Dicas para realizar projeto “anotação”

João Carlos Setubal

2019

disciplina QBQ2507-IBI5035

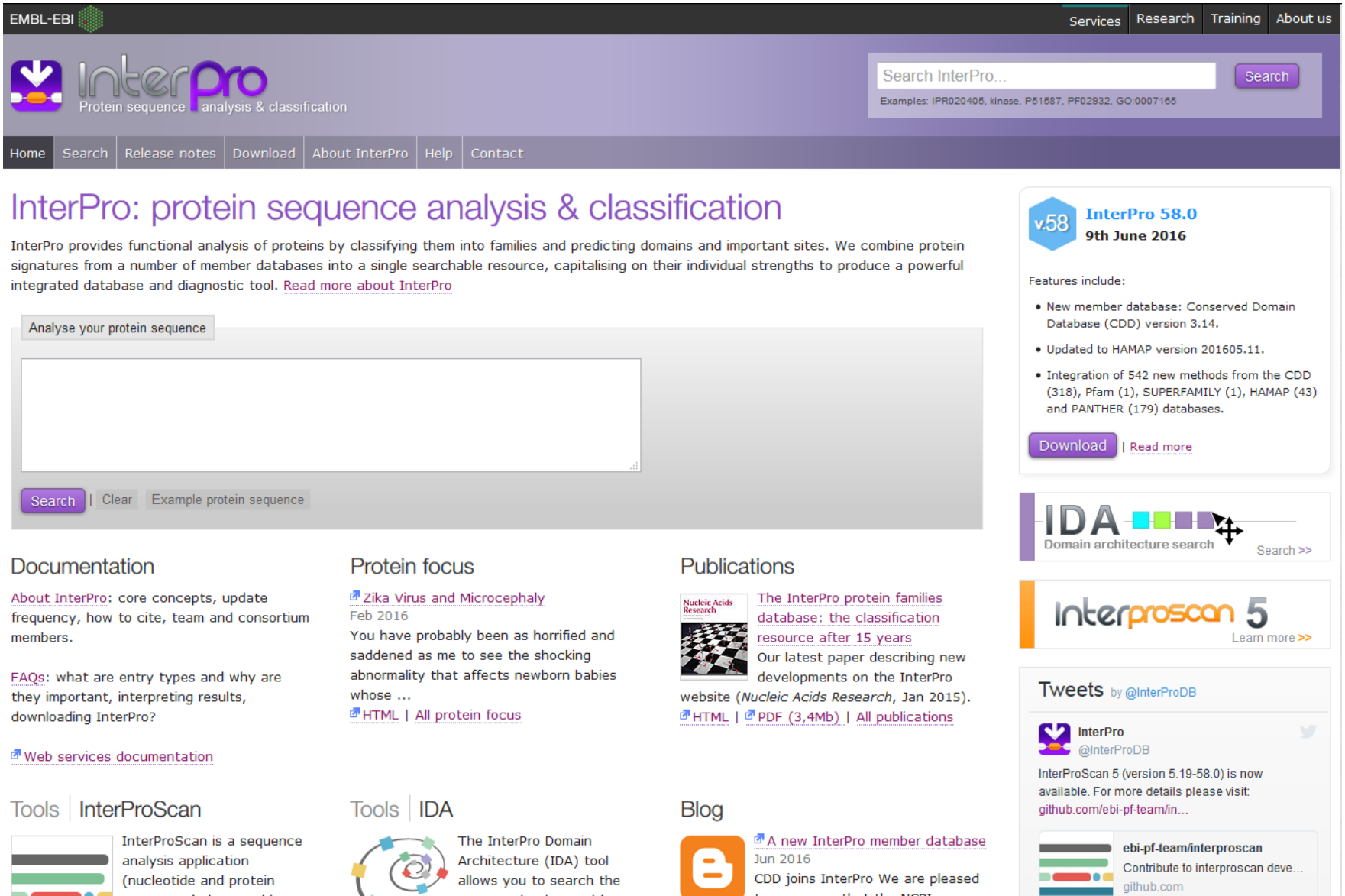
Sugestões de processamento: contigs

- BLAST (NCBI)
  - blastn, blastx

Sugestões de processamento: ORFs

- Identificação de ORFs nos contigs
  - ORFfinder do NCBI
  - http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gorf/gorf.html
- Analise tantas ORFs quanto necessário para chegar a uma conclusão robusta
  - use tamanho mínimo de 300 bp
  - Fazer blastp (NCBI)
  - Interproscan (para predizer função)

https://www.ebi.ac.uk/interpro/



Artemis

- browser de genomas (ou de contigs) que pode ser rodado localmente
- http://www.sanger.ac.uk/science/tools/artemis
- Tutorial disponibilizado na página da disciplina

Critérios de identificação de organismos com base em BLAST

- Se a comparação foi de nucleotídeos
  - Para espécie, no mínimo 97% de identidade e no mínimo 100 nt de alinhamento
  - Entre 90 e 96% pode-se fazer uma associação com o gênero (“parente”)
  - Abaixo de 90% não é possível fazer afirmações categóricas; mas é possível especular
- Se a comparação foi de aminoácidos
  - *Em geral não é possível se inferir o organismo correspondente, mas é possível especular*

Espero ver informações sobre os micro-organismos identificados

- Pesquisar a literatura sobre organismos positivamente identificados (mas também os parentes) e apresentar os resultados dessa pesquisa no relatório (com referências)
- Há alguma coerência entre as diversas identificações dos diferentes contigs?

ORFs podem dar dicas adicionais

- Há uma coerência entre bons hits de blastp e bons hits de blastn?
- Há funções identificadas (dos produtos dos genes) que são coerentes com o ambiente da sua hipótese?

Apresente suas evidências!

- Exemplos
  - Mostre os alinhamentos obtidos que ajudaram vc a chegar em sua conclusão
  - Indique
    - % de identidade
    - E-value