Bioinformatikos laboratorinis darbas nr.: 1 Rytis Karpuška

1. Klausimas

YP_003494619 yra Thioalkalivibrio bakterija. Tai yra rusijoje atrasta sierą oksiduojanti bakterija. Šios bakterijos aplinka yra palyginus aukšto pH lygmens bei stipriai druskinga. Jos tyrinėjimą finansavo: US DOE Joint Genome Institute

2. Klausimas

Pirmos 25 aminorūgštys Signal peptidės, nustatyta su programa SignalP 3.0

3. Klausimas

FASTA formatas – eilutė prasidedanti simboliu ">" žymi aprašančiąją eilutę (description), iškarto po simbolio ">" be tarpų yra rašomas identifikatorius, po jo tekstinis descriptorius, kitoje eilutėje yra sekos duomenys. Kiekviena raidė žymį atitinkamą aminorūgštį.

>gi|290242949|ref|YP_003494619.1| Endonuclease/exonuclease/phosphatase [Thioalkalivibrio sp. K90mix]

MMHLLRRGAFAILLIVLLPSAALADLRLASWNIQHLGWNVGKDYPAVARIAAQFDFLAIQEVMNAEGIYR LRDTLEDATGAEWSVLYSDALGRNTYREKYAFLWREAAVEYVGGALTYIDEADRFAREPFSAVFRSRGTD QHFLAATVHITYGDRVADRVEEIEALRRYWDWLADVMPEYAGERILFGDFNLPPHHDGWASMRAVAEPLV TEGATTLSTHDRRYANLYDNLWVPKDHTLPLGDAGILPFPVVLSEVTGVYWDHEKARDRVSDHAPVYVLF EGNTLHDAVVAEIADQEAGCIDLNRASVSELTALPHIGEARAEAIKDGRPWNAVRDLKEIRGIGAGRLEE IKARGEACIEP

4. Klausimas

4.1

Patikimi baltymai:

- 1. P24855.1
- 2. Q92874.1
- 3. Q2QDE6.1

Nepatikimi baltymai:

- 1. Q4WBT5.1
- 2. A6UMS8.1
- 3. B1MC92.1

4.2

Atsižvelgiama į E-value, kuo ji didesnė, tuo mažiau panašūs yra baltymai. Šioje paieškoje patikimam panašumui buvo laikoma ~1e-12 E-value, o mažai patikimam ~10.

5. Klausimas

5.1

Patikimiausias baltymas yra: P24855.1. Jo aminorugšių seka FASTA formatu:

>gi|118919|sp|P24855.1|DNAS1_HUMAN RecName: Full=Deoxyribonuclease-1; AltName: Full=Deoxyribonuclease I; Short=DNase I; AltName: INN=Dornase alfa; Flags: Precursor

MRGMKLLGALLALALLQGAVSLKIAAFNIQTFGETKMSNATLVSYIVQILSRYDIALVQEVRDSHLTAV GKLLDNLNQDAPDTYHYVVSEPLGRNSYKERYLFVYRPDQVSAVDSYYYDDGCEPCGNDTFNREPAIVRF FSRFTEVREFAIVPLHAAPGDAVAEIDALYDVYLDVQEKWGLEDVMLMGDFNAGCSYVRPSQWSSIRLWT SPTFQWLIPDSADTTATPTHCAYDRIVVAGMLLRGAVVPDSALPFNFQAAYGLSDQLAQAISDHYPVEVM LK

Alignment statistics for match #1

| Score | | Expect | Method | Identities | Positives | Gaps |
|----------------|-----|---|--------------------------------------|-------------------------|-------------------------------|---------------|
| 70.9 bits(172) | | 1e-12 Compositional matrix adjust. 77/276(28%) 124/276(44%) 36/276(13 | | | | 6/276(13%) |
| Query | 26 | | /NVGKDYPAVARIA + V+ +I | | | DATG 80 |
| Sbjct | 23 | LKIAAFNIQTFGE | ETKMSNATLVSYIVQIL | SRYDIALVQEVRDS | HLTAVGKLLDNLN | QDAP 82 |
| Query | 81 | | RNTYREKYAFLWREAAV RN+Y+E+Y F++R V | | | SAVF 134 F |
| Sbjct | 83 | DTYHYVVSEPLGR | RNSYKERYLFVYRPDQV | /SAVDS YYYDDGCI | EPCGNDTFNREPA: | IVRF 140 |
| Query | 135 | RSRGTD-QHFLAA SR T+ + F | TVHITYGDRVADRVEE +H GD VA E | | MPEYAGERI-LFGI ++ E + L GI | |
| Sbjct | 141 | FSRFTEVREFAIV | /PLHAAPGDAVA E | EIDALYDVYLDV | QEKWGLEDVMLMGI | DFNA 193 |
| Query | 193 | | IRAVAEPLVTEGA -R P L+ + A | | | GDAG 245 |
| Sbjct | 194 | GCSYVRPSQWSSI | RLWTSPTFQWLIPDSA | ADTTATPTH CAYI | ORIVVAGML | LRGA 246 |
| Query | 246 | ILPFPVVLSEVTG | GVYWDHEKARDRVSDHA Y ++ +SDH | APVYVLFE 281 PV V+ + | | |
| Sbjct | 247 | VVPDSALPFNFQA | AYGLSDQLAQAISDHY | PVEVMLK 282 | | |

Šis baltymas yra žmogaus (homo sapiens).

Reguliuoja ląstelių mirtį. Aminorūgštys esančios pozicijose 123-126 ir 195-231 dalyvauja disulfidinių tiltelių sudaryme. Analizuojamame baltyme šie tilteliai neegzistuoja. Nagrinėjamas baltymas (ncbi id: YP_003494619.1) turėtų būti stabilesnis esant įvairioms temperatūrinėms sąlygomis.

5.3

>gi|290242949|ref|YP_003494619.1| Endonuclease/exonuclease/phosphatase
[Thioalkalivibrio sp. K90mix]

EGNTLHDAVVAEIADQEAGCIDLNRASVSELTALPHIGEARAEAIKDGRPWNAVRDLKEIRGIGAGRLEE IKARGEACIEP

6. Klausimas

ID: <u>HHH 3</u>. Galima funkcija yra "DNA-binding". Įtaka yra: Affinity arba trauka.

7. Klausimas

Evoliucijai reikėjo spręsti baltymų sąveikos problemą druskų tirpaluose, nes mikro ir makroorganizmams teko susidurti su druskingais tirpalais jūrose, vandenynuose ar kituose telkiniuse.

DNR dalis sąveikų yra elektrostatinės, tad DNR susukimas spyrale, ir tos spyralės atitinkamas suformavimas padeda spręsti elektringų druskos jonų poveikio problemas.