

Zadania do Wykładu 03:

Translacja i proteomika Struktura białek

Kornelia Polok

1. Kod genetyczny i I-rzędowa struktura białka

1.1. Wyznaczanie ramek odczytu

W pliku tekstowym „Biologia molekularna1.txt” podano sekwencję nukleotydową pewnego genu. Korzystając z ORFfinder na serwerze NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/orffinder/>) proszę wyznaczyć prawdopodobną ramkę odczytu. Proszę nie zmieniać parametrów tylko wklepić sekwencję i zatwierdzić „submit”.

- A. Ile możliwych ORF wyznaczył program.
- B. Która z wyznaczonych sekwencji jest najprawdopodobniej właściwym ORF? Podaj nr kodonu STOP i START dla tej sekwencji.
- C. Ile nukleotydów ma właściwy ORF?
- D. Ile aminokwasów ma białko powstałe na bazie tej sekwencji?
- E. Podaj pierwsze 5 aminokwasów prawidłowej sekwencji.

Prawidłowe wykonanie: 2 punkty

Termin: 14.04.2020.

Ocena: 19.04.2020.

Enter Query Sequence

Enter accession number, gi, or nucleotide sequence in FASTA format:

From: To:

Choose Search Parameters

Minimal ORF length (nt): 75

Genetic code: 1. Standard

ORF start codon to use:

ATG only

ATG and alternative initiation codons

Any sense codon

Ignore nested ORFs:

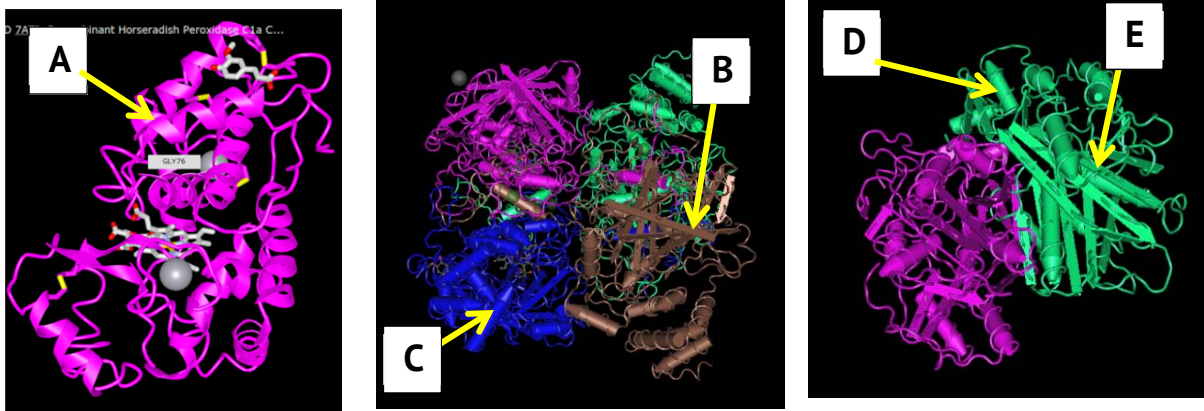
Start Search / Clear

Submit Clear

2. Porównywanie sekwencji białek

2.1. Struktura II i III rządowa białka

Które litery oznaczają α -helisę, a które β -kartkę:



Prawidłowe wykonanie: 1 punkt

Termin: 14.04.2020.

Ocena: 19.04.2020.

2.2. Porównanie sekwencji białkowych peroksydaz za pomocą programu CLUSTAL.

- Proszę wejść na stronę CLUSTAL Omega i wybrać porównanie dla białek (<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>).

Multiple Sequence Alignment

Clustal Omega is a new multiple sequence alignment program that u
or more sequences. For the alignment of two sequences please inst

Important note: This tool can align up to 4000 sequences or a maxii

STEP 1 - Enter your input sequences

Enter or paste a set of

PROTEIN


sequences in any supported format:

- Proszę wkopiować sekwencje peroksydaz z 4 gatunków dostarczone w pliku Peroksydazy.fasta lub załadować plik.
- Proszę wykonać porównanie sekwencji na domyślnych parametrach i podać następujące dane:
 - A. Liczbę konserwatywnych miejsc w obszarze od 181 do 239 aminokwasu *Cucurbita*. Konserwatywne pozycje zaznaczone są gwiazdką.
 - B. Liczbę miejsc zawierających aminokwasy o podobnych właściwościach (dwukropek) w tym samym obszarze.
- Proszę przełączyć się na widok „Phylogenetic Tree” (najlepiej w osobnym oknie lub karcie) i wyświetlić drzewo filogenetyczne.
 - C. Proszę podać nazwę metody użytej do grupowania.
 - D. Do peroksydazy jakiego gatunku jest najbardziej podobna peroksydaza *Cucurbita*?
 - E. Proszę podać do którego królestwa należy gatunek, który ma peroksydazę najbardziej podobną do *Cucurbita*.
 - F. Jaka jest polska nazwa rodzajowa tego organizmu?
 - G. Czy gatunek wymieniony w ćwiczeniu występuje w Polsce w naturalnych siedliskach?
 - H. Proszę podać, gdzie rodzaj ten występuje.
- Proszę przełączyć się na pozycję „Results viewer” (najlepiej w osobnym oknie lub karcie) i po jego pojawieniu, przewinąć stronę aż ukaże się „View in MView”. Proszę wybrać tę opcję i zaakceptować polecenie wskazane w oknie (submit)
 - I. Korzystając z informacji dotyczących procentowego pokrycia porównywanych sekwencji (cov) proszę podać wartość pokrycia pomiędzy *Cucurbita* a *Pisum* na obszarze pomiędzy 161 a 240 pozycją aminokwasów.
 - J. Proszę podać pierwszych 5 aminokwasów sekwencji konsensusowej w 70% dla obszaru 241-320. Proszę podać pełną nazwę aminokwasu.

Bioinformatics 25: 1189-1191. Pubme

MView

MView reformats the results of a multi

[View in MView](#) 

Simple Phylogeny

Prawidłowe wykonanie: 3 punkty

Termin: 14.04.2020.

Ocena: 19.04.2020.