

Bioinformática

Exercícios TP3 : Comparação e alinhamento de sequências

- 1) O programa de comparação de sequências Dotlet (<https://dotlet.vital-it.ch>) permite identificar padrões de semelhança entre sequências de DNA ou proteína:
 - a) Obtenha, a partir de base de sequências Uniprot (www.uniprot.org), a sequência da tripsina-1 ("trypsin-1") humana e da ratazana ("rat"). Faça a comparação das duas sequências no Dotlet com a seleção dos seguintes parâmetros: 15 como valor da "Window size" e "BLOSUM 62" como escolha no "Scoring matrix".
 - b) Consegue distinguir algo padrão claro no diagrama do dot plot? Varie o tamanho da janela ("Window size") e veja como este parâmetro afecta a visualização. Utilize os sliders à direita do dotplot para ajustar a forma como os valores de "score" são mapeados em tons de cinzento.
 - c) Repita o procedimento anterior, mas fazendo desta vez comparação da sequência da tripsina-1 humana com as sequências das tripsinas de salmão e da bactéria *Streptomyces griseus*. Compare os resultados da análise dos pares humana-salmão e humana-bactéria com o par humana-ratazana calculado anteriormente.
 - d) Para melhor entender o resultado da alínea anterior, calcule as percentagens de identidade de sequência para os 3 pares homem-ratazana, homem-salmão e homem-bactéria, utilizando o website do Uniprot (deverá seleccionar as sequências pretendidas, adicioná-las ao "basket" (cesto de sequências) , seleccionar um par de cada vez e usar o comando "Align".
 - e) A protrombina é uma proteína mais longa que a tripsina, mas que contém uma região bastante similar a esta última. Obtenha o precursor da protrombina a partir do Uniprot (código Uniprot: P00735) e faça a sua comparação com a tripsina humana no dotlet. . Consegue identificar a região da sequência da protrombina que apresenta similaridade com a tripsina humana ?
 - f) Os dotlots são particularmente bons para a deteção de repetições internas numa sequência (regiões de auto-similaridade), através da sua auto-comparação (comparação da sequência com ela própria). Para sabermos identificar o tipo de padrões produzidos no Dotlet pela auto-comparação de uma sequência com repetições, vamos começar com uma situação idealizada: sequência "artificial" constituída por várias repetições perfeitas de um determinado segmento. Geraremos esta sequência artificial a partir de repetições de um segmento de sequência aleatória de 200 aminoácidos. Para produzir este segmento, utilizamos a ferramenta "Randseq" na página <http://expasy.org/tools/randseq.html>, seleccionando um comprimento de 200 aminoácidos e a opção de produzir o output em formato FASTA. Copie o resultado obtido para um ficheiro de texto utilizando o Bloco Notas do Windows. Neste ficheiro, produza três novas sequências, contendo respectivamente duas, três e quatro repetições da sequência aleatória original (utilize copy e paste). Faça a *auto-comparação* de cada uma dessas sequências com Dotlet e analise a relação entre o número de repetições e os padrões observados. (Nota: seleccione a matriz "Identity" da lista de matrizes disponíveis para o parâmetro "Scoring matrix" do Dotlet).
 - g) Faça a auto-comparação da Tripsina I humana com o Dotlet. Utilizando diferentes tamanos de janela ("Window size") e diferentes matrizes ("Scoring matrix") tenta identificar a possível existência de repetições internas na sequência da tripsina humana).

- h) Faça a auto-comparação do precursor da protrombina (código Uniprot: P00735), e também a auto-comparação do plasminogénio (P06868). Quantas regiões repetidas apresenta cada uma das sequências? (Estas pequenas regiões de sequência repetidas na família dos factores de coagulação são conhecidas como "domínios Kringle (Kringle domains) e exemplificam a estrutura "modular" de muitas famílias de proteínas biológicas).
- 2) A detecção de similaridade entre sequências biológicas é um problema difícil e um sistema inspecção visual das sequências pode induzir em erro relativamente à real proximidade das sequências estudadas. Vamos exemplificar esta situação com seguintes quatro sequências (que deverá obter a partir do site do Uniprot, www.uniprot.org): cadeia α e cadeia β da hemoglobina humana, leghemoglobina 1 do tremço (yellow lupin) e glutathione-S-transferase 2 (GST-2) de *Caenorhabditis Elegans*.
- Usando o alinhamento local (opção "water") em <http://www.ebi.ac.uk/emboss/align>, produza os 3 alinhamentos: cadeia α com a cadeia β , cadeia α com a leghemoglobina, e a cadeia α com GST-2. Tome nota das percentagens de identidade, semelhança e gaps em cada caso. Qual das sequências, leghemoglobina e GST-2, parece ser mais aparentada com a cadeia α da hemoglobina?
 - Faça uma pesquisa BLAST (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>) usando como "query" a sequência da leghemoglobina. Consegue encontrar as cadeias α e β da hemoglobina humana?
 - Compare o alinhamento local e global da cadeia α com a leghemoglobina.
 - Quando as duas sequências a comparar são distantes e apresentam uma similaridade fraca, pode ser difícil distinguir o alinhamento obtido de um outro produzido por duas sequências totalmente não aparentadas (alinhamento aleatório). Como tal, é importante ter familiaridade com o aspeto e parâmetros de um alinhamento aleatório. A forma mais "segura" de garantir a aleatoriedade de um alinhamento é este ser feito entre duas sequências geradas de forma aleatória. Utilizando a ferramenta Randseq, gere duas sequências aleatórias de 200 aminoácidos e alinhe-as local e globalmente, comparando os resultados obtidos com os da alínea a).
- 3) Os algoritmos de alinhamento óptimo de sequências Needleman-Wunsch ou Smith-Waterman apresentam uma limitação importante: uma vez que o alinhamento progride sempre numa determinada direcção, não é possível identificar múltiplos segmentos similares que ocorram nas duas sequências numa ordem diferente. Para demonstrar esta situação, construa com Randseq uma sequência do tipo AB e outro do tipo BA, em que A e B são sequências aleatórias de 50 aminoácidos de comprimento, geradas com Randseq. Faça um alinhamento local e global destas sequências com as opções "needle" e "water" do webserver Emboss. Analize os resultados obtidos. Use o program Lalign (http://www.ch.embnet.org/software/LALIGN_form.html) para listar alinhamentos sub-óptimos das sequências AB e BA. Compare o alinhamento obtido com Lalign com os anteriores e comente? Terá este exemplo relevância biológica?
- Para demonstrar esta situação, construa com Randseq uma sequência do tipo AB e outro do tipo BA, em que A e B são sequências aleatórias de 50 aminoácidos de comprimento, geradas com Randseq. Faça um alinhamento local e global destas sequências com as opções "needle" e "water" do webserver Emboss. Analize os

resultados obtidos. Os dois algoritmos conseguem identificar as duas regiões similares nas duas sequências ?

- b) Use o program Lalign (http://www.ch.embnet.org/software/LALIGN_form.html) para listar alinhamentos sub-óptimos das sequências AB e BA. Compare o alinhamento obtido com Lalign com os anteriores ? Terá este exemplo relevância biológica ?
- 4) Alinhe as sequências dos factores de coagulação IX e XII humanos local e globalmente. Use o programa Lalign (http://www.ch.embnet.org/software/LALIGN_form.html) para listar alinhamentos subóptimos. Compare os alinhamentos encontrados com as definições de domínio listadas nas entradas SWISSPROT dos factores IX e XII.