

Rešitve za seminar pri predmetu Biokemijska informatika (S1-03)

Naloga1

Kolikšen je delež podobnosti pri lokalni oz. globalni poravnavi?

Delež podobnosti pri globalni poravnavi je 33,4 % pri lokalni poravnavi pa je 53,4 %.

Poravnavi primerjaj. Katera poravnava bi bila bolj smiselna za ta dva proteina?

Glede na to da je delež podobnosti in identičnosti večji in dolžina poravnave daljša pri lokalni poravnavi, bi bilo bolj smiselno za ta dva proteina upoštevati lokalno poravnavo. Pri globalni poravnavi je prav tako veliko več vrzeli, kar ukazuje na manjšo težo poravnave. Rezultat poravnave pa je prav tako nekoliko nižji pri globalni poravnavi. Najbolj izrazito se pri obeh poravnava DNA vezavna domena, ki je dobro ohranjena. Prav tako pa proteina nista enako dolga in je tudi zato bolj primerna lokalna poravnava.

```
Aligned_sequences: 2
1: P53
2: P63
Matrix: EBLSUM62
Gap_penalty: 10.0
Extend_penalty: 0.5
```

```
Length: 438
Identity: 163/438 (37.2%)
Similarity: 234/438 (53.4%)
Gaps: 88/438 (20.1%)
Score: 725.5
```

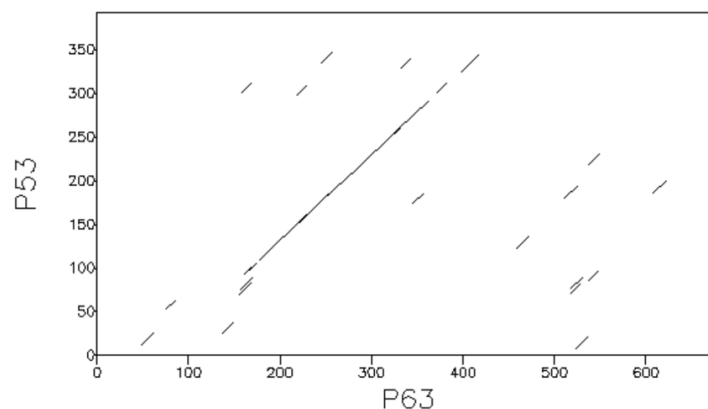
Slika 1: Lokalna poravnava p53 in p63

```
Aligned_sequences: 2
1: P53
2: P63
Matrix: EBLSUM62
Gap_penalty: 10.0
Extend_penalty: 0.5
```

```
Length: 709
Identity: 166/709 (23.4%)
Similarity: 237/709 (33.4%)
Gaps: 345/709 (48.7%)
Score: 716.5
```

Slika 2: Globalna poravnava p53 in p63

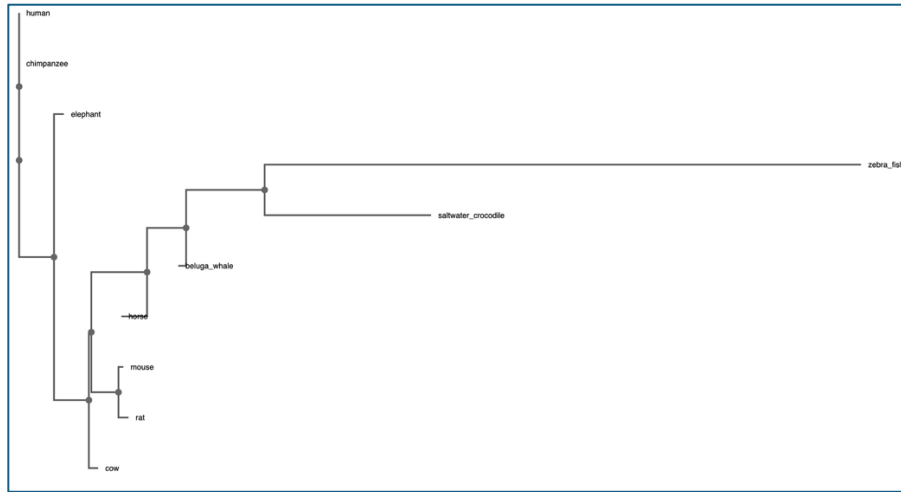
EMBOSS Dotmatcher



Slika 3: Točkovni diagram ustvarjen z EMBOSS Dotmatcher

Najdaljšo diagonalo dobimo v območju DNA vezavne domene nekje v območju od 180 do 360 pri p63 in okoli 110 do 290 na p53, kar je primerljivo s poravnavo zaporedji od prej.

Naloga 2

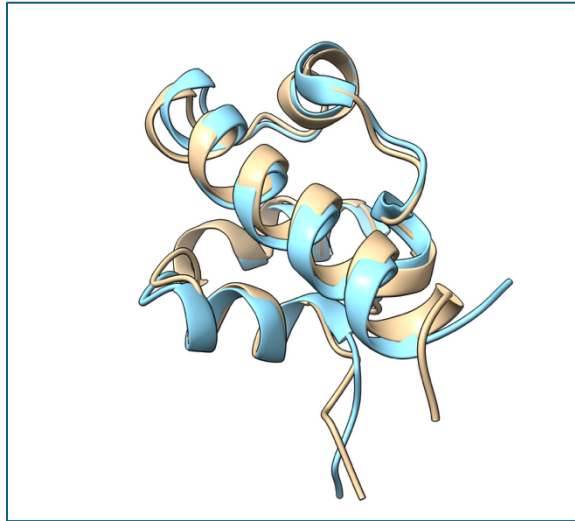


Slika 4: Filogenetsko drevo za protein p63

Ali je nastalo filogenetsko drevo smiselno? Kateri organizem ima najbolj sorodno zaporedje za protein p63 tistemu iz človeka?

Nastalo filogenetsko drevo je smiselno, saj so sesalci najbližje sorodstveno človeku. Najbolj sorodno zaporedje za protein p63 v tem primeru ima šimpanz, kar je precej pričakovano.

Naloga 3



Slika 5: Superpozicija največjega modela iz SWISS-MODEL in strukture 1RG6 proteina p63 iz PDB. V modelu so zbrisani ostanki 7-449 in 518-588.

Koliko modelov je program sestavil?

Program je sestavil 5 modelov.

Ali kateri od modelov iz SWISS-MODEL pokriva celotno zaporedje? Katero območje pokriva največji model?

Ne, noben model ne pokriva celotnega zaporedja, največji model pokriva območje 7-588.