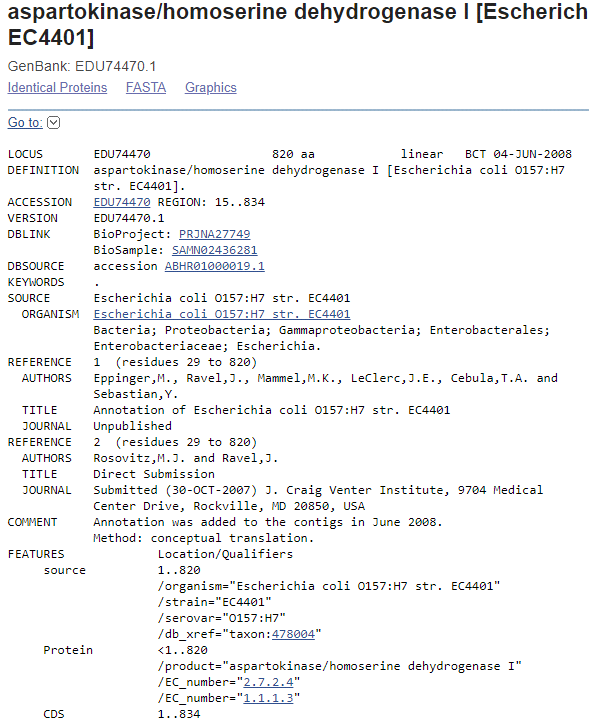
Proteína aspartokinase/homoserine dehydrogenase I (Frame 1)

Sequência:MRVLKFGGTSVANAERFLRVADILESNARQGQVATVLSAPAKITNHLVAMIEKTISGQDALPNISDAERIFAELLTGLAAAQPGFPLAQLKTFVDQEFAQIKHVLHGISLLGQCPDSINAALICRGEKMSIAIMAGVLEARGHNVTVIDPVEKLLAVGHYLESTVDIAESTRRIAASRIPADHMVLMAGFTAGNEKGELVVLGRNGSDYSAAVLAACLRADCCEIWTDVDGVYTCDPRQVPDARLLKSMSYQEAMELSYFGAKVLHPRTITPIAQFQIPCLIKNTGNPQAPGTLIGASRDEDELPVKGISNLNNMAMFSVSGPGMKGMVGMAARVFAAMSRARISVVLITQSSSEYSISFCVPQSDCVRAERAMQEEFYLELKEGLLEPLAVTERLAIISVVGDGMRTLRGISAKFFAALARANINIVAIAQGSSERSISVVVNNDDATTGVRVTHQMLFNTDQVIEVFVIGVGGVGGALLEQLKRQQSWLKNKHIDLRVCGVANSKALLTNVHGLNLENWQEELAQAKEPFNLGRLIRLVKEYHLLNPVIVDCTSSQAVADQYADFLREGFHVVTPNKKANTSSMDYYHLLRHAAEKSRRKFLYDTNVGAGLPVIENLQNLLNAGDELMKFSGILSGSLSYIFGKLDEGMSFSEATTLAREMGYTEPDPRDDLSGMDVARKLLILARETGRELELADIEIEPVLPAEFNAEGDVAAFMANLSQLDDLFAARVAKARDEGKVLRYVGNIDEDGVCRVKIAEVDGNDPLFKVKNGENALAFYSHYYQPLPLVLRGYGAGNDVTAAGVFADLLRTLSWKLGV\*

a) Que proteína a sequência codifica?

A sequência codifica a proteína bifunctional aspartokinase/homoserine dehydrogenase 1 from Escherichia coli str. K-12 substr. MG1655

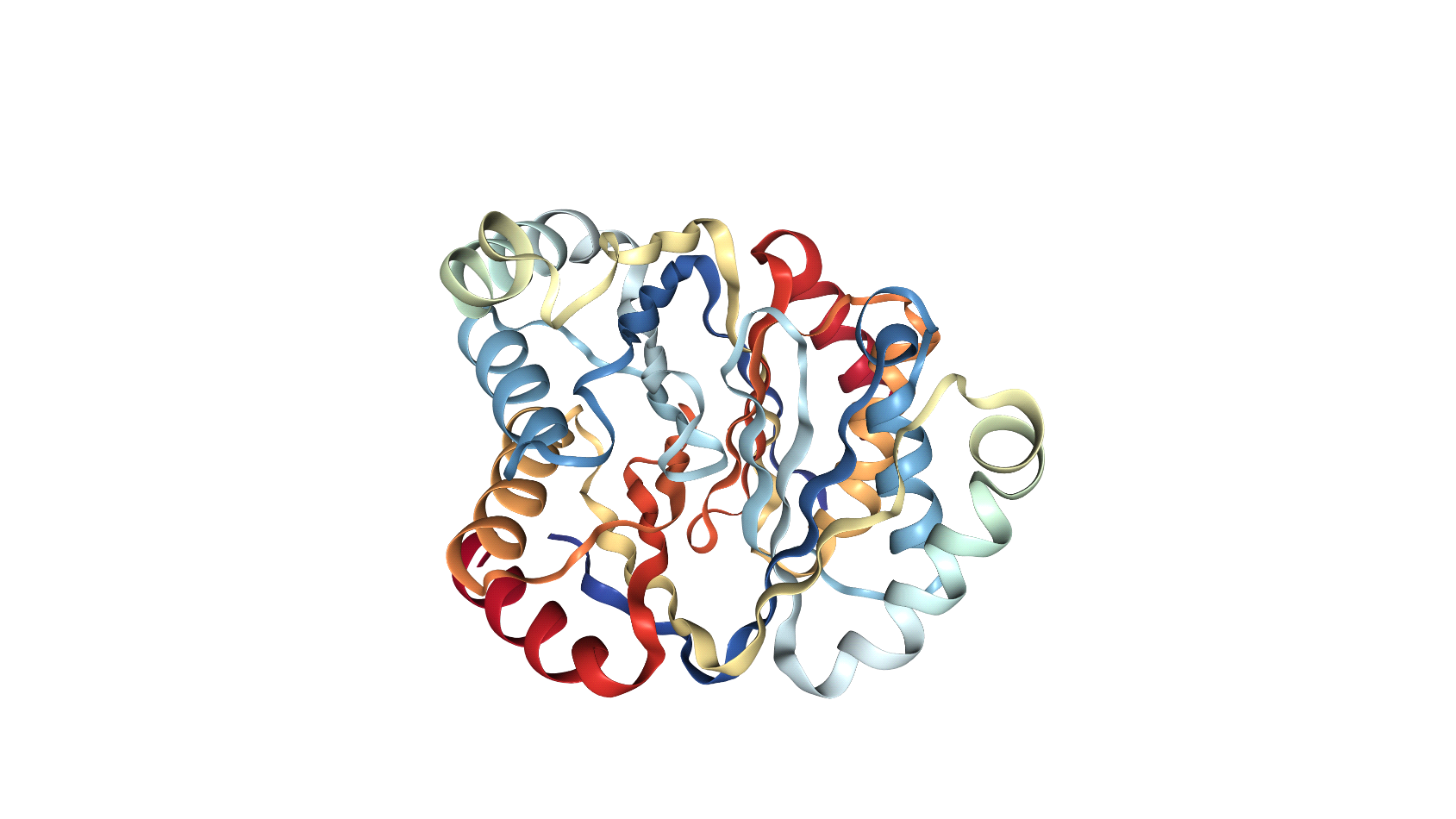


b) Qual a sua função biológica?

Aspartokinase é uma proteína enzima que catalisa a fosforilação do aminoácido aspartato. E a Homoserine Dehydrogenase é a proteína enzima que catalisa a reação :

L-homoserine + NAD(P)+ → L-aspartate 4-semialdehyde + NAD(P)H + H+

c) Qual a sua estrutura 3D ou a suposta estrutura 3D (utilize banco de dados secundários de estrutura)?



d) Há proteínas homólogas a ela (utilize banco de dados de proteínas)?

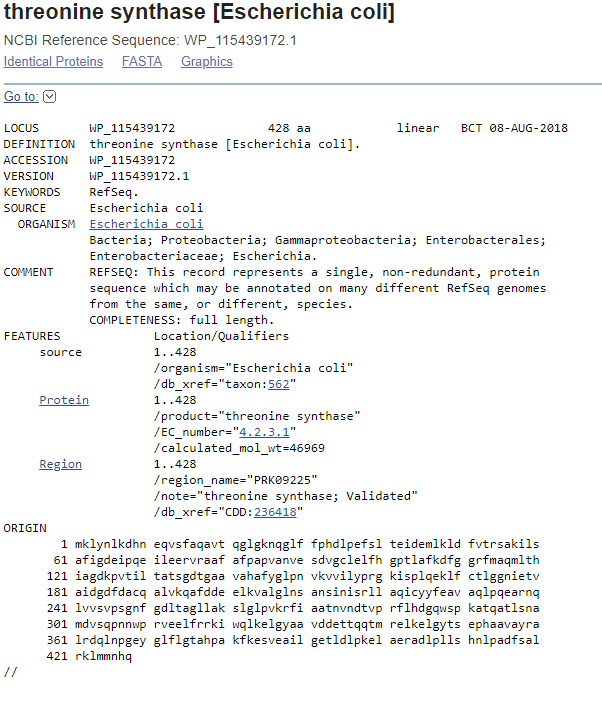
Não encontrada.

Proteína Threonine Synthase from Escherichia coli (Frame1)

Sequência: MKLYNLKDHNEQVSFAQAVTQGLGKNQGLFFPHDLPEFSLTEIDEMLKLDFVTRSAKILSAFIGDEIPQEILEERVRAAFAFPAPVANVESDVGCLELFHGPTLAFKDFGGRFMAQMLTHIAGDKPVTILTATSGDTGAAVAHAFYGLPNVKVVILYPRGKISPLQEKLFCTLGGNIETVAIDGDFDACQALVKQAFDDEELKVALGLNSANSINISRLLAQICYYFEAVAQLPQEARNQLVVSVPSGNFGDLTAGLLAKSLGLPVKRFIAATNVNDTVPRFLHDGQWSPKATQATLSNAMDVSQPNNWPRVEELFRRKIWQLKELGYAAVDDETTQQTMRELKELGYTSEPHAAVAYRALRDQLNPGEYGLFLGTAHPAKFKESVEAILGETLDLPKELAERADLPLLSHNLPADFAALRKLMMNHQ\*

a) Que proteína a sequência codifica?

A sequência codifica a proteína Threonine Synthase from Escherichia coli

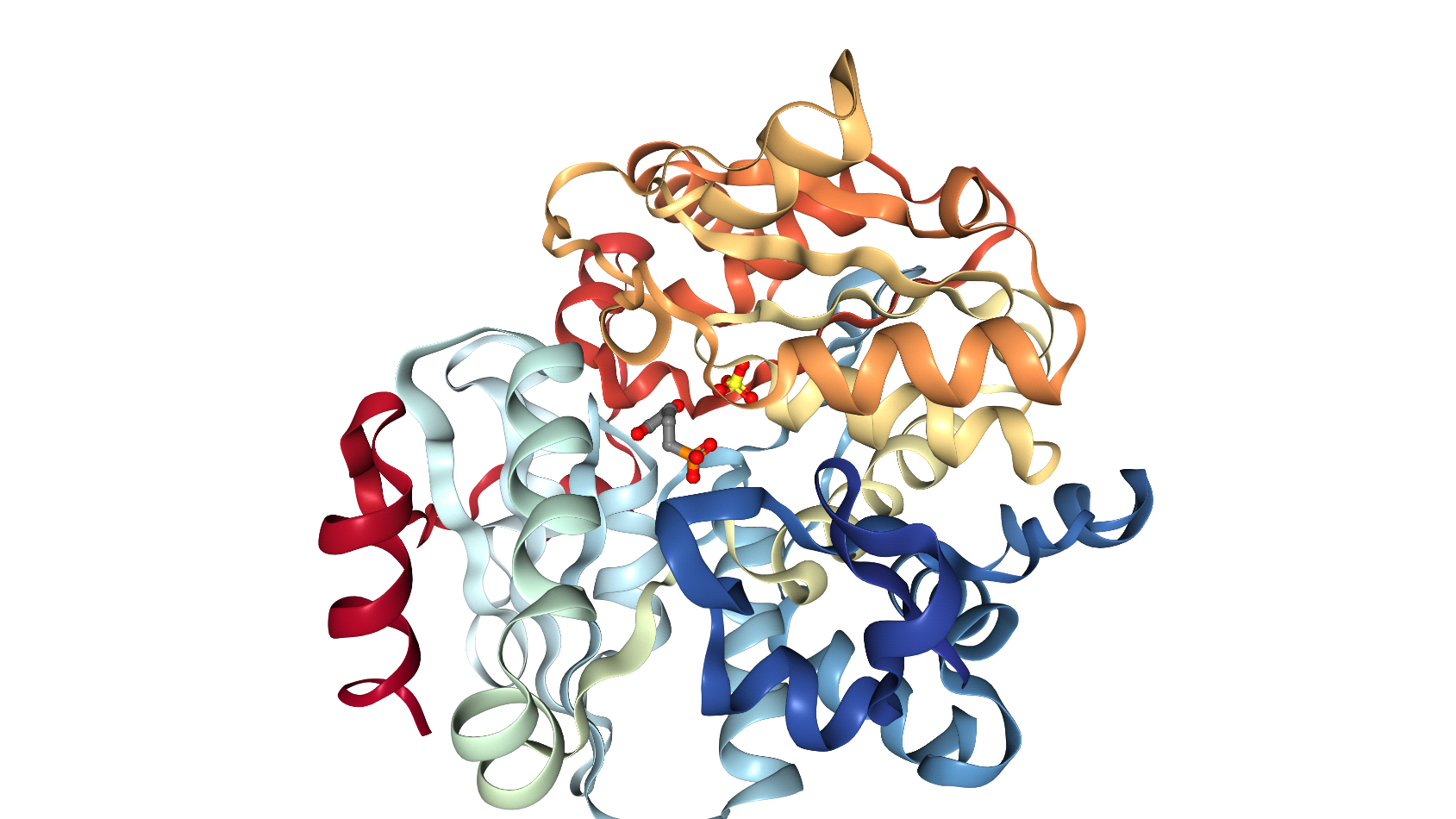


b) Qual a sua função biológica?

Threonine Synthase é uma proteína enzima que catalisa a reação química:

O-phospho-L-homoserine + H2O --> L-threonine + phosphate

c) Qual a sua estrutura 3D ou a suposta estrutura 3D (utilize banco de dados secundários de estrutura)?



d) Há proteínas homólogas a ela (utilize banco de dados de proteínas)?

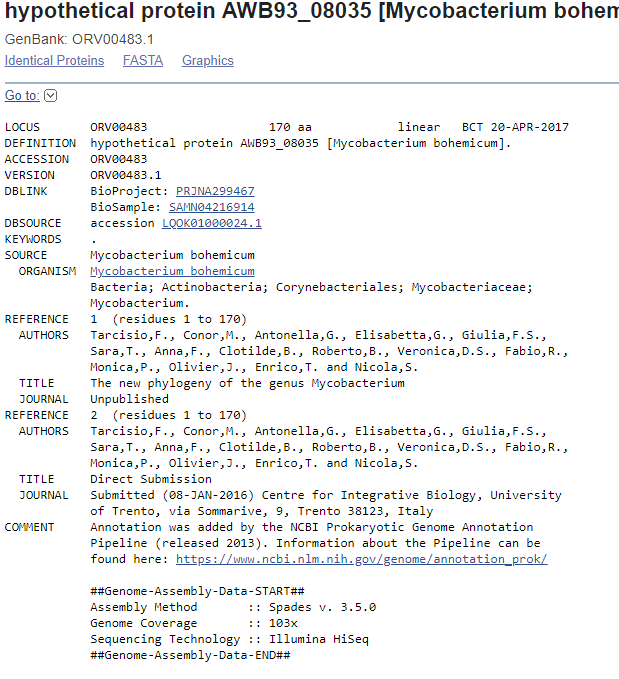
Não encontrado.

Proteína Hipotética AWB93\_08035(Frame2)

Sequência: \*NALAPPLPPPSPPPSPLPLPQVTVRA

a) Que proteína a sequência codifica?

A sequência codifica a uma Proteína Hipotética AWB93\_08035



b) Qual a sua função biológica?

Uma proteína hipotética é uma proteína cuja existência foi prevista, porém há uma falta de evidencia experimental de que ela realmente exista

c) Qual a sua estrutura 3D ou a suposta estrutura 3D (utilize banco de dados secundários de estrutura)?

A estrutura 3D da proteína não foi encontrada.

d) Há proteínas homólogas a ela (utilize banco de dados de proteínas)?

Não encontrada.

Proteína Putative Transport [Escherichia coli]

(Frame3)

Sequência:ARFFLLY\*QRPLGIGNDLPALRRRLLVHFSHRICAVSLHPPVWQKS\*K\*HSSTARRFNLISVIVYQSCGARG\*RQPGRRCAGYYRRWTWSRLLDVGCRVYRHGDLVCRMFPCTTL\*RT\*RQWAVSWRTGMVYGARAGDALDGRSVRRLFAHRLRHNFQRSSGKRCCPSSEFFF\*FSPAGDRHYSCCLCSAGNHSRSSWRRPAHAGVCPVDGDNLGTDQPGDLRNKYRATSPRHLVYF\*ECFWLAGSGRRRGGIYLKPGDY\*RFSAQYVFQ\*GGNGVDAKRGSGSGVLASASGSARNCPDDWHFYRHPGHLYGKRHADITGG\*RHNLHAAGRYSAYPEGDAGANGFLGC\*ICYPRGYSVCLQLHRCQLHLCRKQSLLFTPEQP\*SDLVFADLHLRNGHRRHLAKSSADVATGRYHNGLHGYYQFDCHITALACGSYHCQ\*LSTPA\*TRRAPGV\*SVALSGYRSPAFSGRVG\*CFAGV

a) Que proteína a sequência codifica?

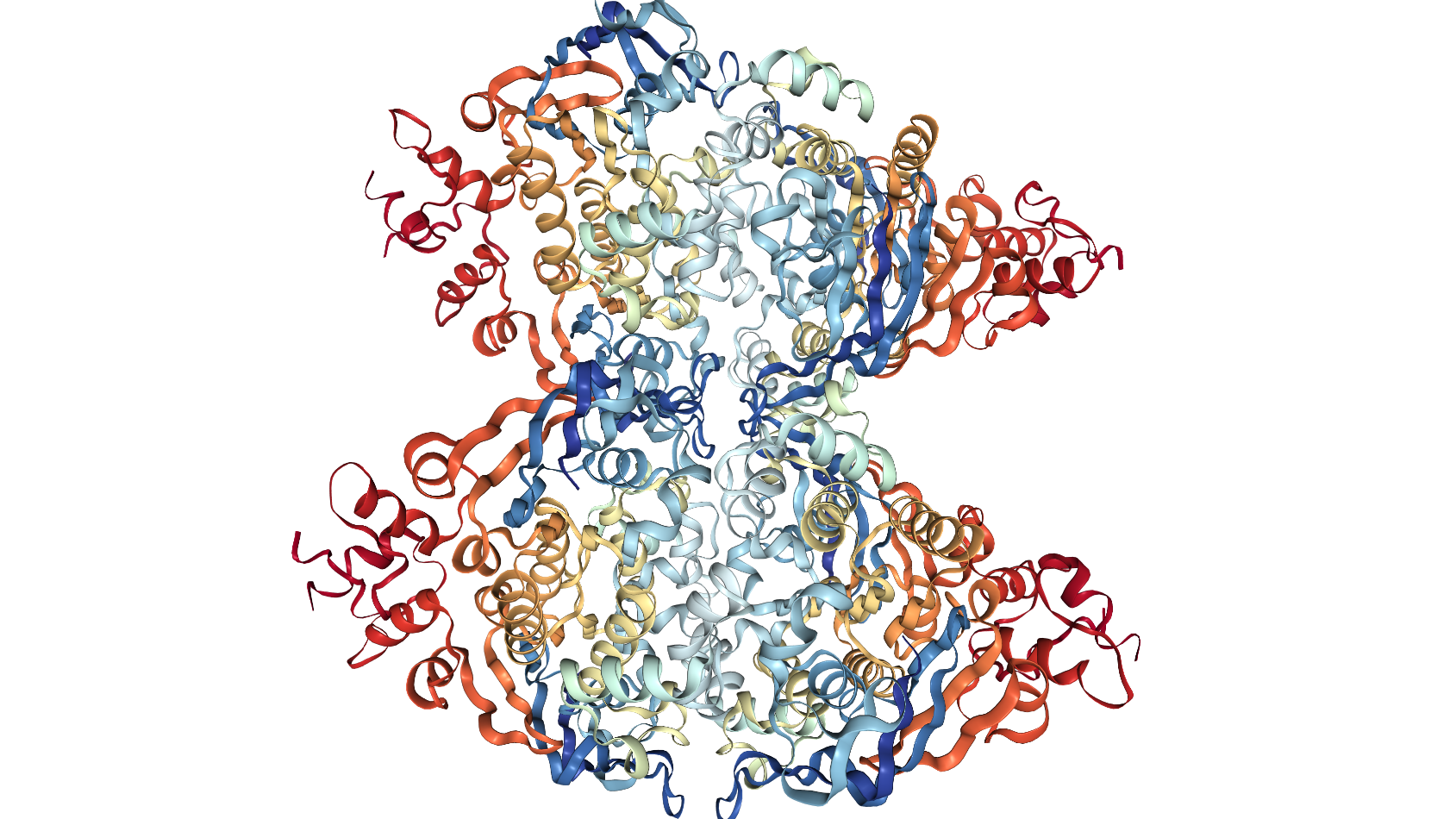
A sequência codifica a proteína Putative Transport [Escherichia coli]



b) Qual a sua função biológica?

Putative Transport Protein é uma proteína que facilita o transporte ativo transmembrana.

c) Qual a sua estrutura 3D ou a suposta estrutura 3D (utilize banco de dados secundários de estrutura)?



d) Há proteínas homólogas a ela (utilize banco de dados de proteínas)?

Não encontrado.

Proteína Transaldolase B [Escherichia coli]

(Frame3)

Sequência:DGQIDLPSSVHHRSGRHWGHRGNEAVSTAGCHNQPFSHS\*RSADSGIP\*VD\*\*CCRLGETAEQRSRAADRGRD\*QTGSKYWSGNPETGSGPYLN\*S\*CASFL\*HRSVNCESKTPDQTLQRCRY\*QRSYSDQTGFYLAGYPCCGTAGKRRYQL\*PDPAVLLRSGSCLCGSGRVPDLAVCWPYS\*LVQSEYR\*ERVRSGRRSGRGFCI\*NLPVLQRARL\*NRGYGRKLP\*HRRNSGTGRLRPSDHRTGTAERAG\*ERRGYRT\*TVLHRRSESASGAYH\*VRVPVAAQPGSNGSR\*TGGRYP\*VCY\*PGKTGKNDRRSAV

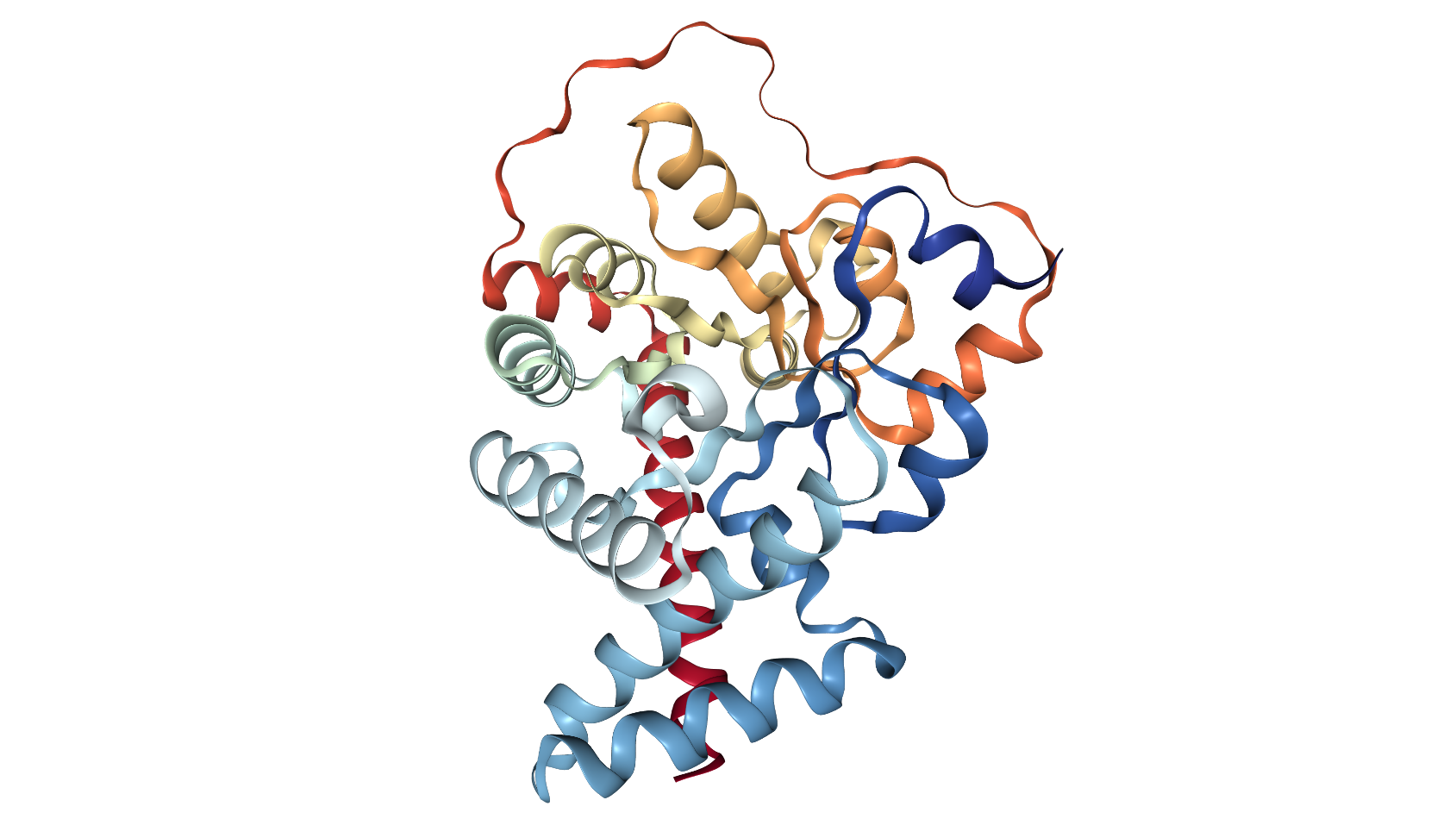
a) Que proteína a sequência codifica?

A sequência codifica a proteína Transaldolase B [Escherichia coli]

b) Qual a sua função biológica?

Transaldolase B é uma proteína que cataliza a reação química à seguir:

sedoheptulose7-phosphate+ glyceraldehyde3-phosphatee → erythrose4-phosphate + frutose6-phosphate

c) Qual a sua estrutura 3D ou a suposta estrutura 3D (utilize banco de dados secundários de estrutura)?

d) Há proteínas homólogas a ela (utilize banco de dados de proteínas)?

Não encontrado.

Segunda resposta

2 - Responda: Que informação dá o Escore, Escore Máximo, E-value e Identidade? (Explicar o que é cada um deles e a importância para a análise do alinhamento de sequência.)

O Escore dá a quantidade de valores da sua sequência que estão de acordo com o escore da sequência original. Analogamente, o Escore Máximo é o máximo de compatibilidade que uma determinada sequência pode converter em outra.

E-Value é o valor que diverge, sendo, quanto maior o E-Value, mais ele diverge da real sequência.

Identidade é o quanto a sequência se identifica, de maneira funcional, com a outra sequência, tornando-a única em suas funções. Quanto maior a identidade, mais probabilidade de ter a mesma função que a proteína apontada.

Quanto mais compatíveis os valores da identidade, do Escore com o Escore Máximo, mais teremos uma sequência demonstrada e completada pela proteína apresentada.