

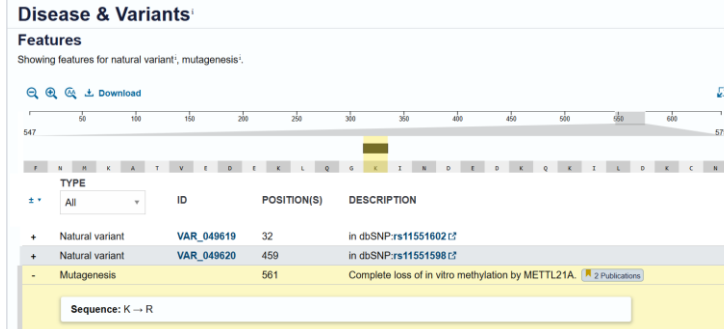
Rešitve S3-10

1. Naloga

Podana je Uniprot accession code P11142, katero vstaviš v brskalnik Uniprot. Pod zavihkom »Sequence & Isoforms« poišči »Sequence databases«, kjer imaš pod RefSeq, prvi prvem zadetku podano GenBank accession code NM_006597. Ko na to kodo klikneš, te pošlje na GenBank, kjer pod razdelkom »Features« prešteješ število eksonov. Nato ponovno pod razdelkom »Features« poiščeš CDS in prebereš kje se nahaja (79...2019). S formulo $2019 - 79 + 1$, dobiš dolžino kodirajoče regije, ki je 1941. To nato deliš s celotno dolžino gena, ki je 2246 baznih parov dolgo. Da poiščeš na katerem kromosomu se gen nahaja pa ponovno pod »Features« pogledaš pod »Source« in tam ti piše, da se nahaja na kromosomu 11.

2. Naloga

Ponovno poišči protein na Uniprotu (enak accession code). Pod razdelkom »Subcellular Location« imaš navedeno, v katerih delih celice se protein nahaja – citoplazma, melanosom, jedro (jedrce), celična membrana, membrana lizosoma. Da ugotoviš katera post-translacijska modifikacija poteče na 589. mestu, moraš pod »PTM/Processing« poiskati mesto 589 in vidiš da sta možni dve modifikaciji – ubikvitinacija in acetilacija lizina (K). Da ugotoviš katera aminokislina se mora zmutirati, da ne pride do metilacije s strani encima METTL21A, odpreš razdelek »Disease&Variants«, kjer ti v tretji vrstici piše mutageneza in »Complete loss of in vitro methylation by METTL21A«. Iz teka razdelka lahko vidiš, da more poteči modifikacija na 561 mestu in sicer iz lizina v arginin. Da ugotoviš s katerim delom se protein veže na ATP, moraš pod razdelkom »Family and Domains« poiskati »Nucleotide-binding domain (NBD)« in vidiš, da je regija od 2 do 386 aminokislinskega ostanka.



Disease & Variants¹
Features
Showing features for natural variant¹; mutagenesis¹.

547 50 100 150 200 250 300 350 400 450 500 550 575

F V M K A T Y I D I K L Q G K I N D E P K Q K I L D K C N

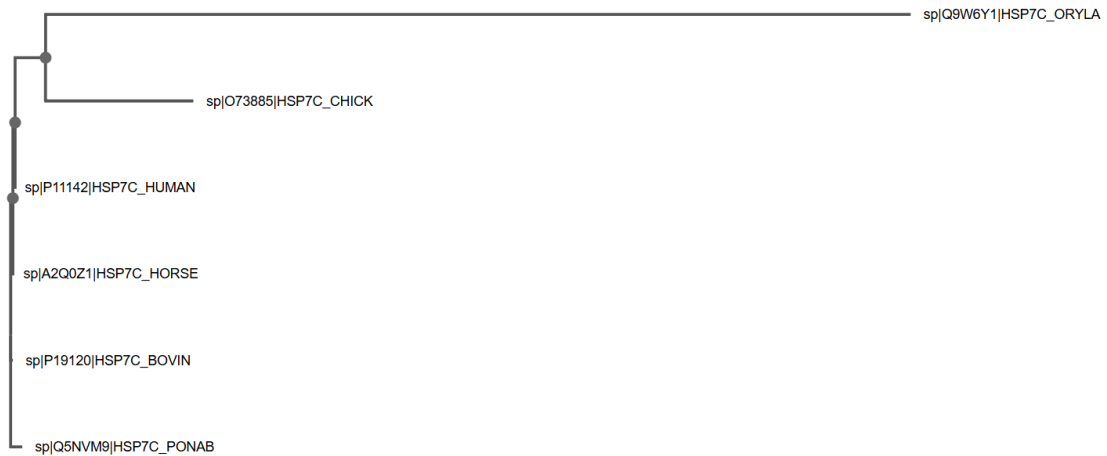
TYPE	ID	POSITION(S)	DESCRIPTION
+ Natural variant	VAR_049619	32	in dbSNP:rs11551602 ↗
+ Natural variant	VAR_049620	459	in dbSNP:rs11551598 ↗
- Mutagenesis		561	Complete loss of in vitro methylation by METTL21A ↗ 2 Publications

Sequence: K → R

3. Naloga

V Uniprotu naložiš aminokislinsko zaporedje v obliki FASTA in skopiraš le zaporedje, brez imena. Odpreš spletno stran (ProtParam) in v odložišče prilepiš skopirano zaporedje. Nato klikneš »Compute parameters« in dobiš rezultate. Razbereš glede na procente, katera aminokislina se največkrat pojavijo – lizin, glicin, alanin. Aminokislina s pozitivnim nabojem je 82. Za izoelektrično točko piše da je pri 5.37, kar pomeni, da bo pri pH 3 protein pozitivno nabit, zato uporabimo kationski izmenjevalec.

Kot rezultat dobimo:



Vidimo da ima riba ORYLA zelo dolgo vejo, kar pomeni, da se najbolj razlikuje od ostalih in je evolucijsko najbolj oddaljena. Pri HSP7C piščanca vidimo, da je bližje sesalcem kot riba, ampak je še vedno bolj oddaljen od človeka kot sesalci med sabo. Piščanec in riba imata skupnega prednika, ki je bolj oddaljen kot skupni prednik sesalcev. Horse, Human, Bovin, Ponab HSP7C proteini imajo zelo kratke razdalje in visoko podobnost sekvenc, kar pomeni da so HSP7C proteini zelo ohranjeni.