

Vyhledávání příbuzných enzymů s modifikovanou funkcí

Jiří Hon, Loschmidtovy laboratoře, FIT VUT Brno

vedoucí: Ing. Tomáš Martínek Ph.D.

Automatický systém pro vyhledávání nových proteinů s modifikovanou funkcí a jejich částečnou charakterizaci.

VYHLEDÁVÁNÍ



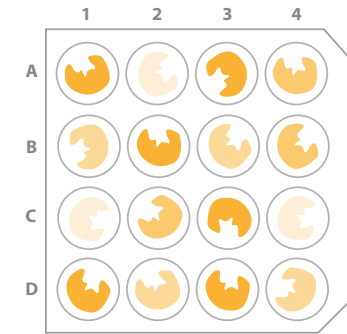
- Iterativní homologní vyhledávání nástrojem PSIBLAST
- Jeden dotaz pro každou podrodinu

FILTRACE



- Zkrácení sekvencí pouze na hlavní doménu
- Shlukování metodou MC-UPGMA
- Konstrukce zarovnání

CHARAKTERIZACE



- Modelovací nástroje: MODELLER, CASTp, jCE, CAVER
- Anotace: Bioproject, Taxonomy, Pfam

SHRNUTÍ

- Nástroj pro vyhledávání příbuzných proteinů s modifikovanou funkcí → aplikace v jazyce Java
- Filtrace a částečná charakterizace → úspora drahého laboratorního času, podpora pro rozhodování proteinového inženýra
- Využití existujících nástrojů → novým způsobem propojeny
- Spolupráce s Loschmidtovými laboratořemi na ověření biologické relevance výsledků