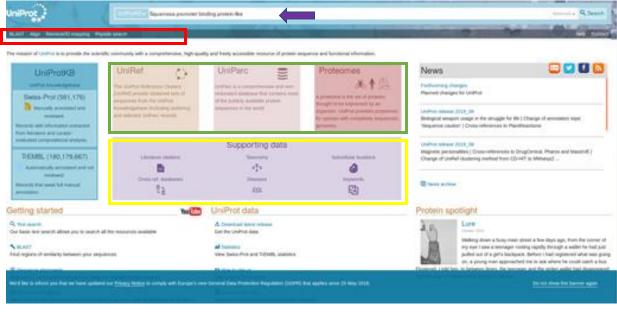
## PASSO 1 - Conhecendo o Uniprot

Aqui se buscou entender um pouco da interface do banco e como é organizado

O **UniProt** é um grande banco de dados que tem como objetivo fornecer à comunidade científica um recurso abrangente de sequências de proteínas e informações funcionais de alta qualidade e acesso livre.

Neste banco além de sequencias de proteínas é possível ter acesso a proteomas de diferentes espécies, clusters de proteínas, citações de literatura, referencias cruzadas dentre outras ferramentas.



Campo de Busca

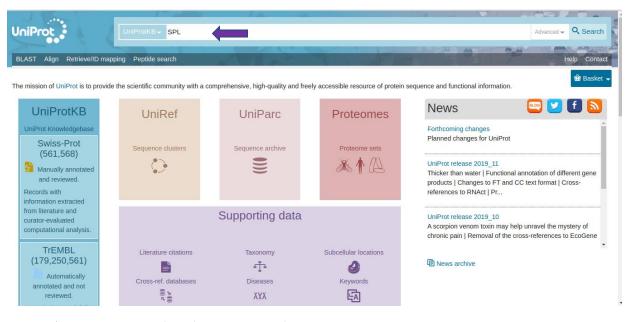
Ferramentas principais

Composição do banco de dados

Alguns dados auxiliares fornecidos pelo banco

### PASSO 2 – Realizar a pesquisa

Nesse momento foi informado no campo de busca o nome da família de proteínas



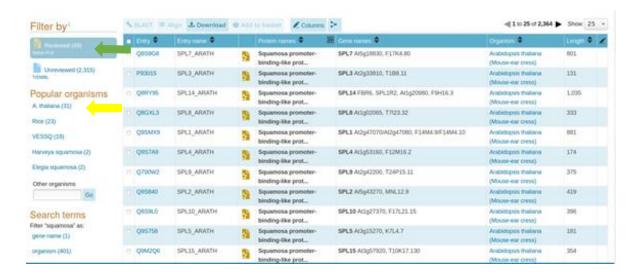
Busca pela família de proteínas SPL

#### PASSO 3 – Refinar os resultados

Nesse momento foram mostrados todos os resultados possíveis, entretanto foi feito um refino selecionando a espécie (*Arabidopsis thaliana*) e também apenas proteínas anotadas e revisas manualmente (Swiss-Prot)

O UniProt fornece dois tipos de anotações e é possível trabalha com as duas ou se escolher uma das categorias. São elas

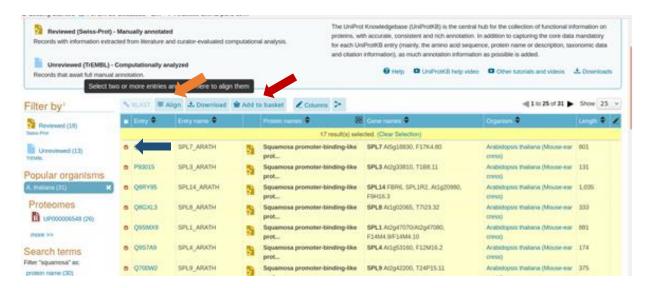
- Swiss-Prot Revisado
  - Registros anotados manualmente com informações extraídas da literatura e análise computacional avaliada pelo curador.
- TrEMBL Não revisado
  Registros analisados computacionalmente que aguardam anotação manual completa.



- Filtragem para resultados Swiss-Prot
- Filtragem para resultados em Arabidopsis thaliana

# PASSO 4 - Seleção das sequencias para o alinhamento

Nesse momento foram selecionados os resultados de interesse e estes foram adicionados a cesta que é um recurso lúdico que guarda todas as sequencias permitindo que se continue pesquisa e se guarde todas de interesse em um só lugar, depois foi realizado o alinhamento múltiplo



- Alinhamento múltiplo
- Seleção dos resultados em *Arabidopsis thaliana*
- Cesta de sequencias

# PASSO 5 – Análise das sequencias

o tempo de análise varia conforme a quantidade de sequencias, mas é bem rápido.

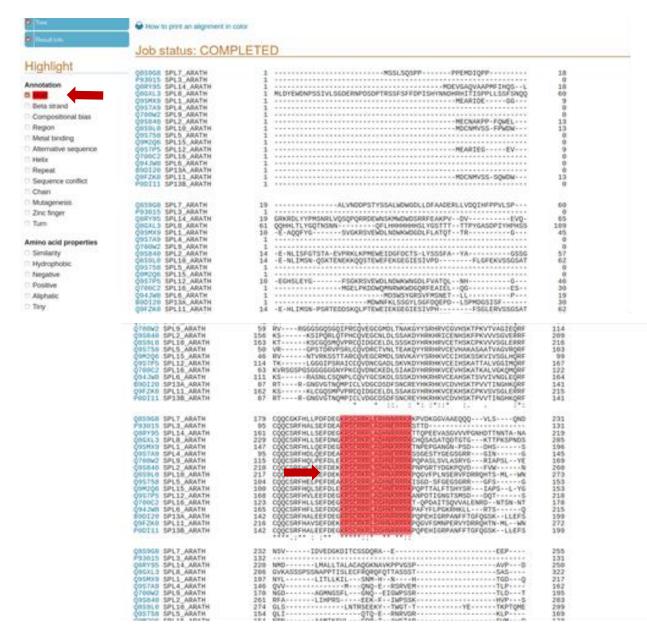
Abaixo é mostrado a tela indicadora das análises



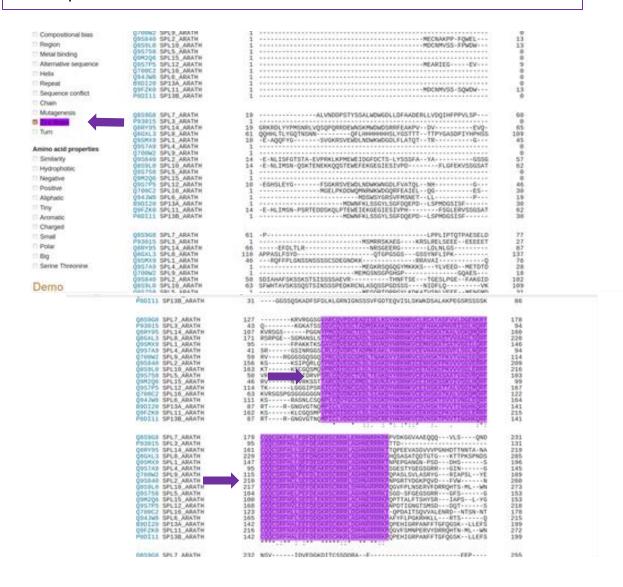
# PASSO 6 – interpretação das saídas

A ferramenta de Alinhamento Múltiplo proporciona ao usuário diferentes abordagens a depender do objetivo da pesquisa Foi selecionado alguns parâmetros para demostrar algumas dessas abordagens

Inicialmente optamos por estudar o motivo conservado entre as proteínas o qual tem relação com a funcionalidade da proteína e conseguimos perceber a existência deste em todas as sequencias analisadas



O segundo parâmetro estudado foi o zinc finger protein Os dedos de zinco são domínios proteicos que têm a propriedade de se ligarem ao DNA. Este é composto por duas folhas-beta antiparalelas e uma alfa-hélice. O íon de zinco é fundamental para garantir a estabilidade deste tipo de domínio.



Zinc finger protein

Por fim também foi obtida um dendrograma em forma de arvore que indica a ligação filogenética das proteínas. É mostrado de forma clara a grande relação que as proteínas possuem

