



Anotação funcional

Dr^a Desirrê Petters-Vandresen

Por que realizar uma anotação funcional?

- Atribuir categorias e funções aos genes anotados e detectados
- Facilidade de estudo dentro das categorias
- Melhor entendimento do modo de vida do organismo analisado
- Possibilidade de comparações funcionais entre organismos de modo de vida similar ou diferente
- Facilidade de seleção de genes candidatos para estudos funcionais com base em categorias de interesse

Abordagens gerais e aplicações

- Abordagens:
 - *Ab initio*
 - Baseada em homologia
- Aplicações:
 - Classificação e identificação (nomenclatura)
 - Atribuição de função
 - Localização celular
 - Processos biológicos relacionados

CAZymes

- Baseada em homologia:
 - Comparação com CAZymes já caracterizadas em bases de dados de CAZymes (ex: CAZy)
 - Comparação com domínios conservados das classes e famílias de CAZymes:
 - GTs: glycosyltransferases
 - GHs: glycoside hydrolases
 - PL: polysaccharide lyases
 - CE: carbohydrate esterases
 - CBM: carbohydrate-binding modules
 - AA: enzimas auxiliares (transformação de lignina)

Arquivo de saída (lista)

1	Gene ID	HMMER	Hotpep	DIAMOND	Signalp	#ofTools
2	scaffold_1.1012	GT4(512-682)	N	GT4	N	2
3	scaffold_1.1057	GT90(587-853)	N	N	N	1
4	scaffold_1.1058	GH47(45-507)	GH47	GH47	N	3
5	scaffold_1.1091	AA7(105-310)	N	N	Y(1-23)	1
6	scaffold_1.1104	GH3(90-311)	GH3+CBM1	GH3	Y(1-30)	3
7	scaffold_1.1174	GH5_49(118-421)	N	GH5_49	N	2
8	scaffold_1.1226	GT8(4-224)	GT8	GT8	N	3
9	scaffold_1.1230	GT90(708-991)	GT90	GT90	N	3
10	scaffold_1.1258	AA7(59-483)	N	N	N	1
11	scaffold_1.1296	GH16_18(73-229)	N	N	Y(1-24)	1

- Lista dos genes avaliados, classificação em classe e família de CAZymes e resultados para diferentes ferramentas de identificação utilizadas