

Corso di Bioinformatica

http://compgen.bio.unipd.it/~stefania/Didattica/AA2011-2012/Bioinformatica_BTS/Bioinfo_BTS.html

Per ogni punto dell'esercitazione copiare ed incollare le informazioni richieste in un file sotto forma di breve testo con figure, in modo da assemblare un traccia di relazione con commenti sintetici (**in grassetto sono riportate le richieste specifiche**).

Alla fine inviare via mail la relazione prodotta nel corso dell'esercitazione (stefania.bortoluzzi@unipd.it).

Salvare il file della relazione ogni 5'!

II ESERCITAZIONE

Gli allineamenti multipli di proteine sono estremamente utili per ricavare informazioni sulla filogenesi, sulla struttura secondaria, sull'individuazione di domini strutturali e funzionali e sul folding proteico. Nel corso di questa esercitazione cercheremo di utilizzare la ricerca di similarità per identificare una proteina umana a partire da un frammento della sua sequenza e di evidenziare la sua eventuale appartenenza ad una famiglia di proteine. Le sequenze di alcuni altri membri della famiglia (proteine umane o di altri organismi, con elevatissima similarità con la proteina in analisi) verranno allineate con ClustalW. L'allineamento multiplo ed il cladogramma ottenuti saranno analizzati per interpretare i risultati.

Links utili:

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>

<http://www.ebi.ac.uk/clustalw/>

1 Collegarsi all'home page del programma Blast dell'NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>).

2 Scegliere Protein-protein BLAST (blastp).

3 Incollare la sequenza seguente (cut and paste):

```
VQRPGRIP TSSRCGNTIPDDDNQVVSLSPGSRYVVLPRPVCFEKGTNYTVRLELPQYTSDDSDVESPYTLIDSLVLMPLYC  
KSLDIFTVGGSGDGVVNTSAWETFQRYRCLENSRSVVKTPMTDVCRNIIIFSISALLHQ TGLACECDPQGSLSVCDPNGG  
QCQCRPNVVGRTCNRCAPGTFGFGPSGCKPCECHLQG
```

4 Scegliere il database SwissProt.

5 Inviare e formattare la ricerca.

6 Analizzare il risultato della ricerca di similarità, per capire a quale proteina umana corrisponde il frammento di sequenza in analisi, **recuperarne la sequenza di riferimento, salvandola in un file di testo e seguire il collegamento a EntrezGene per conoscerne funzione, localizzazione e quello a OMIM per eventuale coinvolgimento in malattie genetiche.**

7 Ritornare a Protein-protein BLAST (blastp), usare come query la sequenza appena recuperata, limitando la ricerca a Reference sequences di proteine di mammiferi.

8 Inviare e formattare, analizzare il risultato della ricerca di similarità.

9 **Selezionare le sequenze di uomo, topo e bue della famiglia delle laminine beta (1, 2 e 3), recuperarle in formato FASTA e copiarle in un file di testo.**

10 Modificare gli headers delle sequenze in modo da renderli brevi (max 8 caratteri), informativi ed univoci (ad es. hs1, hs2, mm1, ...).

11 Collegarsi all'home page dell'EBI dedicata agli allineamenti multipli (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/>) e scegliere ClustalW2.

12 Incollare le sequenze dal file di testo, avviare l'analisi con i parametri di default. **Copiare ed analizzare l'allineamento.**

13 Scaricare le sequenze allineate in formato fasta e usare questo file come input per ricostruire l'albero/**cladogramma** usando "[Phylogeny](#)"-> ClustalW2. **Analizzare il cladogramma.**