

TAREFA 1

- Acesse o site do Kegg
(<http://www.genome.jp/kegg/pathway.html>)
- Clique na via determinada a cada aluno (a informar)
- Mude no menu persiana “Reference pathway” para “Homo sapiens (human)” e aperte o botão [Go]
- Escolha 5 enzimas marcadas em verde (presentes em humanos)
- Para cada enzima escolhida, clique sobre o retângulo verde
- Procure a sequência nucleotídica. Próximo a ela há um botão [NT seq], clique para obter a sequência e copie em um documento em seu computador local
- Copie em outro documento a descrição da sequência e deixe somente o identificador Kegg na sequência Exemplo:

>hsa:7086 TKT, FLJ34765, TK, TKT1; transketolase
(EC:2.2.1.1); K00615 transketolase [EC:2.2.1.1] (N)

Deixe na sequência apenas:

>has:7086

- Em outro documento guarde as informações associadas:

hsa:7086 = TKT, FLJ34765, TK, TKT1; transketolase
(EC:2.2.1.1); K00615 transketolase [EC:2.2.1.1] (N)

- Note que algumas enzimas têm várias isoformas, se for esse o caso, copie todas!
- Quando terminar de coletar as sequências, entre na sua pasta em bioufmg@bioinfo.icb.ufmg.br e no seu diretório [cd suaPasta]

- Crie um diretório tarefa1 [mkdir tarefa1]
- Entre no diretório [cd tarefa1]
- Crie um documento seqs com o programa vi [vi seqs]
- Entre no modo de inserir [i]
- Copie as sequencias [control c] e cole no terminal [botão direito]
- Salve [Esc → : → x!]
- Confira o conteúdo do arquivo [less seqs] [q]
- Por meio de alinhamento com blastn vamos contar quantos hits cada sequencia tem na amostra de reads de 454:

```
megablast -i seqs
-d /home/bacharelado/blast_aula/454data/tumor.seq
-D 3 -F F -a 4 -p 96 -s 100 -o saida_tarefa1
```

- Verifique a saída [less saída_tarefa1] [q]
- Tire as linhas com jogo da velha e salve como tarefa1_final:

```
[cat saída_tarefa1 | grep -v “#” > tarefa1_final]
```

- Contemos quantos hits cada seq obteve:

```
[cat tarefa1_final | awk ‘{print $1}’ | sort | uniq -c | less]
```

RELATÓRIO

1. Reporte o resultado do BLAST
2. Analise o resultado e comente.
3. Como seria possível analisar todas as vias do Kegg de uma única vez?
4. Explique 5 comandos Linux utilizados neste tutorial

TAREFA 2

Anotação de genoma com Artemis. Siga o tutorial que está em:

http://biodados.icb.ufmg.br/pinguim/ anotacao/tutorial_artemis.pdf

O download do Artemis mudou:

<http://sanger-pathogens.github.io/Artemis/Artemis/>

Utilize o arquivo com o número determinado por aluno em:

http://biodados.icb.ufmg.br/pinguim/ anotacao/sequencias_exercicios/

Encaminhe os arquivos de anotação nos formatos gbk e gff

E responda as questões abaixo:

- 1) Quais as características de uma CDS?
- 2) Explique o que é uma ORF e o que significa ser longa?
- 3) Qual programa é mais indicado anotar a função de uma proteína BLASTp ou BLASTn? Justifique.
- 4) Quais os prováveis produtos gênicos encontrados no seu arquivo?

Se vc é da TR1, envie as respostas para
Lissur Azevedo Orsine lissurorsine@gmail.com
Com cópia para biodados@gmail.com
Com o assunto TAREFAS

Se vc é da TR2, envie as respostas para
Elisson Lopes elisson.nlopes@gmail.com
Com cópia para biodados@gmail.com
Com o assunto TAREFAS