

**Einführung in die Angewandte Bioinformatik:
Proteinsequenz-Datenbanken
14.05.2009**

Prof. Dr. Sven Rahmann

3 Proteinsequenz-Datenbanksysteme

- NCBI Entrez Proteins
- EBI SRS Proteins
- UniProt (empfohlen)

UniProt

Search in: Protein Knowledgebase (UniProtKB)

Query:

Core Data

- Protein Knowledgebase (UniProtKB)
- Sequence Clusters (UniRef)
- Sequence Archive (UniParc)

Supporting Data

- Literature citations
- Taxonomy
- Keywords
- Subcellular locations

Information

- News
- Documents
- User manual
- FAQ
- Help

EMBL-EBI EB-eye Search

All Databases

Databases Tools EBI Groups Training Industry About Us Help Site Index

Quick Search Library Page Query Form Tools Results Projects Views Databanks HELP

SRS

[Start a Permanent Project](#)

Tips

★ *Want to know more about using SRS?*
- go to the [Help Center](#) for online searchable help.
- look in our [SRS@EBI FAQ](#) for answers to commonly

Quick Text Search [Search Tips](#)

Find: Proteins matching:

Search:

News [Search Tips](#)

Import

NCBI Entrez Proteins

„Entrez“-Sicht auf verschiedene Datenbanken,
auch Nicht-NCBI-Datenbanken.

Vorteil: in gewohnter Weise mit Entrez durchsuchbar

Sequenz-Inhalt (wie bei UniProt):

- Swiss-Prot
- PIR
- Übersetzungen der kodierenden Nukleotidsequenzen in GenBank und RefSeq.

Weiterer Inhalt aus:

- Literatur: PRF (Protein Research Foundation, Japan)
- Proteinstruktur: wwPDB (world-wide Protein Data Bank, Proteinstrukturen)

Suche in NCBI Entrez Proteins

- Anzeige weiterer Treffer in der Gene-Datenbank
- Anzeige der Organismen mit vielen Treffern

The screenshot shows the NCBI Entrez Proteins search interface. At the top, there is a navigation bar with links for 'All Databases', 'PubMed', 'Nucleotide', 'Protein', 'Genome', 'Structure', 'PMC', 'Taxonomy', and 'Books'. The search bar contains 'Protein' and 'for DtxR'. Below the search bar, there are buttons for 'Limits', 'Preview/Index', 'History', 'Clipboard', and 'Details'. The display settings are set to 'Summary', 'Show 20', and 'Sort By'. The search results show 799 items, with 698 in Bacteria, 275 in RefSeq, and 634 in Related Structures. The first three results are listed below:

- 1:** [YP_250879](#) Reports Conserved Domains, BLink, Links
iron-dependent repressor DtxR [*Corynebacterium jeikeium* K411]
gi|68536174|ref|YP_250879.1|[68536174]
- 2:** [ZP_03933519](#) Reports Conserved Domains, BLink, Links
iron-dependent repressor DtxR [*Corynebacterium accolens* ATCC 49725]
gi|227503470|ref|ZP_03933519.1|[227503470]
- 3:** [EEI13936](#) Reports Conserved Domains, BLink, Links
iron-dependent repressor DtxR [*Corynebacterium accolens* ATCC 49725]
gi|227075973|gb|EEI13936.1|[227075973]

On the right side, there is a 'Top Organisms [Tree]' section listing organisms such as *Corynebacterium diphtheriae* (63), *Mycobacterium tuberculosis* (27), *Bacteroides capillosus* ATCC 29799 (20), *Mycobacterium bovis* (9), and *Clostridium botetoe* ATCC BAA-613 (8). Below that is a 'Recent Activity' section showing a search for 'DtxR' (799) with a 'Protein' tag.

Suchergebnisse in NCBI Entrez Proteins

- Anzeige im GenPept-Format (wie GenBank-Format), andere möglich.
- Viele Tools und Links auf der rechten Seite (BLAST, CD || Struktur, Literatur...).

Format: **GenPept** [FASTA](#) [Graphics](#) [More Formats](#) ▼

[Download](#) ▼

[Save](#) ▼

[Links](#) ▼

NCBI Reference Sequence: YP_250879.1

iron-dependent repressor DtxR [*Corynebacterium jeikeium* K411]

Change Region Shown 

[Comment](#) [Features](#) [Sequence](#)

LOCUS YP_250879 240 aa linear BCT 26-APR-2009
 DEFINITION iron-dependent repressor DtxR [*Corynebacterium jeikeium* K411].
 ACCESSION YP_250879
 VERSION YP_250879.1 GI:68536174
 DBSOURCE REFSEQ: accession [NC 007164.1](#)
 KEYWORDS .
 SOURCE *Corynebacterium jeikeium* K411
 ORGANISM [Corynebacterium jeikeium K411](#)
 Bacteria; Actinobacteria; Actinobacteridae; Actinomycetales;
 Corynebacterineae; Corynebacteriaceae; Corynebacterium.
 REFERENCE 1 (residues 1 to 240)
 AUTHORS Tauch,A., Kaiser,O., Hain,T., Goesmann,A., Weisshaar,B.,
 Albersmeier,A., Bekel,T., Bischoff,N., Brune,I., Chakraborty,T.,
 Kalinowski,J., Meyer,F., Rupp,O., Schneiker,S., Viehoveer,P. and
 Puhler,A.
 TITLE Complete genome sequence and analysis of the multiresistant
 nosocomial pathogen *Corynebacterium jeikeium* K411, a

[BLAST Sequence](#)

Find regions of similarity between this sequence and other sequences using BLAST.

[Conserved Domains](#)

View conserved domains detected in this protein sequence using CD-search.

[Articles about dtxR](#)

- ▶ Complete genome sequence and analysis of the multire: [J Bacteriol. 2005]

» See all...

[More about the gene dtxR](#)

Also Known As: jk1097

Wichtige Suchfelder für NCBI Proteins

[accession]

[gene name]

[protein name]

[EC/RN number]

[organism]

[molecular weight] (Bereichssuche, z.B. 1000:1500)

[sequence length] (Bereichssuche)

...

Universal Protein Resource (UniProt)

<http://www.uniprot.org>

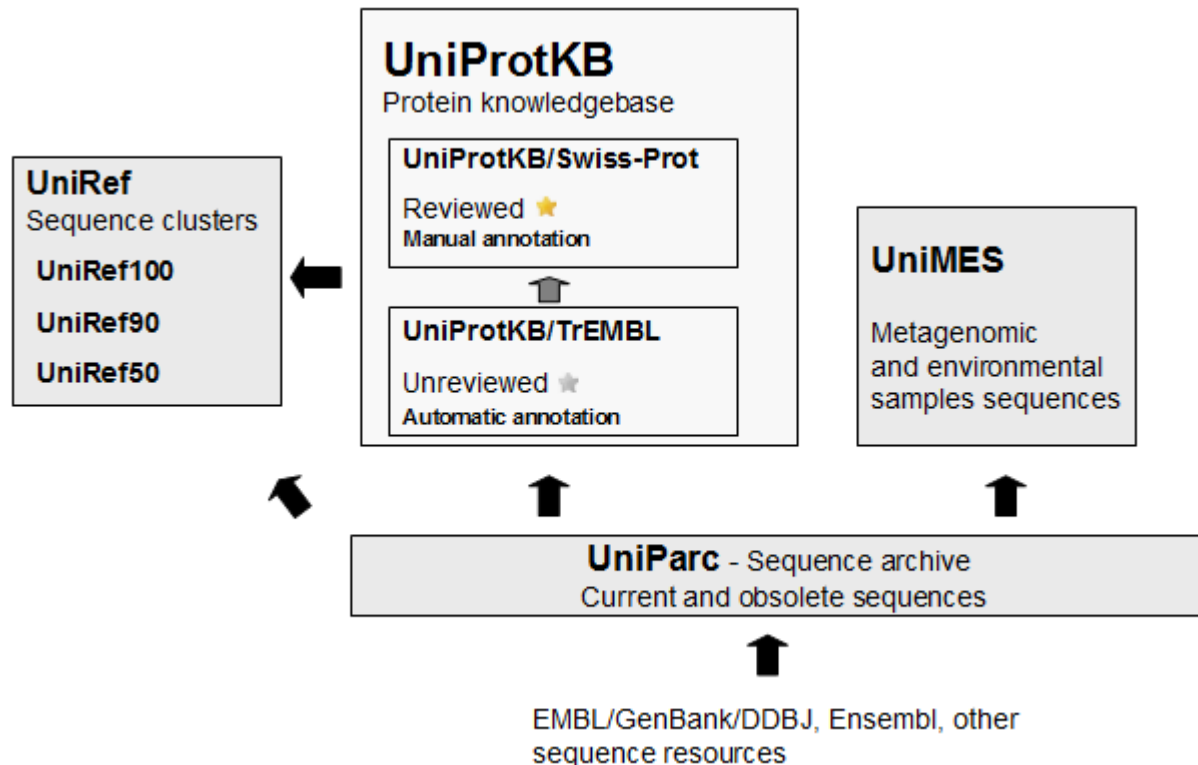
UniProt besteht aus vier Datenbanken

- Protein Knowledgebase (UniProtKB) – bestehend aus
 - TrEMBL – Translated EMBL (übersetzte EMBL-Nukleotideinträge)
 - Swiss-Prot (von Hand annotierte Protein-Datenbank)
- Sequenz-Cluster (UniRef) – repräsentative Sequenzen für Proteinfamilien
- Sequenz-Archiv (UniParc) – Historie der Proteinsequenzen
- Proteinsequenzen aus Metagenomprojekten (UniMES) (neu)

Universal Protein Resource (UniProt)

<http://www.uniprot.org>

UniProt besteht aus vier Datenbanken



Universal Protein Resource (UniProt)

<http://www.uniprot.org>

Beteiligte Institute und verfügbare Dienste

- European Bioinformatics Institute (EBI) mit
 - TrEMBL (Teildatenbank von UniProtKB)
- Swiss Institute of Bioinformatics (SIB) mit
 - Swiss-Prot (Teildatenbank von UniProtKB)
 - ExPASy Server (Expert Protein Analysis System)
- Georgetown University mit
 - PIR (Protein Information Resource)

UniProtKB-Suche

Achtung:
Die Syntax für die Suche ist anders als bei Entrez:

fieldname: "Suchbegriff"

Die Feldnamen rechts funktionieren nicht!

Wichtig sind:
gene: Gen-Name
name: Protein-Name
organism: Organismus

The screenshot shows the UniProt search interface. At the top, there is a 'Search in' dropdown menu set to 'Protein Knowledgebase (UniProtKB)'. Below this, there are two main search input areas: 'Query' and 'Field'. The 'Field' dropdown menu is open, showing a list of search fields including 'All', 'Protein name [DE]', 'Gene name [GN]', 'Protein family', 'Domain', 'Organism [OS]', 'Taxonomy [OC]', 'Virus host [OH]', 'Organelle [OG]', 'General annotation [CC]', 'Sequence annotation [FT]', 'Interacts with', 'Keyword [KW]', 'Subcellular Location', 'Gene Ontology (GO)', and 'Enzyme classification (EC)'. The 'All' option is currently selected. To the right of the 'Field' dropdown is a 'Term' input field. Below the search inputs are buttons for 'Search', 'Blast', and 'Add & Search'. A text box on the right side of the interface contains information about the UniProt database, stating it is to provide the scientific community with a quality and freely accessible resource of protein information. It also mentions that the UniProt knowledgebase consists of two sections: Swiss-Prot (manually annotated and reviewed) and TrEMBL (automatically annotated and not reviewed).

UniProtKB-Suche: Beispiel

UniProt > UniProtKB Downloads · Contact · Documentation/Help

Search in: Protein Knowledgebase (UniProtKB) Query: `gene:dtxr AND organism:"Corynebacterium jeikeium"` Search Clear Fields »

Search
Blast
Align
Retrieve
ID Mapping *

1 result for `gene:dtxr` AND `organism:"Corynebacterium jeikeium"` in UniProtKB

Reduce sequence redundancy to 100%, 90% or 50% | Customize display

Download...

Page 1 of 1

All	Accession	Entry name	Status	Protein names	Gene names	Organism	Length
<input type="checkbox"/>	Q4JV96	DTXR_CORJK	★	Diphtheria toxin repressor (Iron-dependent diphtheria toxin regulatory element) (Tox regulatory factor)	dtxR (jk1097)	Corynebacterium jeikeium (strain K411)	240

Page 1 of 1

UniProtKB-Suche: Beispiel

Datenbankeintrag Q4JV96

<http://www.uniprot.org/uniprot/Q4JV96>

- Names and Origin (Protein-, Gen-Name, Organismus)
- Protein attributes (Länge, Zustand der Sequenz, Existenz des Proteins)
- General annotation (Funktion, Ort, Ähnlichkeiten)
- Ontologies (kontrollierte Stichwörter, GO-Terme)
- Sequence annotation / Features (bekannte Proteinketten, Domänen)
- Sequences (Proteinsequenz, Zugriff auf Tools)
- References (Literaturangaben)
- Cross-references (Verweise auf andere Datenbanken)
- Entry information (Geschichte dieses Datenbank-Eintrags)

UniProtKB-Suche: Beispiel Q4JV96 - Cross References

Beispiele für in UniProt
verlinkte Datenbanken:

- RefSeq
- PDB – 3D-Proteinstrukturen
- PDBSum – graphische Übersicht über
in PDB enthaltene Strukturen
- SWISS-2DPAGE – Lage des Proteins
in 2D-Gelen
- KEGG – Reaktionswege (Pathways)
mit Beteiligung des Proteins
[Kyoto Encyclopedia
of Genes and Genomes]
- Pfam – Proteindomänen-Familien

Cross-references

Sequence databases

EMBL	CR931997 Genomic DNA. Translation: CAI37261.1 .
RefSeq	YP_250879.1 .

3D structure databases

ModBase	Search...
---------	---------------------------

Genome annotation databases

GeneID	3433720 .
GenomeReviews	Gene locus jk1097 in contig CR931997_GR .
KEGG	cjk:jk1097 .
NMPDR	figl306537.3.peg.1020 .

Organism-specific databases

CMR	Search...
-----	---------------------------

Phylogenomic databases

HOGENOM	Q4JV96 .
OMA	Q4JV96 . KVDHDEAC.

Enzyme and pathway databases

BioCyc	CJEI306537:JK1097-MON .
--------	---

Family and domain databases

InterPro	IPR001367 . HTH_DbxR. IPR011991 . Wing_hlx_DNA_bd. [Graphical view]
Gene3D	G3DSA:1.10.10.10 . Wing_hlx_DNA_bd. 1 hit.
Pfam	PF02742 . Fe_dep_repr_C. 1 hit. PF01325 . Fe_dep_repress. 1 hit.

UniProtKB-Suche: Beispiel Q4JV96 - Tools

Sequences

Sequence	Length	Mass (Da)	Tools
<input type="checkbox"/> Q4JV96-1 [UniParc]. Last modified August 2, 2005. Version 1. Checksum: 74319E88EC0B1A4C	240	26,964	Blast ProtParam Compute pI/MW ProtScale PeptideMass PeptideCutter
<pre> 10 20 30 40 50 MRDLVDTTEM YLRTIYELEĒ EGIPPLRARI AERLDQSGPT VSQTVARMER DEL 70 80 90 100 110 120 SLKLSAQGRĀ LATAVMRKHR LAERLLTDVI GLPWEKVHDE ACRWEHVMGD EVEVQLVKVL 130 140 150 160 170 180 SEYATSPFGN PIPGLDELMĒ GIPDSERAEL QOKIDNLQVV TSQRASDIEP PEPIQVKILS 190 200 210 220 230 240 INEIIQVEHK LMAKFHALGM RPGSVVDLVA TEDGLEFSND NGAMVVPEEL GHAVRVEKVN </pre>			
« Hide			

föhren zum
BLAST-Server
des NCBI
bzw. zum
ExPASy-Server
des SIB

References

ExPASy (Expert Protein Analysis System) - ProtParam

Zahlreiche Protein-Parameter

(Auswahl der gesamten Proteinkette (chain))

- Länge
- Molekulargewicht (Masse)
- Theoretischer pI (isoelektrischer Punkt)
- Aminosäureverteilung (mit Ladungsverteilung)
- Atomare Zusammensetzung, chemische Summenformel
- Extinktionskoeffizient
- Halbwertszeit (Proteindegradationsrate)
- Instabilitätsindex

...

ExPASy Hauptseite (<http://www.expasy.org/>) - Tools

Site Map

Search ExPASy

Contact us

Search for



ExPASy Proteomics Server

The ExPASy (Expert Protein Analysis System) proteomics server of the Swiss Institute of Bioinformatics (SIB) is dedicated to the analysis of protein sequences and structures as well as 2-D PAGE ([Disclaimer](#) / [References](#) / [Linking to ExPASy](#)).

[\[Databases\]](#) [\[Tools & Software\]](#) [\[Education & Services\]](#) [\[Links\]](#)
[\[Announcements\]](#) [\[Mirror Sites\]](#) [\[Job openings\]](#)

Databases

- [UniProt Knowledgebase \(Swiss-Prot and TrEMBL\)](#) - Protein knowledgebase
- [ViralZone](#) - Portal to viral UniProtKB/Swiss-Prot entries new
- [PROSITE](#) - Protein families and domains
- [SWISS-2DPAGE](#) - Two-dimensional polyacrylamide gel electrophoresis
- [World-2DPAGE Repository](#) - A public standards-compliant repository for gel-based proteomics data published in the literature
- [MIAPEGelDB](#) - A public repository for MIAPE Gel electrophoresis documents
- [ENZYME](#) - Enzyme nomenclature
- [UniPathway](#) - Metabolic pathways
- [SWISS-MODEL Repository](#) - Automatically generated protein models

Tools and software packages

- [Proteomics and sequence analysis tools](#)
 - Identification and characterization ([Aldente](#), [FindMod](#), [Popitam](#), [Phenyx](#), [pI/Mw](#), [ProtParam](#)...)
 - DNA -> Protein
 - Similarity searches ([BLAST](#)...)
 - Pattern and profile searches ([ScanProsite](#)...)
 - Post-translational modification and topology prediction
 - Primary structure analysis
 - Secondary and tertiary structure tools ([Swiss-PdbViewer](#)...)
 - Alignment and Phylogenetic analysis
- [Melanie / ImageMaster](#) - Software for 2-D PAGE analysis
- [MSight](#) - Mass Spectrometry Imager
- [Roche Applied Science's Biochemical Pathways](#)

Einzelne Tools in der Übung!

Proteindomänen und Proteinfamilien

Domänen

sind wiederkehrende modulare Bausteine von Proteinen.
Durch verschiedene Kombinationen von Domänen
entstehen Proteine mit unterschiedlichen Eigenschaften.
Ziel: alle existierenden Domänen katalogisieren, analysieren

Proteinfamilien

Eine Domäne oder eine bestimmte Kombination von Domänen
kann eine bestimmte Familie von Proteinen charakterisieren.

Datenbanken zu Domänen

Pfam:	http://pfam.sanger.ac.uk/	protein families
SMART:	http://smart.embl-heidelberg.de/	simple modular architecture research tool

Modellierung von Proteindomänen

Wie kann man eine Domäne beschreiben?

- Aminosäuresequenz (Konsensus + Variationsmöglichkeiten)
Sequenz angeben, evtl. mehrere Symbole pro Position
(nicht sehr nützlich wg. Variationen)
- multiples Alignment aus bekannten Beispiel-Sequenzen
Beispiel folgt
- statistisches Modell (Hidden-Markov Model, HMM)
Beispiel folgt

Beschreibung durch Multiples Alignment

Beispiel: Serpin-Domäne (Serin Protease Inhibitor)

```

THBG_RAT/38-415      QNATLYKMP SINADFAFRLYRK LSV . ENPDLNIFFPVSI SAALAMLSFGSGSSTQTQILEVLGFNLT DTPVKE . . . .
THBG_HUMAN/35-412   PNATLYKMSSINADFAFNLYRR FTV . ETPDKNIFFPVSI SAALVMLSFGACCSTQTEIVETLGFNLT DTPMVE . . . .
A1AT_RAT/37-409     QSPTYRKISSNLADFAFSLYRE LVH . QSNTSNIFFPVSI ITTAFAMLSLGSKGDTRKQILEGLEFNLTQIPEAD . . . .
A1AT2_MOUSE/37-410 QSPASHEIATNLGDFATSLYRE LVH . QSNTSNIFFPVSI IATAFAMLSLGSKGDHTHTQILEGLQFNLTQTSEAD . . . .
A1AT_BOVIN/41-413   QEAACHKIAPNLANFAFSIYHH LAH . QSNTSNIFFPVSI ASAFAMLSLGAKNTHTEILKGLGFNLT ELAEAE . . . .
A1AT_HUMAN/43-415   DHPFTFNKIPNLAEFASFYLRQ LAH . QSNTSNIFFPVSI IATAFAMLSLGTKADTHDEILEGLNFNLT EIPFAQ . . . .
A1AF_RABIT/38-410   DHPACHRIAPSLAEFALSRYRE VAH . ESNTTNIFFPVSI ALAFAMLSLGAKGDHTHTQVLEGLKFNLT ETAEAE . . . .
A1AF_CAVPO/28-400   AQQGPSQIIPRSLAHFAHSMYRV LTQ . QSNTSNIFFPVSI IATALAMVSLGAKGDHTHTQILWGLEFNLT EIAEAD . . . .
A1AT_DIDMA/36-407   EYSSTRRI SPYMTDFSIDFYRL LVS . KSNTTNIFFPVSI IYTAFTLLALGAKSATRDQILTLGRFNRT EISEEH . . . .
A1ATR_HUMAN/46-417 EDLACQKISYNVTDLAFDLYKSWLIY . . . HNHQVLVVPTPSVAMAFRMLSLGTKADTRTEILEGLNFNLT ETPEAK . . . .
AACT_HUMAN/45-420   VD . . . LGLASANVDFAFSLYKQ LVL . KAPDKNVVIFSPVLSI STALAFVSLGAHNNTLLEILKGLKFNLT ETSEAE . . . .
CPI6_RAT/42-417     LDS . . . LTLASINTDFAFSLYKK LAL . RNPDKNVVIFSPVLSI SAALAVVSLGAKGNSMEEILEGLKFNLT ETPETE . . . .
SPA3C_MOUSE/42-414 LDS . . . LTLASINTDFAFSLYKK LAL . KNPDTNIVFSPVLSI SAALAVVSLGAKGNTLEEILEGLNFNLT ETPEAD . . . .
SPA3K_MOUSE/43-417 DDS . . . LTLASVNTDFAFSLYKK LAL . KNPDTNIVFSPVLSI SAALAVVSLGAKGKTMEEILEGLKFNLT ETPPAD . . . .
CPI1_RAT/40-415     LHS . . . LTLASINTDFATSLYKK LAL . RNPDKNVVIFSPVLSI SAALAILSLGAKDSTMEEILEVLKFNLT EITEEE . . . .
IPSP_HUMAN/34-406   LHV GATVAPSSRRDFTFDLYRA LAS . AAPSQNIFFPVSI SMALAMLSLGA GSSTKMQILEGLGLNLQKSSEKE . . . .
CBG_MOUSE/27-396    DSSSHRDLAPTNDVDFAFNLYKR LVA . LNSDKNTLISPVSI SMALAMLSLSTRG ST . QYLENLGFNMSKMSEAE . . . .
CBG_RAT/27-395      SSNSHRGLAPTNDVDFAFNLYQR LVA . LNPDKNTLISPVSI SMALAMVSLGS . . . AQTQSLSLGFNLT ETSEAE . . . .
CBG_HUMAN/32-404    MSNHHRGLASANVDFAFSLYKH LVA . LSPKKNIFISPVSI SMALAMLSLGTGCHTRAQLLQGLGFNLT ERSETE . . . .
CBG_RABIT/10-382    TRSPPRGLAPANVDFAFSLYRQ LVS . SAPDRNICISPVSVSMALAMLSLGA SGHTRTQILQGLGFNLT EMPEAE . . . .
EP45_XENLA/61-432   LTKEEKILSEENSDFSVNLFNQL STESKRSPRKNIFFPVSI SAAFYMLALGAKSETHQIILKGLSFNKKKLSSEQ . . . .
HEP2_HUMAN/119-496 GKSRIQRINILNAKFAFNLYRV LKDQ . VNTFDNIFIAIPVGI STAMGMISLGLKGETHEQVHSILHFKDFVNASSKYEIT . . . .
OVALY_CHICK/1-388   MDS . . . ISVTNAKFCFDVENE MKV . HHVNEINILYCPVLSI LTALAMVYLGARGNTESQMKKVLHFD SITGAGSTTDSQ . . . .
OVAL_CHICK/2-386    GS . . . . IGAASMEFCFDVFEK LKV . HHANENIFYCPIAIMSALAMVYLGAKDSTRTQINKVVRFDKLPFGFGDSIEAQ . . . .
SPB6_HUMAN/1-376    MDV . . . LAEANGTFAINLLKT LG . . . KDNSKNVFFSPVSMSCALAMVYMGAKGNTAAQMAQIILSFNKS GGGGD . . . .
ILEU_HORSE/1-379    MEQ . . . LSTANTHFAVDLFRA LNE . SDPTGNIFISPLISSALAMIFLGTGRGNTAAQVSKALYFDTVED . . . .
SPB5_HUMAN/1-375    MDA . . . IQLANSFAVDLFKQ LCE . KEPLGNVLFSPICLSTSLSLAQVGA GDTANEIGQVILHFENVKD . . . .
ANT3_HUMAN/76-461   TNRRVWELSKANSRFAATFYQH LADS . KNDNDNIFLSPVLSI STAFAMTKLGA CNDTLQQLMEVFKFDTISEKTS DQ . . . .
SERPH_CHICK/23-396 LSDKATTLADRSTTLAFNLYHA MAK . DKNMENILISPVVWASSLGLVSLGGKATTASQAKAVLSADKLNDY . . . .
PRTZ_HORVU/6-395    ATDVRLSIAHQ . TRFALRLRSA ISSNPERAA GNVAFSPVLSLHVALLITAGA . AATRDQLVA IILG GAGDAKELNA . . . .
P311_BOVIN/27-482   P311 . . . . TDEKVIKQ . . . . LKYNVHIFSPVLSI LAMVYLGARGNTESQMKKVLHFD SITGAGSTTDSQ . . . .

```

Beschreibung durch HMM

Hidden Markov Model (HMM)

Stochastisches generatives Modell:

- wird aus gegebenen Beispiel-Sequenzen (Alignment) erstellt
- kann weitere ähnliche Sequenzen generieren
- kann benutzt werden, um zu prüfen, ob eine neue Sequenz zum Modell passt
(Berechne Wahrscheinlichkeit, dass HMM diese Sequenz generiert)

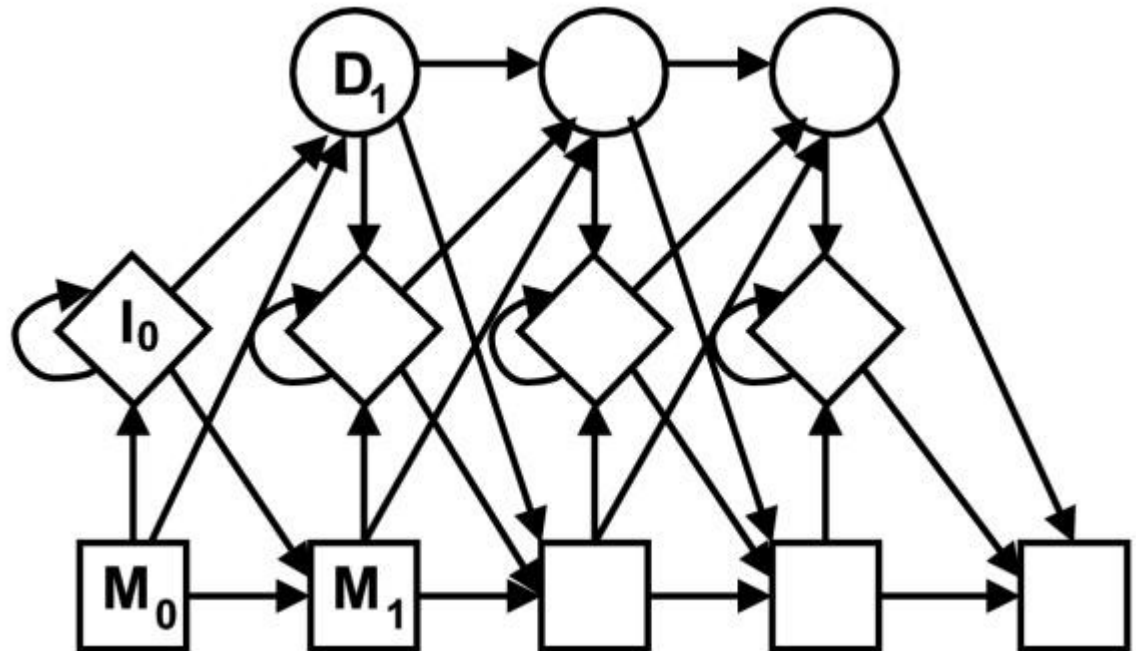
Modellparameter

Für jede Position wird angegeben:

- Wahrscheinlichkeit, Position auszulassen
- Aminosäure-Verteilung (Wahrscheinlichkeiten)
- Wahrscheinlichkeit, dahinter zusätzliche AS einzufügen
- Aminosäure-Verteilung der eingefügten AS

HMM (Profil-HMM)

Visuelle Vorstellung nach
Durbin, Eddy, Krogh,
Mitchison:
Biological Sequence Analysis
Cambridge University Press



Modellparameter

Für jede Position wird angegeben:

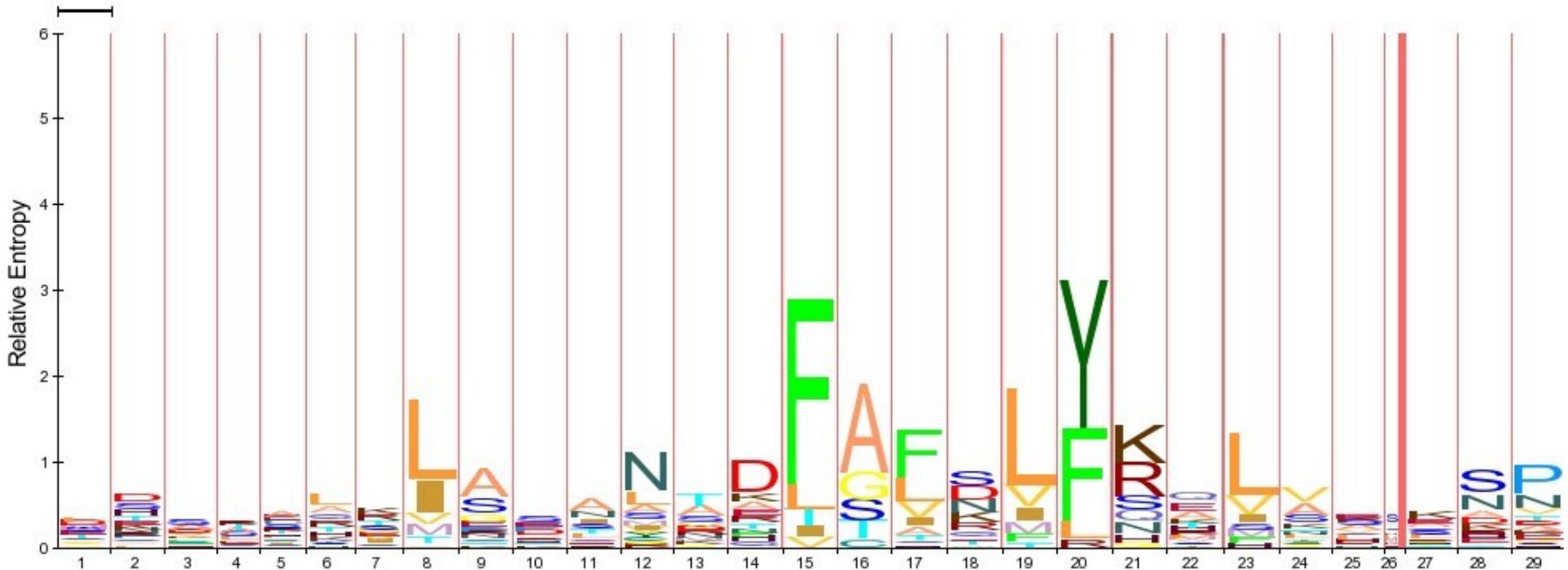
- Wahrscheinlichkeit, Position auszulassen („deletion“ - D)
- Aminosäure-Verteilung (Wahrscheinlichkeiten in M_0, M_1, \dots)
- Wahrscheinlichkeit, dahinter zusätzliche AS einzufügen („insertion“ - I)
- Aminosäure-Verteilung der eingefügten AS (Wahrscheinlichkeiten in I_0, \dots)

Visualisierung durch HMM-Logos

Höhe der Türme: Grad der Konserviertheit

Breite der Türme: Wahrscheinlichkeit, nicht ausgelassen zu werden

Breite der roten Balken: Insertionswahrscheinlichkeit zwischen zwei Positionen



If you use HMM-Logos in your publication, please cite

"Schuster-Boeckler B, Schultz J, Rahmann S: HMM Logos for visualization of protein families. BMC Bioinformatics 2004, 5:7"

The paper is "open access": <http://www.biomedcentral.com/1471-2105/5/7>

Spezielle Protein-Datenbanken

Molecular Class-Specific Information System (MCSIS) project



Available MCSIS

- **The GPCRDB:** a Molecular-Specific Information System for G Protein-Coupled Receptors (created in 1994)
 - [The GPCRDB](#) at the CMBI, the Netherlands
- **The NucleaRDB:** a Molecular-Specific Information System for Nuclear Receptors (created in April 2000)
 - [The NucleaRDB](#) at the CMBI, the Netherlands
 - Mirror site at UCSF, USA (no longer available)
- **The PrionDB:** a Molecular-Specific Information System for Prion proteins (created July, 21 2003)
 - [The PrionDB](#) at the CMBI, the Netherlands
 - Mirror site at UCSF, USA (no longer available)
- **The KChannelDB:** a Molecular-Specific Information System for potassium channels (created July, 25 2003)
 - [The KChannelDB](#) at the CMBI, the Netherlands
 - Mirror site at UCSF, USA (no longer available)
- **The GPCRIPDB:** a Molecular-Specific Information System for GPCR Interacting Partners (G proteins & GPCRs)
 - [The GPCRIPDB](#) at the CMBI, the Netherlands

jeweils auf eine Proteinfamilie zugeschnittene Datenbanken, enthalten viel Expertenwissen, meist von Hand gepflegt:

wenige Einträge, aber qualitativ hochwertig

<http://www.gpcrdb.org>

Zusammenfassung

Protein-Sequenzdatenbanken

- UniProt (<http://www.uniprot.org>)
- Zugriff auf Analyse-Werkzeuge
- Links zu anderen Datenbanken (z.B. Gene, Strukturen)

Protein-Sequenzanalyse

- ExPASy (Expert Protein Analysis System), via UniProt
- Vielzahl von nützlichen Werkzeugen

Modellierung von Proteinen / Domänen

- Hidden Markov Modelle (HMMs)

Ausblick

Ähnlichkeit, Alignments, Homologie

- Sequenzähnlichkeit
- Alignment von homologen Sequenzen
- Homologiesuche: BLAST; Statistik dazu
- BLAST-Statistik
- Multiple Alignments (Clustal)
- Alignment – Algorithmen und Komplexität

Proteinstruktur

- Sekundärstruktur
- Tertiärstruktur (3D)
- Quartärstruktur