



DIGITALNI LABORATORIJ – REŠITVE

1. V vinski mušici (ang. Fruit fly) je proteaza, ki igra pomembno vlogo pri njenem imunskem odzivu. Kodira jo gen MP1. Najdi protein, zapiši UniProtID in njegovo celotno ime.

A0A126GUP6, Melanization protease 1.

A0A126GUP6 · MP1_DROME

Protein ⁱ	Melanization protease 1	Amino acids	400 (go to sequence)
Gene ⁱ	MP1	Protein existence ⁱ	Evidence at protein level
Status ⁱ	 UniProtKB reviewed (Swiss-Prot)	Annotation score ⁱ	
Organism ⁱ	Drosophila melanogaster (Fruit fly)		

Protein bi radi pripravili v laboratoriju, za nadaljnje raziskave. Katere ione moramo uporabiti, da bomo imeli aktiven encim?

Potrebujemo Ca^{2+} ione. Podatek najdemo pod zavihkom Function-Features.

Katere aminokisline so vključene v aktivno mesto? Napiši tričrkovne kode in na katerih se nahajajo. Na podlagi teh aminokislin ugotovi, v katero skupino proteaz spada ta encim?

His(183) Asp(248), Ser(346)-podatek najdemo pod zavihkom Function-Features.

Na podlagi katalitske triade ugotovimo, da je to serinska proteaza, podatek najdemo tudi pod zavihkom function. Lahko si pomagamo z imeni domen, ki jih najdemo v podatkovni bazi InterPro.

Poleg tega so za pripravo aktivnega encima zelo pomembne tudi posttranslacijske modifikacije. Poišči med katerimi aminokislinskimi ostanki v strukturi se nahajajo disulfidne vezi in določi, kateri ak. ostanek je glikoziliran. Disulfidne vezi so med ak ostanki: 29-90, 39-70, 45-91, 130-268, 168-184, 210-220, 315-332, 342-375.

Glikoziliran je asparagin (na mestih 142 in 296).

Podatke najdemo pod zavihkom PTM/Processing.

2. Protein ima več izoformnih oblik. Ugotovi, koliko jih je in za varianto A zapiši dolžino ak. zaporedja in molekulsko maso (v kDa).

Izoformne oblike so tri (A,E in C). Varianta A ima zaporedje dolgo 390 ak ostankov in molekulska maso 43,704 kDa. Podatek najdemo pod zavihkom Sequence & Isoforms.

A0A126GUP6-2

Name A

See also sequence in [UniParc](#) or sequence clusters in [UniRef](#)

Differences from canonical **79-88: Missing**

 Curated

[Hide sequence](#)

Tools ▾

 Download

 Add

Highlight ▾

Copy sequence

Length 390

Mass (Da) 43,704

MD5 Checksumⁱ 5422FE760AA23A8C0FB
B64E47397D341

MEPHFFFTVL	WMLMGTSST	YAQEIFYGCR	TPDENSGTCI	NLRECGYLF	LLQSEEVTEQ
DRRFLQASQC	GYRNGQVLIC	CANSRMRNQO	PQWGNHPQPT	QTTKPTKRSG	TKLLPMAPNC
GENFGDRVVG	GNETTKREFP	WMALIEYTKP	GNVKGHHCGG	SLINHRYVLT	AAHCVSAIPS
DWELTGVRLL	EWDASTNPDC	TVGKNGRRDC	NEPYVDYPVE	ERIPHPQYPG	NSRDQLNDIA
LLRLRDEVQY	SDFILPVCLP	TLASQHNIF	LGRKVVVAGW	GRTETNFTSN	IKLKAELDTV
PTSECNQRYA	TQRRTVTTKQ	MCAGGVEGVD	SCRGDSSGGL	LLEDYSNGNS	NYIAGVVSYS
GPTPCGLKGW	PGVYTRVEAY	LNWIENNVR			

Kakšen naboj ima varianta A pri pH 5 in obrazloži zakaj, pomagaj si z izračunom izoelektrične točke(Protparam)?

Pozitiven, pI je 6,27. Pri nižjem pH sta aminska in karboksilna skupina protonirani.

Number of amino acids: 390

Molecular weight: 43704.12

Theoretical pI: 6.27

(Rezultati ProtParam)

Iz koliko baznih parov je sestavljena kodirajoča regija mRNA za varianto A? Napiši kako bi iz tega podatka izračunal število ak, ki sestavljajo to izoformno obliko proteina. Napiši tudi rezultat.

CDS regija mRNA za varianto A je sestavljena iz 1173 bp. 1173bp delimo s 3, saj eno aminokislino zapisujejo tri bp, nato pa odštejemo 1, saj stop kodon ne zapisuje za nobeno aminokislino. Dobiti morate enak rezultat kot pri prvem vprašanju te naloge. Podatke najdemo na spletni strani GenBank.

3. Za varianto A poščite najbolj podobno serinsko proteazo v človeku z najmanjšo E vrednostjo in napišite njegov GenBank ID.

Sequences producing significant alignments

Download

Select columns

Show

100

?

☒ select all 100 sequences selected

GenPept

Graphics

Distance tree of results

Multiple alignment

MSA Viewer

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	unnamed protein product [Homo sapiens]	Homo sapi...	138	138	69%	7e-37	36.10%	290	BAH12444.1
<input checked="" type="checkbox"/>	transmembrane serine protease 4 [Homo sapiens]	Homo sapi...	137	137	69%	2e-36	35.74%	290	KAI2563044.1
<input checked="" type="checkbox"/>	transmembrane serine protease 4 [Homo sapiens]	Homo sapi...	137	137	69%	2e-35	35.74%	399	KAI2563038.1
<input checked="" type="checkbox"/>	transmembrane serine protease 4 [Homo sapiens]	Homo sapi...	137	137	69%	2e-35	35.74%	397	KAI2563040.1
<input checked="" type="checkbox"/>	unnamed protein product [Homo sapiens]	Homo sapi...	137	137	69%	3e-35	35.74%	412	BAH14136.1
<input checked="" type="checkbox"/>	transmembrane protease serine 4 isoform X7 [Homo sapiens]	Homo sapi...	137	137	69%	3e-35	35.74%	430	XP_054225337.1
<input checked="" type="checkbox"/>	transmembrane serine protease 4 [Homo sapiens]	Homo sapi...	137	137	69%	3e-35	35.74%	435	KAI2563039.1
<input checked="" type="checkbox"/>	TMPRSS3 [Homo sapiens]	Homo sapi...	137	137	69%	3e-35	35.74%	432	AAQ88894.1
<input checked="" type="checkbox"/>	transmembrane serine protease 3 [Homo sapiens]	Homo sapi...	137	137	69%	3e-35	35.74%	437	AAF74526.1
<input checked="" type="checkbox"/>	type II membrane serine protease [Homo sapiens]	Homo sapi...	137	137	69%	3e-35	35.74%	423	AAF31436.1
<input checked="" type="checkbox"/>	transmembrane protease serine 4 isoform 7 [Homo sapiens]	Homo sapi...	134	134	69%	3e-35	35.38%	290	NP_001277025.2

GenBank ID je KAI2563044.1.

Koliko preglednih člankov v naslovu katerih je transmembranska serinska proteaza(transmembrane serine protease) je bilo objavljenih med leti 2020 in 2025? Koliko od teh ima prosto dostopno celotno besedilo?

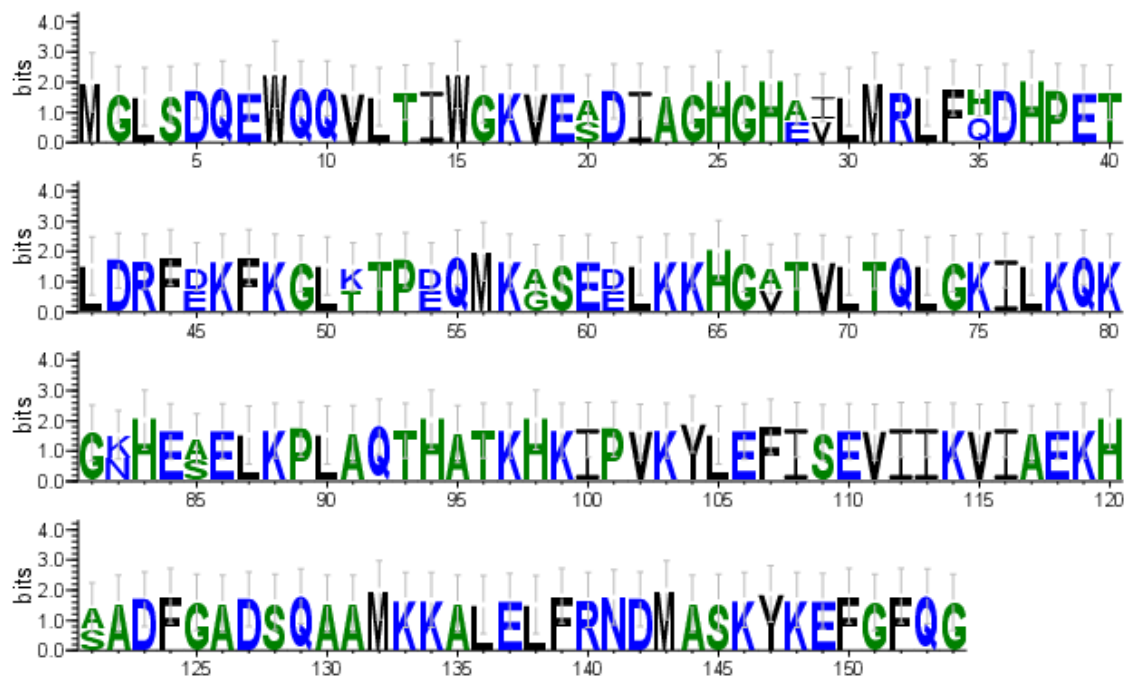
Objavljenih je bilo devet člankov, od katerih ima prosto dostopno celotno besedilo 6 člankov.

4. V uniprotu poišči zapis za mioglobin v divjem puranu (ang. wild turkey) in noju (ang. common ostrich). Naredi globalno poravnavo in izpiši procent identičnih in podobnih aminokislin in vrednost poravnave.

Poravnavo izvedete z algoritmom Needleman-Wunsch.

```
-
# Aligned_sequences: 2
# 1: MYG_MELGA
# 2: MYG_STRCA
# Matrix: EBL0SUM62
# Gap_penalty: 10.0
# Extend_penalty: 0.5
#
# Length: 154
# Identity:      141/154 (91.6%)
# Similarity:    148/154 (96.1%)
# Gaps:          0/154 ( 0.0%)
# Score: 746.0
#
#=====
```

Naredite sequence logo in prilepite sliko.



WebLogo 3.7.9