Note

- GenBank® (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) è uno dei più importanti database di raccolta di sequenze nucleotidiche e delle specifiche sequenze amminoacidiche tradotte. Dal 1982, anno della sua costituzione, questo database è cresciuto senza sosta arrivando a contare 4.7 miliardi di sequenze nel 2025. Ciò è reso possibile grazie al fatto che i laboratori di ricerca e i centri di sequenziamento dei genomi possono inviare e richiedere l'inserimento nel database di nuove sequenze di DNA identificate.
- GenBank® è uno dei tanti database sviluppati, amministrati e resi disponibili dal National Center for Biotechnology Information (NCBI; <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>), fondato dal governo degli Stati Uniti d'America nel 1988 con lo scopo di raccogliere e fornire gratuitamente a tutta la comunità scientifica mondiale informazioni biotecnologiche, biomediche, biomolecolari e bioinformatiche.
- Per approfondire ulteriormente le informazioni riportate nella pagina di GenBank® dedicata al DNA del Fago Lambda, il sito NCBI mette a disposizione dell'utente una versione navigabile (link: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/samplerecord/#DefinitionB>), in cui grazie a collegamenti ipertestuali interni è possibile approfondire le definizioni e i codici di GenBank® (ad esempio, cosa significa CDS).
- Le sequenze di DNA possono essere scaricate dai database in vari formati: quello maggiormente utilizzato è il FASTA, che ha il vantaggio di fornire la sequenza come testo. Il formato FASTA è strutturato in maniera molto semplice, in quanto si identifica da una linea di intestazione, che inizia con il simbolo ">", seguito dalle informazioni più rilevanti relative alla sequenza (come il nome del gene e l'organismo da cui è stato isolato) e da un numero variabile di righe successive contenenti la sequenza nucleotidica di interesse.