

Componente: DBQ0050 - BIOINFORMÁTICA ESTRUTURAL- T01 (2019.2)

Professor: João Paulo

Aluno: Odilon Júlio dos Santos

1ª AVALIAÇÃO

Resposta do Exercício 1

>P49918 cyclin-dependent kinase inhibitor 1C isoform a [Homo sapiens]

Função: O inibidor de cinase dependente de ciclina 1C

>Q96TE0 cyclin-dependent kinase inhibitor [Homo sapiens]

Função: Regulador negativo da proliferação celular. Pode desempenhar um papel na manutenção do estado não proliferativo ao longo da vida.

>Q91603 Xicl protein [Xenopus laevis]

Função: atividade da proteína serina / inibidor da treonina quinase dependente de ciclina

>Q4FK34 Cdkn1a [Mus musculus]

Função: Pode estar envolvido na inibição da proliferação celular mediada por p53 / TP53 em resposta a danos no DNA. Liga-se e inibe a atividade de quinase dependente de ciclina, impedindo a fosforilação de substratos críticos de cinase dependente de ciclina e bloqueando a progressão do ciclo celular.

>Q9U6R5 CKI family (Cyclin-dependent Kinase Inhibitor) [Caenorhabditis elegans]

Função: Atividade da proteína serina / inibidor da treonina quinase dependente de ciclina.

>Q179M8 CKI family (Cyclin-dependent Kinase Inhibitor) [Caenorhabditis elegans]

Função: Atividade da proteína serina / inibidor da treonina quinase dependente de ciclina.

>Q61CE7 C. briggsae CBR-CKI-1 protein [Caenorhabditis briggsae]

Função: *Caenorhabditis briggsae* é um pequeno nematoide, estreitamente relacionado ao *Caenorhabditis elegans*. As diferenças entre as duas espécies são sutis. A cauda masculina em *C. briggsae* tem uma morfologia ligeiramente diferente de *C. elegans*.

Assinatura PROSITE:

R-x-LFG-x(0,3)-P-x(0,23)-[RK]-[FMY]-[NGD]-[FY]-DF-x(0,4)-P-[IL]-x(0,21)-P

Resposta do Exercício 2

>Q07108 early activation antigen CD69 [Homo sapiens]

Organismo de atuação: Humano

Função: Receptor e transmissor de sinal de linfócitos.

>Q95MQ1 early activation antigen CD69 [Bos taurus]

Organismo de atuação: Gado-doméstico

Função: Receptor e transmissor de sinal de linfócitos.

>Q8SPX1 early activation antigen CD69 [Sus scrofa]

Organismo de atuação: Javali.

Função: Receptor e transmissor de sinal de linfócitos.

>Q5M851 C-type lectin domain family 2 member A [Rattus norvegicus]

Organismo de atuação: Ratazana ou Rato-castanho.

Funções: Melhora a expansão das células T no organismo e outras.

>Q3U6A8 early activation antigen CD69 [Mus musculus]

Organismo de atuação: Camundongo ou Rato-doméstico.

Função: Receptor e transmissor de sinal de linfócitos.

Alinhamento das Sequências:

```
CLUSTAL multiple sequence alignment by MUSCLE (3.8)

Q5M851      MNSEECITENSSSHLERGQRDHGTSVHFEKHREGSIQVPIPCAVLVVVLITSIIIALFA
Q3U6A8      MDSENCITENSSSHLERGQKDHGTSTHFEKHHEGSIQVSIWAVLIVVLITSIIIALIA
Q07108      MSSENCFAENSSSLHPESGQENDATSPHFSTRHEGSFQVPVLCVMNVVFITLIIIALIA
Q95MQ1      MNSDFSATETSSLHLKREQQSHATGTYSATYHEGSIQVPIPCAVNVVVFITLIIIALVA
Q8SPX1      MGENCSTTETNSLHPNRGQPSNATGPHFATHHEGSLQVPIPCAVNVVVFITLIIIALIA
          *,** :  :*,* * : * .,* : . ,***:**: ** :*** ** ***,*

Q5M851      LSVGKYNCPGFYENLESFDHHAASCKNEWFSYNGKCYFFSTTTKTWALAQKSCSE-DDAT
Q3U6A8      LNVGKYNCPLYEKLSSDHHVATCKNEWISYKRTCYFFSTTTKSWALAQRSCSE-DAAT
Q07108      LSVGQYNCPGQYTFMPSDSHVSSCEDWVGQYRKCYFISTVKRSWTSQAQACSE-HGAT
Q95MQ1      LSVGQYNCPGQYASSAPPNTHVFPSCDDWIGHKGKYYLISKKTKNWTLAQNFCSK-HGAT
Q8SPX1      LSVGQYNCPGQYVPSVPSNMHVSSCPDDWIGYQTKCYFISKKTKNWTLAQSFCSKHGAT
          *,**:* ** * . : * .,* :*:.. : . *:* . . .*: ** ** : **

Q5M851      LAVIDSEKDMAFLKRYAGGLKHWIGLRNEASQTWKWANGKEFNWFWNTGSKKCVSLNHT
Q3U6A8      LAVIDSEKDMTFLKRYSGELEHWHIGLKNEANQTKWANGKEFNWFWNLTGSGRCVSVNHK
Q07108      LAVIDSEKDMNFKRYAGREEHWWGLKKEPGHPKWSNGKEFNWFWNTGSDKCVFLKNT
Q95MQ1      LAVIDSEKDMNFKLQHVGRAEHWHIGLKNEAGQTKWWSNGQEFNNWFWNLTGSECAVLNSA
Q8SPX1      LALLESKEDMVFLKQHVGRAEHWHIGLKNEAGQTKWWSNGKEFNWFWNLTGSKNCPFLNST
          **:..*:** ***: * :*:**:* :.***:** ***:** ***:** * :

Q5M851      DVASVDCEANLHWICKASL
Q3U6A8      NVTAVDCEANFHWVCSKPSR
Q07108      EVSSMECEKNLYWICNPKYK
Q95MQ1      EISSTECDKNLHWICKPSK
Q8SPX1      EVGSMCEKKNLHWICKSSI
          : : :*: *:*:*.*.
```

Matrizes PFM e PPM dos seguintes sítios das sequências.

CSE DWVG YQRKCYFI STVKRSW TSAQNACSE

CSDDWIGHKGKYYLISKTKNWTLAQNFC SK

CPDDWIGYQTKCYFISKKTKNWTLAQSFCSK

CKNEWSYNGKCYFFSTTTKTWALAQKSCSE

CKNEWISYKRTCYFFSTTTKSWALAQRSCSE

[illegible][illegible]

	Matriz PSSM (peso de posição)																															
G	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	3,559	-5,644	-5,644	2,975	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	
A	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	2,974	-5,644	4,294	-5,644	-5,644	1,975	-5,644	-5,644	-5,644	
L	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	1,974	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	
V	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	1,975	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	1,975	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644
I	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	3,560	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	3,559	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644
P	-5,644	1,975	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644
F	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	1,975	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	3,974	2,974	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	2,975	-5,644
S	-5,644	2,975	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	2,974	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	4,294	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	2,975	-5,644	-5,644	1,974	-5,644	-5,644	1,977	2,975	-5,644	4,294
T	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	1,975	1,974	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	3,559	2,975	3,974	-5,644	1,975	-5,644	3,559	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644
C	4,294	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	3,974	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	4,294	-5,644
Y	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	3,974	-5,644	-5,644	-5,644	1,974	4,294	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644
N	-5,644	-5,644	2,975	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	1,975	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	2,975	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	2,977	-5,644	-5,644	-5,644
Q	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	2,975	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	4,294	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644
D	-5,644	-5,644	2,975	3,559	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644
E	-5,644	-5,644	1,975	2,974	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	3,559
R	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	2,975	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	1,977	-5,644	-5,644	-5,644
K	-5,644	2,975	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	2,975	-5,644	3,974	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	2,974	2,975	1,974	3,974	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	1,977	-5,644	-5,644
H	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	1,974	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644
W	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	4,294	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	4,294	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644
M	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644	-5,644

Obs.: Todas as matrizes estão no arquivo "Matrizes PFM, PPM e PSSM" em anexo.

Resposta do Exercício 3

A partir do alinhamento proteico abaixo, iremos propor uma HMM com as probabilidades de transição e emissão descritas em uma matriz.

Seq1 SYK--HFTYL
 Seq2 NYG--PFTFL
 Seq3 SYG--PL-FL
 Seq4 TYE--QLSFL
 Seq5 K FAG-NVDFL
 Seq6 QY-GSQVTFA
 Seq7 QYKG-DLSLV

Alinhamento									
1	2	3			4	5	6	7	8
S	Y	K	-	-	H	F	T	Y	L
N	Y	G	-	-	P	F	T	F	L
S	Y	G	-	-	P	L	-	F	L
T	Y	E	-	-	Q	L	S	F	L
K	F	A	G	-	N	V	D	F	L
Q	Y	-	G	S	Q	V	T	F	A
Q	Y	K	G	-	D	L	S	L	V

Alinhamento*							
1	2	3	4	5	6	7	8
S	Y	K	H	F	T	Y	L
N	Y	G	P	F	T	F	L
S	Y	G	P	L	-	F	L
T	Y	E	Q	L	S	F	L
K	F	A	N	V	D	F	L
Q	Y	-	Q	V	T	F	A
Q	Y	K	D	L	S	L	V

Perfil (Alinhamento*)								
S	0,286	0,000	0,000	0,000	0,000	0,286	0,000	0,000
N	0,143	0,000	0,000	0,143	0,000	0,000	0,000	0,000
Y	0,000	0,857	0,000	0,000	0,000	0,000	0,143	0,000
T	0,143	0,000	0,000	0,000	0,000	0,429	0,000	0,000
K	0,143	0,000	0,286	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
Q	0,286	0,000	0,000	0,286	0,000	0,000	0,000	0,000
F	0,000	0,143	0,000	0,000	0,286	0,000	0,714	0,000
G	0,000	0,000	0,286	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
E	0,000	0,000	0,143	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
A	0,000	0,000	0,143	0,000	0,000	0,000	0,000	0,143
H	0,000	0,000	0,000	0,143	0,000	0,000	0,000	0,000
P	0,000	0,000	0,000	0,286	0,000	0,000	0,000	0,000
D	0,000	0,000	0,000	0,143	0,000	0,143	0,000	0,000
L	0,000	0,000	0,000	0,000	0,429	0,000	0,143	0,714
V	0,000	0,000	0,000	0,000	0,286	0,000	0,000	0,143

Montando Diagrama HMM

Obs: Professor, não consegui pintar muito bem as setas, já que não encontrei um programa que faça isso com perfeição, mas as pontas das setas estão indicadas nas cores, conforme operação.





