

Základy praktické Bioinformatiky

PETRA MATOUŠKOVÁ

2017/2018

10+/10

Př1-Vyhledejte sekvenci lidského PNPLA3

Zapište si přístupový kód a název sekvence.

Zjistěte v jaké pozici je štěpen trombinem.

Jaká je v této pozici aminokyselina?

Zapište jak by vypadala mutace při změně na prolin.

Ověřte, zda tato mutace zabrání štěpení trombinem.

Př1-Vyhledejte sekvenci lidského PNPLA3

Zapište si přístupový kód a název sekvence.

Uniprot

Zjistěte v jaké pozici je štěpen trombinem.

Peptide Cutter

Jaká je v této pozici aminokyselina?

Range Extractor Protein

Zapište jak by vypadala mutace při změně na prolin. (př. „X“čísloP)

Ověřte, zda tato mutace zabrání štěpení trombinem.

Po záměně znovu PeptideCutter

Př1-Vyhledejte sekvenci lidského PNPLA3

Zapište si přístupový kód a název sekvence.

Uniprot

Q9NST1:Patatin-like phospholipase domain-containing protein 3

Zjistěte v jaké pozici je štěpen trombinem.

PeptideCutter

1x v pozici 447

Thrombin	1	447	566 567 568 571
			6 27 28 41 74 75

Jaká je v této pozici aminokyselina?

Range Extractor Protein

447: R(Arginin)

Zapište jak by vypadala mutace při změně na prolin. (př. „X“čísloP)

R447P

Ověřte, zda tato mutace zabrání štěpení trombinem.

Po záměně znovu PeptideCutter

ne

Př2-Vyhledejte sekvenci proteinu SUPERMAN z houseníčku rolního (*A. thaliana*)

Zapište si přístupový kód, jakou má funkci tento protein?

Kolik má tento protein Lysinů (K)?

Jaká je 75 aminokyselina?

Podívejte se jestli obsahuje nějaké známé domény

Zjistěte zda existuje nějaký podobný protein u člověka

Př2-Vyhledejte sekvenci proteinu SUPERMAN z houseníčku rolního (*A. thaliana*)

Zapište si přístupový kód, jakou má funkci tento protein? [Uniprot/NCBI](#)

Kolik má tento protein Lysinů (K)? [Protein Stats\(SMS\)](#)

Jaká je 75 aminokyselina? [Range Extractor Protein \(SMS\)](#)

Podívejte se jestli obsahuje nějaké známé domény [CD, SMART...](#)

Zjistěte zda existuje nějaký podobný protein u člověka [BLAST\(omezit na člověka\)](#)

Př2-Vyhledejte sekvenci proteinu SUPERMAN z houseníčku rolního (*A. thaliana*)

Zapište si přístupový kód, jakou má funkci tento protein? [Uniprot/NCBI \(AAC49116\)](#), regulátor transkripce (kvetení)

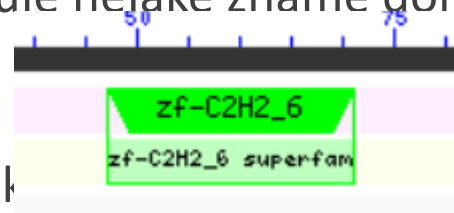
[Q38895/NP_188954.1](#)

Kolik má tento protein lysinů (K)? [Protein Stats\(SMS\)](#)

K	8	3.92
Jaka je 75 aminokyselina: Nalige Extractor Protein (SIVS) Arginine(N)		

Podívejte se jestli obsahuje nějaké známé domény [CD,SMART...](#)

Zinc finger-like



Zjistěte zda existuje nějak [člověka](#)

[BLAST\(omezit na člověka\)](#)

Např:

- [PREDICTED: zinc finger protein 521 isoform A1 \[Homo sapiens\]](#)
- [zinc finger protein 521 isoform 1 \[Homo sapiens\]](#)

Př3-Stáhněte si sekvence k tomuto příkladu

Identifikujte k jakému proteinu patří tento lidský peptid (1.sekvence).

Určete, o jakou část z tohoto proteinu se jedná.

Zjistěte, která ze sekvencí je více podobná té lidské.

Zjistěte, zda by tyto sekvence bylo možné rozlišit isoelektrickou fokusací (založeno na P_i).

Zjistěte, zda by šlo tyto sekvence rozlišit po štěpení trypsinem.

Př3-Stáhněte si sekvence k tomuto příkladu

Identifikujte k jakému proteinu patří tento peptid. **BLASTp**

Určete, o jakou část z tohoto proteinu se jedná. **Multalin**

Zjistěte, která ze sekvencí je více podobná té lidské. **Laling**

Zjistěte, zda by tyto sekvence bylo možné rozlišit isoelektrickou fokusací (založeno na Pi).
Porovnat Pi (SMS)

Zjistěte, zda by šlo tyto sekvence rozlišit po štěpení trypsinem.

Porovnat výstup z Peptide Cutter

Př3-Stáhněte si sekvence k tomuto příkladu

Identifikujte k jakému proteinu patří tento peptid. **BLASTp**

Určete, o jakou část z tohoto proteinu se jedná. **Multalin**

Zjistěte, která ze sekvencí je více podobná té lidské. **Laling**

Zjistěte, zda by tyto sekvence bylo možné rozlišit isoelektrickou fokusací (založeno na Pi).
Porovnat Pi (SMS)

Zjistěte, zda by šlo tyto sekvence rozlišit po štěpení trypsinem.

Porovnat výstup z Peptide Cutter

Protein Isoelectric Point results
Results for 130 residue sequence "homo" start
pH 9.10

Results for 130 residue sequence "mouse" start
pH 8.51

Results for 130 residue sequence "pig" starting
pH 10.33

>>EMBOSS Water 71.5%
NP_079501.1 hor Consensus

EMBOSS
NP_079501.1 hor Consensus

(130 aa)

	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
100	110	120	130			NP_079501.2
SKFLRQGLCKCLPANVHQLISGKIGISLTRYSDGENVLVS						
SKFLRQGLCKCLPANVHQLISGKIGISLTRYSDGENVLVS						
SKFLRQGLCKCLPANVHQLISGKIGISLTRYSDGENVLVS						
230	240	250	260			XP_014198843.1
LLSRAFVPPDLKVLGEICLRGYLDAF						

Štěpeno:13x, 14x a 16x

Př4-Stáhněte si sekvenci k tomuto příkladu

Zjistěte, zda není sekvence kontaminovaná nějakým plasmidem.

Je-li kontaminovaná „očistěte“ tuto sekvenci.

Kolik obsahuje čistá sekvence Adeninů?

Přeložte čistou sekvenci a zjistěte, který čtecí rámeček kóduje smysluplný protein.

O jaký protein se jedná?

Př4-Stáhněte si sekvenci k tomuto příkladu

Zjistěte, zda není sekvence kontaminovaná nějakým plasmidem. [VecScreen](#)

Je-li kontaminovaná „očistěte“ tuto sekvenci. [Range extractor DNA](#)

Kolik obsahuje čistá sekvence Adeninů? [DNAStat](#)

Přeložte čistou sekvenci a zjistěte, který čtecí rámeček kóduje smysluplný protein. [ORFfinder](#)

O jaký protein se jedná? [BLASTp](#)

Př5-Stáhněte si sekvenci k tomuto příkladu

Z jakého organismu tato sekvence pravděpodobně pochází?

Jaké fragmenty vzniknou po štěpení enzymy KpnI a SacI ?

Zkontrolujte zda sekvence obsahuje komplementární sekvenci k navrženému R primeru.

Zkontrolujte zda tato sekvence není v oblasti vlásenek.

Navrhněte k tomuto primeru vhodný F primer.

Př5-Stáhněte si sekvenci k tomuto příkladu

Z jakého organismu tato sekvence pravděpodobně pochází? [BLASTn](#)

Jaké fragmenty vzniknou po štěpení enzymy KpnI a SacI ? [Restriction Digest](#)

Zkontrolujte zda sekvence obsahuje komplementární sekvenci k navrženému R primeru [Multalin/reverse complement](#)

Zkontrolujte zda tato sekvence není v oblasti vlásenek [mFold](#)

Navrhněte k tomuto primeru vhodný F primer [Primer3](#)

Př5-Stáhněte si sekvenci k tomuto příkladu

Rostlina-tráva?

Z jakého organismu tato sekvence pravděpodobně pochází? **BLASTn**

Jaké fragmenty vzniknou po štěpení enzymy KpnI a SacI ? **Resti**

Zkontrolujte zda sekvence obsahuje komplementární sekvenci **complement**

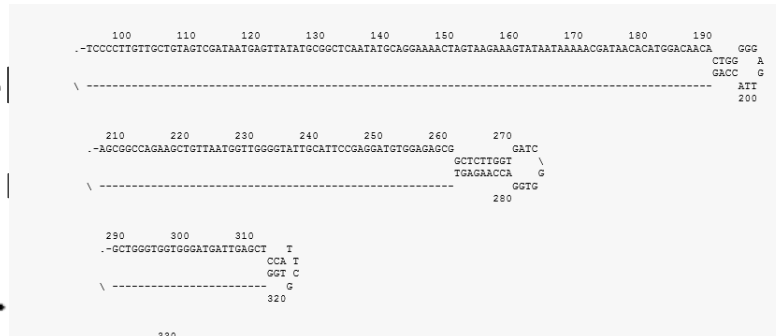
Zkontrolujte zda tato sekvence

Navrhněte k tomuto příkladu

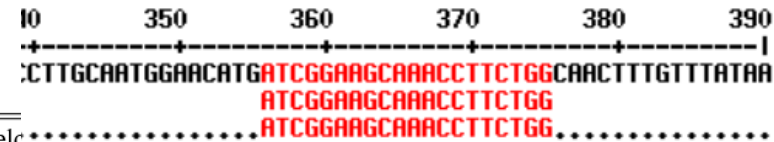
>408 bp linear fragment from linear parent Untitled, base 313 to base 720 (SacI gagtc|c - sequence end).
 CCATTTCGGTGGATCCCAAGGGAGGGACCCTTGCAATGGAACATGATCGGAAGCAAACCTTC
 TGGCAACTTTGTTTATAACTGTGCTGTCATGGGGTGTGATTTGTGTGCCACCCACCTAT
 CAAACATACTGTCGACAAGAAAGATTTGTGATATTGGTTTCTCAAATGGCATAAAGCACT
 GATTCTGCCTGATGGGTAATCTCTGCCTTTTTTTTCCCTTGGACATTTTCAGATTTTACTC
 GATGTTCAATAGAGTAGTCACTTCTATGTATTTCGTTAACAGTTACCCTTTGGTTTCTGTT
 TTCTTCGCATTTGATTTGCAGTTGGGGATTTGTACCTTTGGTCCATATACTCTGTTGAAA
 TGAGAGTTTCTGAGATGGATGCATCTAGGTGACGAACTGTAATTGAT

>273 bp linear fragment from linear parent Untitled, base 40 to base 312 (KpnI ggta|c - SacI gagtc|c).
 CTGGAGGGTGATAGAGAACATGTCAGAGGGACTCAATGGTGCAAGTGGTGTCTCCTCCCCT
 TGTTGCTGTAGTCGATAATGAGTTATATGCGGCTCAATATGCAGGAAAACCTAGTAAGAAA
 GTATAATAAAAACGATAACACATGGACAACACTGGGGGAGTTACCAGAGCGGCCAGAAGC
 TGTTAATGGTTGGGGTATTGCATTCCGAGGATGTGGAGAGCGGCTCTTGGTGATCGGTGG
 ACCAAGAGTGCTGGGTGGTGGGATGATTGAGCT

>39 bp linear fragment from linear parent Untitled, base 1 to base 39 (sequence start - KpnI ggta|c).
 ACTGACCTGCGGGGAAGAGTATGATTTAGATAAGGGTAC



```
TCTCTCTTCCCCCTCAGTCGCATCCCACCTGCCTCCTGGGGTCTGCTGCGGGCCGCCAATC
CCGTCCCATCCCGTCGCATCCAACCTCCCTGCTCGCCTCGCCGATTCCCTCCCTCCGTTC
CGCCGCCTCCCTGATCTCCTCGGCGTGCCAAGGTTCTTCCCGGGGCCCTGGCCGTGGCC
```



Pick left primer, or use left primer below Pick hybridization probe (internal oligo), or use oligo below Pick right primer, or use right primer below

Pick Primers Download Settings Reset Form

```
430 440 450 460 470 480 490 500 510 520
-ACCTATCAAACTACTGTCGACAAAGAAAGATTTGTGATTTGGTTTCTCAAATGGCATAAAGCACTGATTTCTGCCTGATGGGTAATCTCTGCTTTT
```