

LOSCHMIDT  
LABORATORIES



## Mnohonásobné sekvenční příložení



EVROPSKÁ UNIE



MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ,  
MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY



OP Vzdělávání  
pro konkurenceschopnost



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

- ❑ Mnohonásobné sekvenční příložení
- ❑ Konsenzuální sekvence
- ❑ Konstrukce příložení
- ❑ Manuální konstrukce příložení
- ❑ Automatická konstrukce příložení
- ❑ Využití mnohonásobného sekvenčního příložení
- ❑ PSI-BLAST
- ❑ Databáze mnohonásobného sekvenčního příložení

# Mnohonásobné sekvenční příložení

Mnohonásobné sekvenční příložení je **2D tabulka**, ve které řádky představují jednotlivé **sekvence** a sloupce představují **pozice** aminokyselinových zbytků.

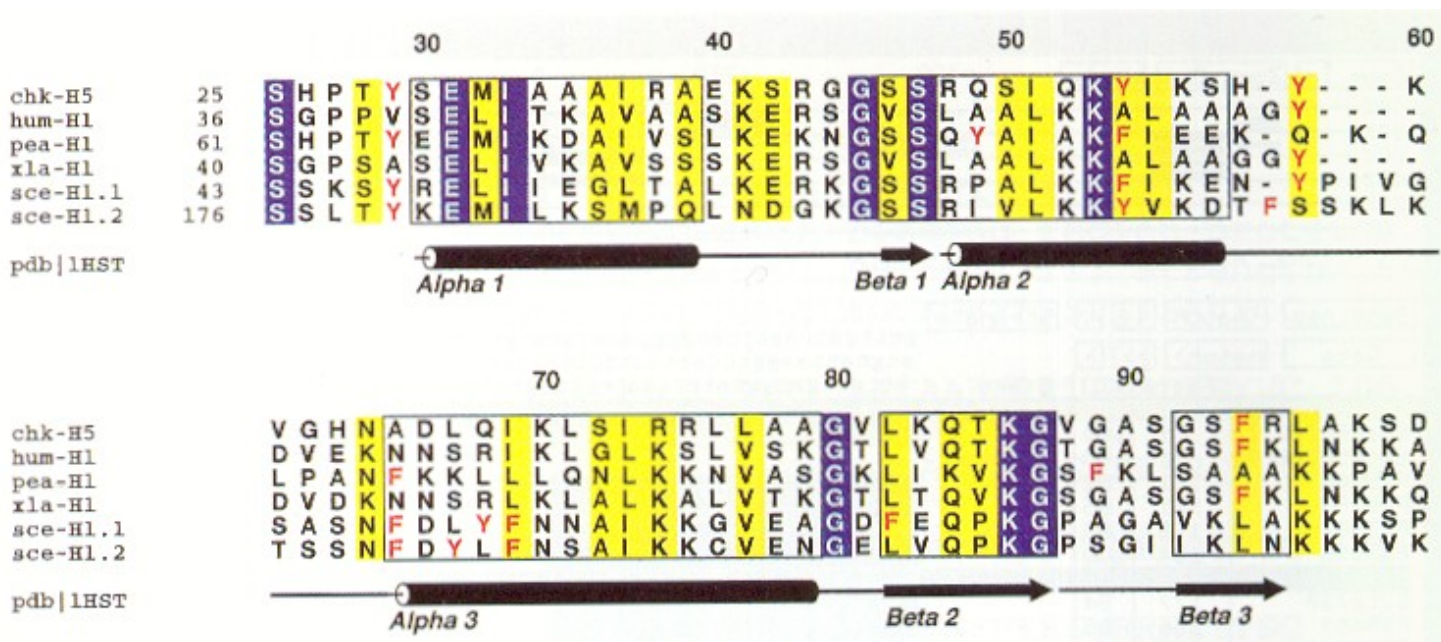
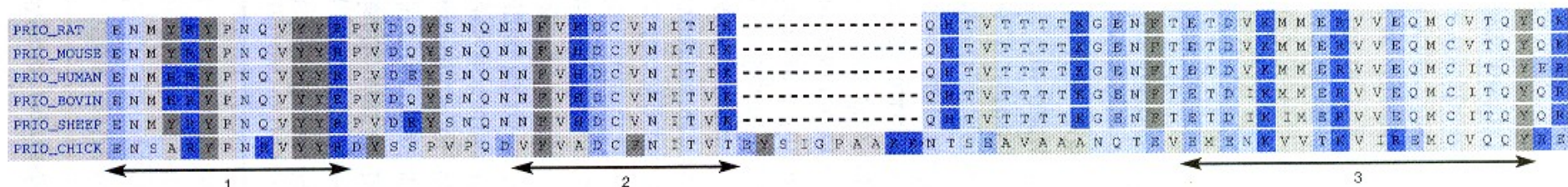


# Mnohonásobné sekvenční příložen

Mnohonásobné sekvenční příložen je **2D tabulka**, ve které řádky představují jednotlivé **sekvence** a sloupce představují **pozice** aminokyselinových zbytků.

- ❑ Informativnější než párové příložen
- ❑ Vhodné pro analýzu genových rodin
- ❑ Vhodné pro identifikaci důležitých zbytků
- ❑ Barevně kódované podle vlastností

# Mnohonásobné sekvenční příložení



# Konsenzuální sekvence

- **Jediná sekvence** reprezentující mnohonásobné přiložení

	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>6</b>	<b>7</b>	<b>8</b>	<b>9</b>	<b>10</b>
<b>I</b>	Y	D	G	G	A	V	–	E	A	L
<b>II</b>	Y	D	G	G	–	–	–	E	A	L
<b>III</b>	F	E	G	G	I	L	V	E	A	L
<b>IV</b>	F	D	–	G	I	L	V	Q	A	V
<b>V</b>	Y	E	G	G	A	V	V	Q	A	L

# Konsenzuální sekvence

- **Jediná sekvence** reprezentující mnohonásobné přiložení
  - Ukazuje četnost výskytu aminokyselinových zbytků v každé pozici

	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>6</b>	<b>7</b>	<b>8</b>	<b>9</b>	<b>10</b>
<b>I</b>	Y	D	G	G	A	V	–	E	A	L
<b>II</b>	Y	D	G	G	–	–	–	E	A	L
<b>III</b>	F	E	G	G	I	L	V	E	A	L
<b>IV</b>	F	D	–	G	I	L	V	Q	A	V
<b>V</b>	Y	E	G	G	A	V	V	Q	A	L
	y	d	G	G	A/I	V/L	V	e	A	l

- Hledání korespondence mezi aminokyselinovými zbytky

**GVLIQVG**

**GVLIRQSG**

**GVPIRQSG**



# Konstrukce příložení

- Hledání korespondence mezi aminokyselinovými zbytky

**GVLI-QVG**

| | | | | | |

**GVLIRQSG**

| | | | | | |

**GVPIRQSG**

# Konstrukce příložení

- Hledání korespondence mezi aminokyselinovými zbytky

G**V**L**I**-Q**V**G

| | | | | |

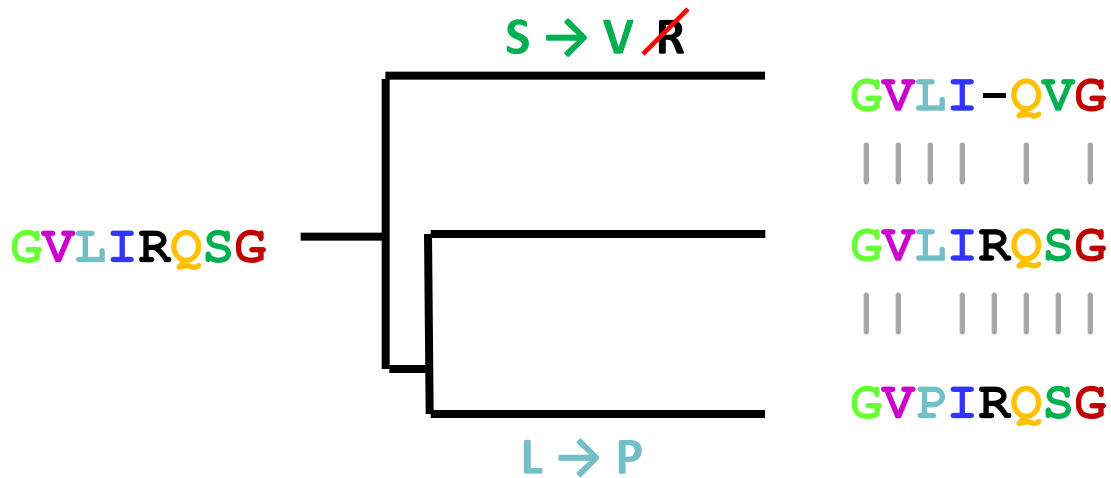
G**V**L**I**R**Q**S**G**

| | | | | |

G**V**P**I**R**Q**S**G**

# Konstrukce příložení

- Hledání korespondence mezi aminokyselinovými zbytky



# Konstrukce příložení



- ❑ Manuální
- ❑ Automatická
  - ❑ ClustalW
    - Nejznámější a nejpoužívanější
  - ❑ MUSCLE
    - Přesné a velmi rychlé
  - ❑ Toffee
    - Velmi přesné a pomalé

# Manuální konstrukce příložen

## □ BioEdit

- Editor sekvenčních příložen
- Manuální i automatická konstrukce příložen
- Analýza sekvencí
- Příprava sekvencí



# Automatická konstrukce příložení

A \_\_\_\_\_  
B \_\_\_\_\_  
C \_\_\_\_\_  
D \_\_\_\_\_  
E \_\_\_\_\_

vstupní sekvence



# Automatická konstrukce příložení

A \_\_\_\_\_  
B \_\_\_\_\_  
C \_\_\_\_\_  
D \_\_\_\_\_  
E \_\_\_\_\_

vstupní sekvence

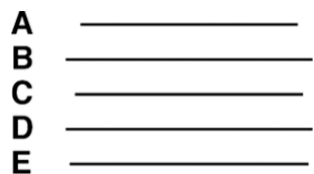


	A	B	C	D	E
A	-				
B	11	-			
C	20	30	-		
D	27	36	9	-	
E	30	33	20	27	-

distanční matice



# Automatická konstrukce příložení

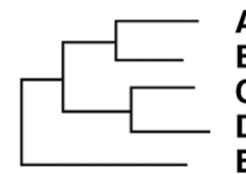


vstupní sekvence



	A	B	C	D	E
A	-				
B	11	-			
C	20	30	-		
D	27	36	9	-	
E	30	33	20	27	-

distanční matice

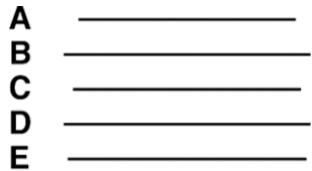


evoluční strom





# Automatická konstrukce příložení

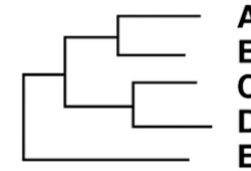


vstupní sekvence

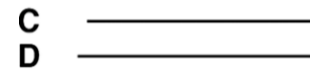


	A	B	C	D	E
A	-				
B	11	-			
C	20	30	-		
D	27	36	9	-	
E	30	33	20	27	-

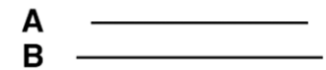
distanční matice



evoluční strom

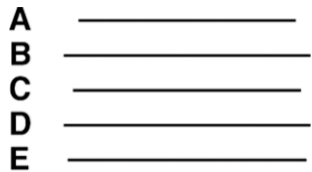


párové příložení  
C a D



párové příložení  
A a B

# Automatická konstrukce příložení

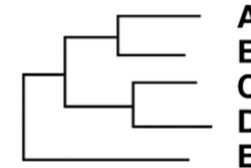


vstupní sekvence

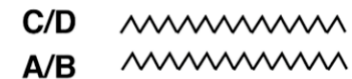
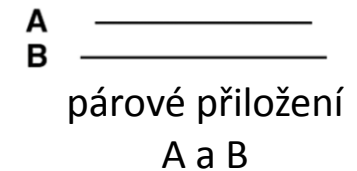
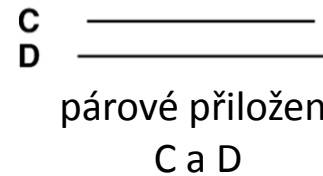


	A	B	C	D	E
A	-				
B	11	-			
C	20	30	-		
D	27	36	9	-	
E	30	33	20	27	-

distanční matice

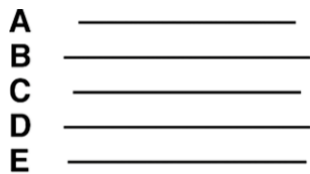


evoluční strom



párové příložení  
konsenzu C/D a A/B

# Automatická konstrukce příložení

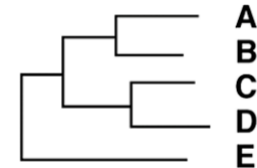


vstupní sekvence

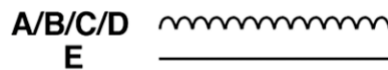
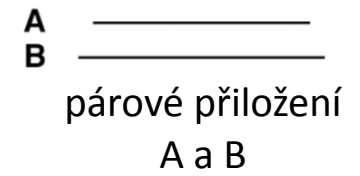
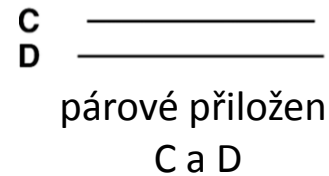


	A	B	C	D	E
A	-				
B	11	-			
C	20	30	-		
D	27	36	9	-	
E	30	33	20	27	-

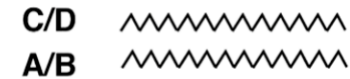
distanční matice



evoluční strom

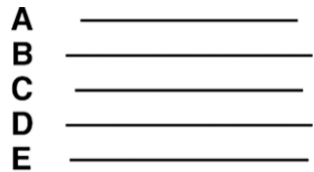


párové příložení E  
s konsenzem A/B/C/D



párové příložení  
konsenzu C/D a A/B

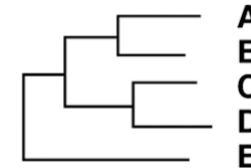
# Automatická konstrukce příložení



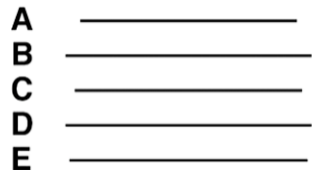
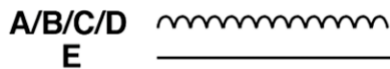
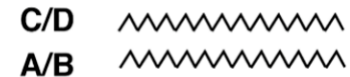
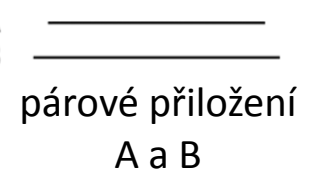
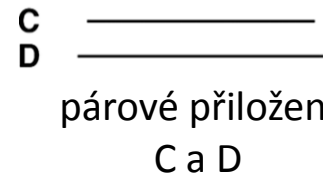
vstupní sekvence

	A	B	C	D	E
A	-				
B	11	-			
C	20	30	-		
D	27	36	9	-	
E	30	33	20	27	-

distanční matice



evoluční strom



finální příložení

# Využití mnohonásobného přiložení

- ❑ Konstrukce kvalitního párového přiložení sekvencí
- ❑ Identifikace konzervovaných zbytků
- ❑ Identifikace zajímavých sekvencí
- ❑ Rekonstrukce fylogenetických stromů
- ❑ Citlivé prohledání prohledání sekvenčních databází

# Využití mnohonásobného přiložení

- Konstrukce kvalitního párového přiložení sekvencí

1	LEAL	-L	DSL	D	VKQ	--	NI	TL	V	H	D	W	GG	M	I	G	M	G	F	A	A	R	H	P	E	R	I	K	R	I	V	C	L						
2	LEAL	-L	EH	V	E	V	R	E	--	NI	TL	V	L	H	D	W	GG	M	I	G	M	G	F	A	A	R	H	P	E	R	I	K	R	L	V	L	L		
3	LEAL	-L	DSL	N	V	K	E	--	NI	TL	V	V	H	D	W	GG	M	I	G	M	G	Y	A	A	R	H	P	E	R	I	K	R	L	V	I	L			
4	LEAL	-L	EH	L	E	V	R	E	--	NI	TL	V	V	H	D	W	GG	M	I	G	M	G	Y	A	A	R	H	P	D	R	I	K	R	L	V	I	L		
5	LEAL	-L	EH	L	D	V	K	E	--	NI	TL	V	V	H	D	W	GG	M	I	G	M	G	Y	A	A	R	H	P	E	R	I	K	R	L	V	I	L		
6	LEAL	-L	DH	L	E	V	K	E	--	KI	TL	I	V	H	D	W	GG	M	I	G	M	G	Y	A	A	R	H	P	E	R	I	K	K	I	V	V	L		
7	LEAL	-L	AS	L	N	V	T	E	--	KV	TL	V	V	H	D	W	GG	M	I	G	M	G	W	A	T	K	Y	P	D	A	I	E	R	L	V	I	L		
8	LERL	-L	DH	L	A	I	R	D	--	NI	TL	V	V	H	D	W	GG	M	I	G	M	A	Y	A	V	A	H	P	R	A	I	R	R	L	V	V	M		
9	LETL	-L	DH	L	Q	I	K	E	--	NI	TL	V	V	H	D	W	GG	M	I	G	M	A	Y	A	T	R	Y	P	E	R	I	K	R	C	V	V	L		
10	LDTL	-L	RH	L	G	I	T	G	--	PV	TL	A	V	H	D	W	GG	M	I	G	F	G	W	A	L	S	H	H	A	Q	V	K	R	L	V	I	T		
11	LDAL	-L	RH	V	G	I	D	D	V	T	P	L	T	L	A	V	H	D	W	GG	M	I	G	F	G	W	A	L	A	H	V	Q	V	R	R	L	V	M	T
12	LESL	-L	TW	L	D	V	G	--	--	PV	D	L	V	V	H	D	W	GG	A	I	G	M	G	W	A	V	R	H	P	D	L	V	R	R	I	V	V	L	
13	LFQL	-L	EH	L	Q	I	E	--	--	KY	S	L	V	V	H	D	W	GG	A	I	G	V	G	C	A	A	F	A	P	E	R	V	E	K	L	V	V	L	
14	LIRL	-V	DE	L	D	L	K	--	--	NV	I	L	I	A	H	D	W	GG	A	I	G	L	S	A	M	H	A	R	R	D	R	L	A	G	I	G	L	L	
15	LERF	-V	LA	H	D	L	D	--	--	RI	T	L	V	M	H	D	F	G	G	P	V	G	M	G	L	A	A	R	H	P	D	R	I	R	R	I	V	S	A

# Využití mnohonásobného přiložení

- Konstrukce kvalitního párového přiložení sekvencí

```
|9      LETL-LDHLQIKE--NITLVVHDWGGMIGMAYATRYPERIKRCVVL|  
|10     LDTL-LRHLGITG--PVTLAVHDWGGMIGFGWALSHHAQVKRLVIT|
```

# Využití mnohonásobného příložení

- Identifikace konzervovaných aminokyselinových zbytků

1	H	D	W	G	G
2	H	D	W	G	G
3	H	D	W	G	G
4	H	D	W	G	G
5	H	D	W	G	G
6	H	D	W	G	G
7	H	D	W	G	G
8	H	D	W	G	G
9	H	D	W	G	G
10	H	D	W	G	G
11	H	D	W	G	G
12	H	D	W	G	G
13	H	D	W	G	G
14	H	D	W	G	G
15	H	D	W	E	G



# Využití mnohonásobného přiložení

- Identifikace konzervovaných aminokyselinových zbytků
  - Sloupce s **identickými** zbytky ve všech sekvencích
  - Konzervované zbytky jsou **důležité** pro **strukturu** nebo **funkci**

```
6  
7  
8  
9  
10  
11  
12  
13  
14  
15
```

```
HDWGG  
HDWGG  
HDWGG  
HDWGG  
HDWGG  
HDWGG  
HDWGG  
HDWGG  
HDWGG  
HDEGG
```



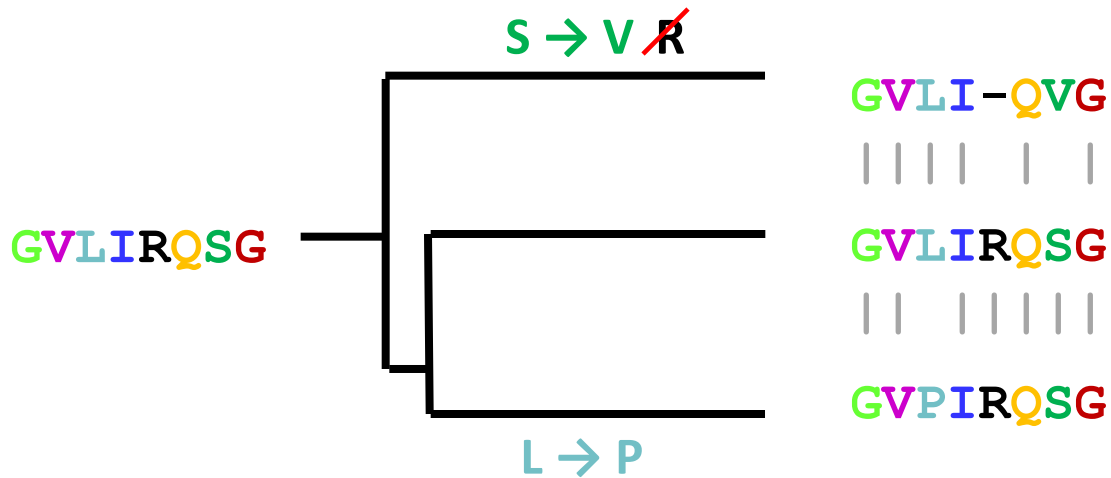
# Využití mnohonásobného přiložení

- Identifikace zajímavých sekvencí

```
Jansp- GVD PDK-----LKLPPPLLMMAKRLGFFERQVMTM-ATATK
uncbac PDV P QEVIDEIKAFRASNKKINFFTMAKNISKMDKSKHFATKFMYWQKFSWESKNMPIGFLNSM-QMEDK
Erylit  GES PGP-----GFEAWKAENRSQPNMDVAGLFKR-GTPD-
```

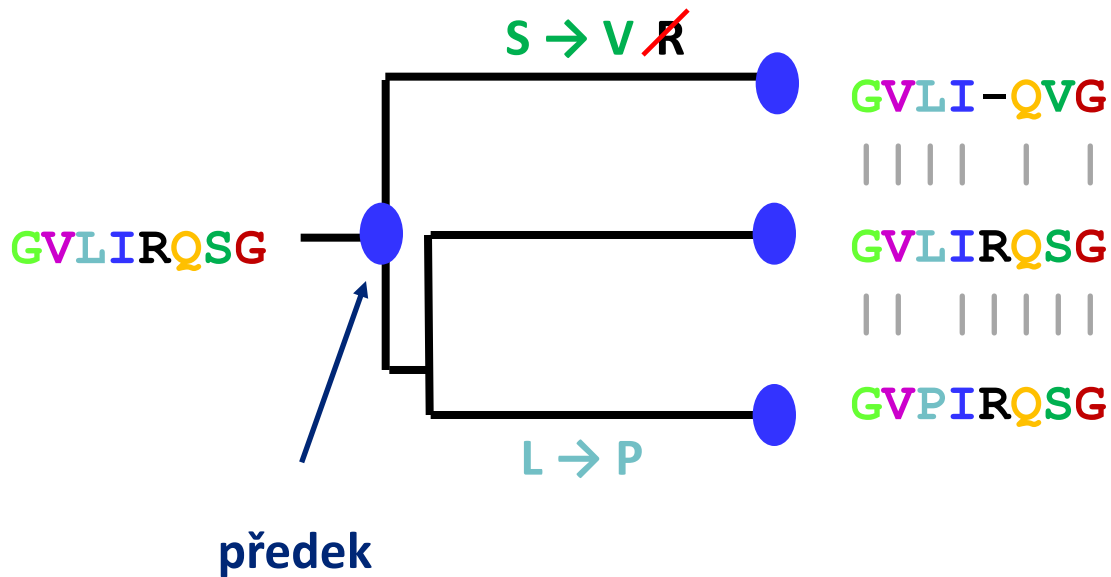
# Využití mnohonásobného přiložení

- Rekonstrukce fylogenetických stromů



# Využití mnohonásobného přiložení

- Rekonstrukce fylogenetických stromů
  - Předpověď - již neexistujících - sekvencí předků



# Využití mnohonásobného přiložení

## □ Citlivé prohledání sekvenčních databází

```
Sequences producing significant alignments:
```

			Score (Bits)	E Value	
✓	sp P59336 DHAA_RH0SD	Haloalkane dehalogenase >pdb1EN6 A Chai...	429	1e-118	
✓	sp POA3G2 DHAA_RHORH	Haloalkane dehalogenase >sp POA3G3 DHAA...	424	3e-117	
✓	pd 1CQW A	Chain A, Nai Cocrystallised With Haloalkane Dehalo...	424	4e-117	S
✓	sp Q9Z0R0 DHAA_MYCSX	Haloalkane dehalogenase >emb CAA10076.1 ...	422	1e-116	
✓	gb AAV70825.1	HT2 [Expression vector pHT2]	415	1e-114	
✓	ref YP_001675030.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella hal...	320	8e-86	
✓	ref YP_734675.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella sp. MR...	318	3e-85	
✓	ref YP_001473250.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella sed...	317	6e-85	
✓	ref ZP_01736514.1	alpha/beta hydrolase [Marinobacter sp. ELB...	317	6e-85	
✓	ref YP_738656.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella sp. MR...	316	9e-85	
✓	ref YP_001502590.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella pea...	316	9e-85	
✓	ref INP_717353.1	hydrolase, alpha/beta hydrolase fold family ...	315	2e-84	
✓	ref YP_750057.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella frigid...	315	2e-84	
✓	ref YP_268879.1	hydrolase, alpha/beta hydrolase fold family ...	315	2e-84	
✓	ref YP_001761524.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella woo...	315	3e-84	
✓	ref ZP_01841154.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella balt...	315	3e-84	
✓	ref YP_870347.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella sp. AM...	314	4e-84	
✓	ref YP_129676.1	putative haloalkane dehalogenase [Photobacte...	314	7e-84	
✓	ref ZP_01221858.1	putative haloalkane dehalogenase [Photobac...	313	8e-84	
✓	ref YP_001365757.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella bal...	313	9e-84	
✓	ref YP_562379.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella denitr...	313	9e-84	
✓	ref ZP_01897865.1	putative haloalkane dehalogenase [Moritell...	313	1e-83	
✓	ref YP_001049934.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella bal...	313	1e-83	
✓	ref YP_943362.1	alpha/beta hydrolase fold [Psychromonas ingr...	313	1e-83	
✓	ref YP_001182970.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella put...	312	2e-83	
✓	ref YP_001554014.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella bal...	312	2e-83	
✓	ref ZP_01706252.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella putr...	310	7e-83	
✓	ref YP_964030.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella sp. W3...	310	9e-83	
✓	ref YP_510562.1	haloalkane dehalogenase [Jannaschia sp. CCS1...	308	3e-82	
✓	ref ZP_01216824.1	hydrolase, alpha/beta hydrolase fold famil...	307	8e-82	
✓	ref YP_001093840.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella loi...	306	1e-81	
✓	ref INP_106032.1	haloalkane dehalogenase [Mesorhizobium loti ...	303	8e-81	
✓	gb AAT70109.1	CurM [Lyngbya majuscula]	303	8e-81	
✓	ref ZP_01055470.1	haloalkane dehalogenase [Roseobacter sp. M...	303	1e-80	
✓	ref ZP_01617455.1	haloalkane dehalogenase [marine gamma prot...	302	2e-80	
✓	ref ZP_01592200.1	alpha/beta hydrolase fold [Geobacter lovle...	300	7e-80	
✓	ref ZP_01911259.1	alpha/beta hydrolase [Plesiocystis pacific...	300	9e-80	
✓	ref YP_001230772.1	alpha/beta hvdrolase fold fGeobacter uran...	300	9e-80	

# Využití mnohonásobného přiložení

## □ Citlivé prohledání sekvenčních databází

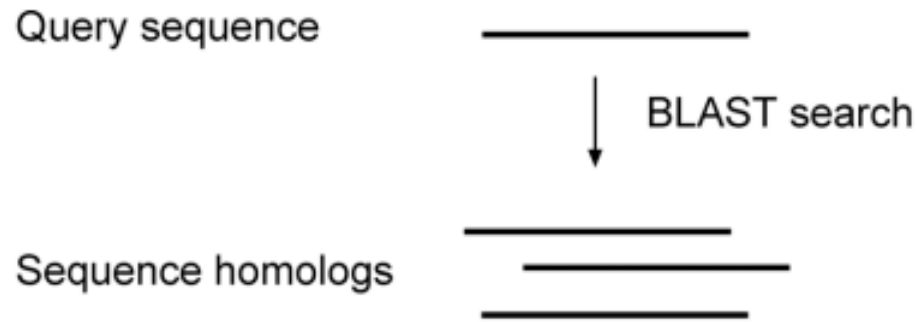
- PSI-BLAST – detekce slabých **biologicky významných** podobností

```
quences producing significant alignments:
```

			Score (Bits)	E Value	
✓	sp P59336 DHAA_RH0SD	Haloalkane dehalogenase >pdb1BN6 A Chai...	429	1e-118	
✓	sp POA3G2 DHAA_RHORH	Haloalkane dehalogenase >sp POA3G3 DHAA...	424	3e-117	
✓	pd 1CQW A	Chain A, Nai Cocrystallised With Haloalkane Dehalo...	424	4e-117	S
✓	sp Q9ZERO DHAA_MYCSX	Haloalkane dehalogenase >emb CAA10076.1 ...	422	1e-116	
✓	gb AAV70825.1	HT2 [Expression vector pHT2]	415	1e-114	
✓	ref YP_001675030.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella hal...	320	8e-86	G
✓	ref YP_734675.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella sp. MR...	318	3e-85	G
✓	ref YP_001473250.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella sed...	317	6e-85	G
✓	ref ZP_01736514.1	alpha/beta hydrolase [Marinobacter sp. ELB...	317	6e-85	G
✓	ref YP_738656.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella sp. MR...	316	9e-85	G
✓	ref YP_001502590.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella pea...	316	9e-85	G
✓	ref NP_717353.1	hydrolase, alpha/beta hydrolase fold family ...	315	2e-84	G
✓	ref YP_750057.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella frigid...	315	2e-84	G
✓	ref YP_268879.1	hydrolase, alpha/beta hydrolase fold family ...	315	2e-84	G
✓	ref YP_001761524.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella woo...	315	3e-84	G
✓	ref ZP_01841154.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella balt...	315	3e-84	G
✓	ref YP_870347.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella sp. AM...	314	4e-84	G
✓	ref YP_129676.1	putative haloalkane dehalogenase [Photobacte...	314	7e-84	G
✓	ref ZP_01221858.1	putative haloalkane dehalogenase [Photobac...	313	8e-84	G
✓	ref YP_001365757.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella bal...	313	9e-84	G
✓	ref YP_562379.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella denitr...	313	9e-84	G
✓	ref ZP_01897865.1	putative haloalkane dehalogenase [Moritell...	313	1e-83	G
✓	ref YP_001049934.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella bal...	313	1e-83	G
✓	ref YP_943362.1	alpha/beta hydrolase fold [Psychromonas ingr...	313	1e-83	G
✓	ref YP_001182970.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella put...	312	2e-83	G
✓	ref YP_001554014.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella bal...	312	2e-83	G
✓	ref ZP_01706252.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella putr...	310	7e-83	G
✓	ref YP_964030.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella sp. W3...	310	9e-83	G
✓	ref YP_510562.1	haloalkane dehalogenase [Jannaschia sp. CCS1...	308	3e-82	G
✓	ref ZP_01216824.1	hydrolase, alpha/beta hydrolase fold famil...	307	8e-82	G
✓	ref YP_001093840.1	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella loi...	306	1e-81	G
✓	ref NP_106032.1	haloalkane dehalogenase [Mesorhizobium loti ...	303	8e-81	G
✓	gb AAT70109.1	CurM [Lyngbya majuscula]	303	8e-81	
✓	ref ZP_01055470.1	haloalkane dehalogenase [Roseobacter sp. M...	303	1e-80	
✓	ref ZP_01617455.1	haloalkane dehalogenase [marine gamma prot...	302	2e-80	
✓	ref ZP_01592200.1	alpha/beta hydrolase fold [Geobacter lovle...	300	7e-80	
✓	ref ZP_01911259.1	alpha/beta hydrolase [Plesiocystis pacific...	300	9e-80	
✓	ref YP_001230772.1	alpha/beta hvdrolase fold fGeobacter uran...	300	9e-80	G



## □ První iterakce







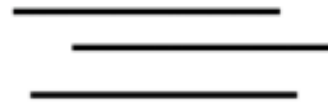
## □ První iterakce

Query sequence



BLAST search

Sequence homologs



Multiple sequence alignment

Profile



- Druhá iterakce



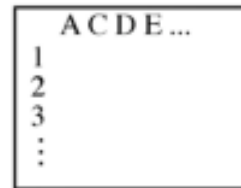
Profile

	A	C	D	E	...
1					
2					
3					
⋮					

## □ Druhá iterakce



Profile

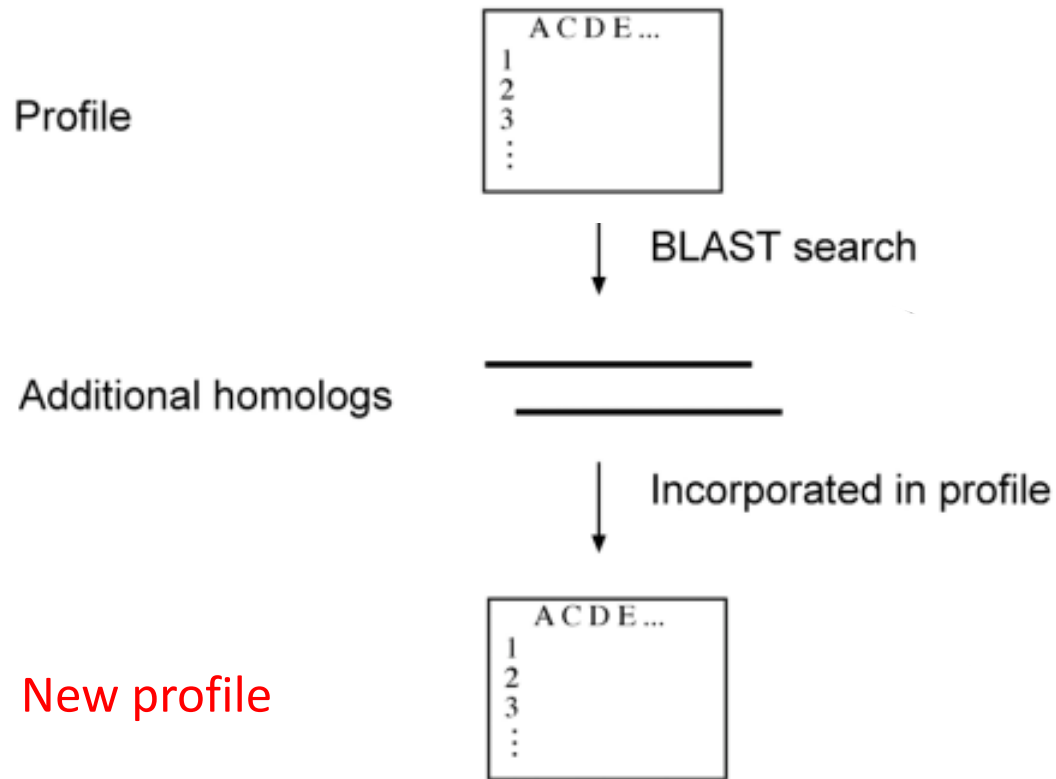


↓ BLAST search

Additional homologs

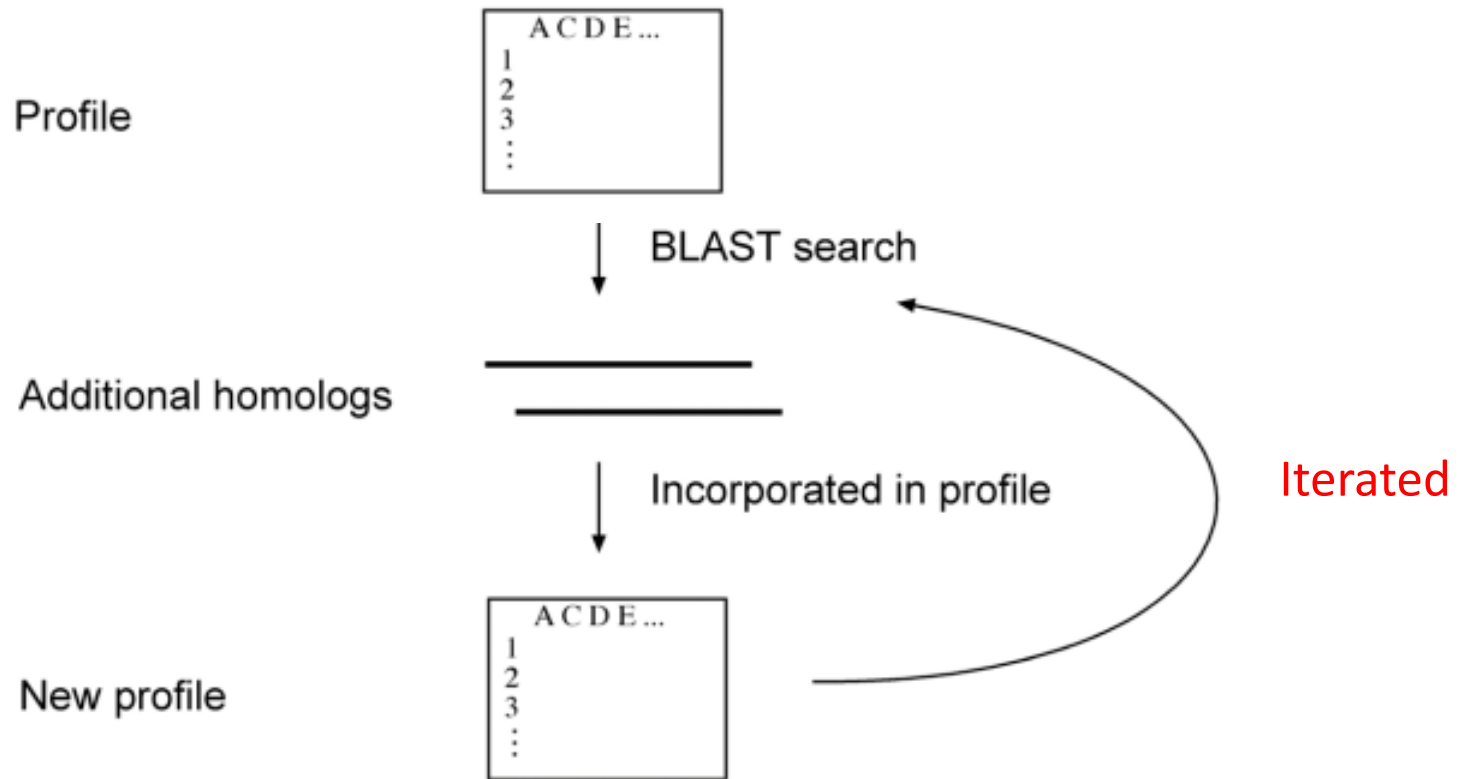


## □ Druhá iterakce



# PSI-BLAST

## □ Druhá iterakce



# PSI-BLAST

## □ Vstup

**BLAST** BETA

Home Recent Results Saved St

MSLGAKPFGEKKFIEIKGRRMAYIDEG  
TGDPILFQHGNTSSYLWRNI

NCBI/BLAST/blastp suite: BLASTP programs search protein databases using a protein query. [more...](#) [Reset page](#) [Bookmark](#)

Enter Query Sequence

Enter accession number, gi, or FASTA sequence [Clear](#)

Query subrange [?](#)

From

To

LGAKPFGEKKFIEIKGRRMAYIDEGTGDPILFQHGNTSSYLWRNIMPHCAGLGRLIACDLIGM

Or, upload file   [?](#)

Job Title

Enter a descriptive title for your BLAST search [?](#)

Choose Search Set

Database  [?](#)

Organism Optional  Any  Human  *A.thaliana*  Mouse  Custom... [?](#)  
Search only sequences from selected organism [?](#)

## □ Výsledek

Skóre E-hodnota

Sequences producing significant alignments:			Score (Bits)	E Value	
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">sp P59336 DHAA_RHOSD</a>	Haloalkane dehalogenase >pdb 1BN6 A Chai...	<a href="#">429</a>	1e-118	
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">sp POA3G2 DHAA_RHORH</a>	Haloalkane dehalogenase >sp POA3G3 DHAA_...	<a href="#">424</a>	3e-117	
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">pdb 1CQW A</a>	Chain A, Nai Cocrystallised With Haloalkane Dehalo...	<a href="#">424</a>	4e-117	<b>S</b>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">sp Q9ZERO DHAA_MYCSX</a>	Haloalkane dehalogenase >emb CAA10076.1 ...	<a href="#">422</a>	1e-116	
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">gb AAV70825.1 </a>	HT2 [Expression vector pHT2]	<a href="#">415</a>	1e-114	
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">ref YP_001675030.1 </a>	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella hal...	<a href="#">320</a>	8e-86	<b>G</b>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">ref YP_734675.1 </a>	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella sp. MR...	<a href="#">318</a>	3e-85	<b>G</b>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">ref YP_001473250.1 </a>	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella sed...	<a href="#">317</a>	6e-85	<b>G</b>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">ref ZP_01736514.1 </a>	alpha/beta hydrolase [Marinobacter sp. ELB...	<a href="#">317</a>	6e-85	
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">ref YP_738656.1 </a>	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella sp. MR...	<a href="#">316</a>	9e-85	<b>G</b>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">ref YP_001502590.1 </a>	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella pea...	<a href="#">316</a>	9e-85	<b>G</b>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">ref NP_717353.1 </a>	hydrolase, alpha/beta hydrolase fold family ...	<a href="#">315</a>	2e-84	<b>G</b>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">ref YP_750057.1 </a>	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella frigid...	<a href="#">315</a>	2e-84	<b>G</b>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">ref YP_268879.1 </a>	hydrolase, alpha/beta hydrolase fold family ...	<a href="#">315</a>	2e-84	<b>G</b>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">ref YP_001761524.1 </a>	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella woo...	<a href="#">315</a>	3e-84	<b>G</b>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">ref ZP_01841154.1 </a>	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella balt...	<a href="#">315</a>	3e-84	
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">ref YP_870347.1 </a>	alpha/beta hydrolase fold [Shewanella sp. AN...	<a href="#">314</a>	4e-84	<b>G</b>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">ref YP_129676.1 </a>	putative haloalkane dehalogenase [Photobacte...	<a href="#">314</a>	7e-84	<b>G</b>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">ref ZP_01221858.1 </a>	putative haloalkane dehalogenase [Photobac...	<a href="#">313</a>	8e-84	
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">ref YP_001365757.1 </a>	alpha/beta hvdrolase fold [Shewanella bal...	<a href="#">313</a>	9e-84	<b>G</b>

## □ Skóre

- Normalizované skóre = součet substitucí a penalizací za mezery
- Nedostatečně kvantifikuje významnost (**vyšší** je lepší)

## □ E-hodnota

- Rovná počtu BLAST příložení s příslušným skóre, která mohou vzniknout **náhodou**
- Kvantifikuje významnost příložení (**nižší** je lepší)
- Významné jsou hity s E-hodnotou **<0.01**





## □ Výsledek

## Příložení

Sequences producing significant alignments:		Score	E
		(Bits)	Value
<p>&gt;<a href="#">gb AAT70109.1</a> CurN [Lyngbya majuscula] Length=341</p> <p>Score = 303 bits (777), Expect = 8e-81, Method: Composition-based stats. Identities = 148/297 (49%), Positives = 188/297 (63%), Gaps = 8/297 (2%)</p>			
Query	2 SEIGTGFPPDPHYVEVLGERMHYVDVGPDRDGTVPVFLHGNPTSSYLWRNIIPHV-APSHR	60	
	I + FPF VEV G + YVD G G PVLFLHGNPTSSYLWRNIIP+V A +R		
Sbjct	41 LPISSEFPFAKRTVEVEGATIAYVDEG--SGQPVLFLHGNPTSSYLWRNIIPYVVAAGYR	98	
Query	61 CIAPDLIGMGKSDKPDLDYFFDDHVRYLDAFIEALGLEEVVLVIHDWGSALGFHWAKRNP	120	
	+APDLIGMG S KPD++Y DHV Y+D FI+ALGL+++VLVIHDWGS +G A+ NP		
Sbjct	99 AVAPDLIGMGDSAKPDIEYRLQDHVAYMDGFI DALGLDDMLVVIHDWGSVIGMRHARLNP	158	
Query	121 ERVKGIACTMEFIRPI----PTWDEWPEFARETFQAFRTADVGRELIIDQNAFIEGVLPK-	175	
	+RV +A ME + P P+++ F+ RTADVG ++++D N F+E +LP+		
Sbjct	159 DRVAAVAFMEALVPPALPMPSEYAMGPQLGPLFRDLRTADVGEKMLVDGNFFVETILPEM	218	
Query	176 CVVRPLTEVEMDHYREPFLKPVDPREPLWRF PNEIPIAGEPANIVALVEAYMNLHQSPVP	235	
	VVR L+E EM YR PF R P ++P E+PI GEPA A V WL SP+P		
Sbjct	219 GVVRSLSEAEMAAYRAPFPTRQSRLLPTLQWPREVPIGGEPAFABAEVLKNGEWMASPIP	278	
Query	236 KLLFWGTPGVLIPPAEARLAESLPNCKTVDIGPGLHYLQEDNPDIGSEIARWLPG	292	
	KLLF PG L P L+E++PN + +G G H+LQED+P LIG IA WL		
Sbjct	279 KLLFHAEPGALAPKPVVDYLSENVPNLEVRVFGAGTHFLQEDHPHLIGQGIADWLRR	335	
ref NP_106032.1	haloalkane dehalogenase [Mesorhizobium loti ...	303	8e-81 <b>G</b>
<b>gb AAT70109.1 </b>	<b>CurN [Lyngbya majuscula]</b>	<b>303</b>	<b>8e-81</b>
ref ZP_01055470.1	haloalkane dehalogenase [Roseobacter sp. M...	303	1e-80
ref ZP_01617455.1	haloalkane dehalogenase [marine gamma prot...	302	2e-80
ref ZP_01592200.1	alpha/beta hydrolase fold [Geobacter lovle...	300	7e-80
ref ZP_01911259.1	alpha/beta hydrolase [Plesiocystis pacific...	300	9e-80
ref YP_001230772.1	alpha/beta hvdrolase fold [Geobacter uran...	300	9e-80 <b>G</b>

# Databáze mnohonásobného příložení

## □ Pfam

wellcome trust  
**sanger**  
institute

HOME | SEARCH | BROWSE | FTP | HELP

**Pfam**  
keyword search

96 architecture 9801 sequence 4 interactions 1013 species 126 structures

## Family: *Abhydrolase\_1* (PF00561)

Summary

Domain organisation

**Alignments**

Trees

Curation & models

Species

Interactions

Structures

### Alignments

There are various ways to view or download the sequence alignments that we store. You can use a sequence viewer to look at either the seed or full alignment for the family, or you can look at a plain text version of the sequence in a variety of different formats. [More...](#)

View options

Alignment:  Seed (48)  Full (9801)

Viewer:

Formatting options

# Databáze mnohonásobného přiložení

## □ Pfam

wellcome trust sanger institute

HOME | SEARCH | BROWSE | FTP | HELP

Pfam keyword search Go

### Family: *Abhydrolase superfamily* (PF00561)

Summary  
Domain organisation  
**Alignments**  
Trees  
Curation & models  
Species  
Interactions  
Structures

Currently showing rows 1 to 30 of 48 rows in this alignment. Show  rows of alignment Go

P07000/82-321	FDVLIIDHRGQGRSG.RLLAD.....	PHLGHVNRFNMDYVDDLAAFWQQ
P53264/170-440	WCIHAIDLPGYGFSSRPKFP.....	FEYPRDNIHSVQDFHFERIHY
P65824/134-506	FDLVGFDPKGVASR.PAIWCNSDADMDRLRAEPQVDYSREGVAHIENETKQFVGRVCVDMKGNFLAHVGTVNVAKDLDA	
P53750/56-285	FHIIAPDLPFGFTE.T.....	PENYKFSFDLCEISIGY
P53208/67-318	ADIFSVDVRNHGISP.....	KAIPYDITTLTNDLIY
P27747/162-370	YTVVALDLPCHGQSS.....	PRLAGTTLAQMAGFVAH
P42786/58-307	FRIVIIDRQGRSH.P.....	YACAEENTTUDLVADIEH
P07383/63-269	KRYLALDLRCHGGTS.....	IPKCCYYVSDFAEDVSI
P65822/138-415	FDLVGFDPKGVGHST.PALRCRTDAEFDAYRRDPMADYSPAGVTHVEQVYRQLAQDCVDRMGFSFLANIGTASVARDMDY	
P46547/82-313	FRVLLDQRGTGHST.PIHAELL.....	AHLNPRQQADYLSHFRAQSIVRDAEI
P24640/93-308	YHLIIPDLLGFGNNS.K.....	PMTADYRADAQATRLH
P26174/63-280	YRVIVPDLPGHGSR.S.....	TARNRFGLKPMaedLMP
P66777/56-296	FRIVRYDNRGVGRSSVP.....	KPIsAYTMAHFADDfDA
P52705/31-252	HKVTALDMAASGIDP.R.....	QIEQINSFDEYSEPLL

# Reference

- ❑ Claverie, J-M., & Notredame, C. (2006) **Bioinformatics for Dummies** (2nd ed.) Wiley Publishing, Hoboken, p. 436.
- ❑ Xiong, J. (2006) **Essential Bioinformatics**, Cambridge University Press, New York, p. 352.
- ❑ **MUSCLE**: <http://www.drive5.com/muscle/>
- ❑ **TCoffee**: [http://tcoffee.vital-it.ch/cgi-bin/Tcoffee/tcoffee\\_cgi/index.cgi](http://tcoffee.vital-it.ch/cgi-bin/Tcoffee/tcoffee_cgi/index.cgi)
- ❑ **ClustalW**: <http://www.ch.embnet.org/software/ClustalW.html>
- ❑ **BioEdit**: <http://www.mbio.ncsu.edu/BioEdit/bioedit.html>
- ❑ **PSI-BLAST**: <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>
- ❑ **PhyML**: <http://evolution.genetics.washington.edu/phyml.html>
- ❑ **PHYLP**: <http://evolution.genetics.washington.edu/phyml.html>
- ❑ **MPI Toolkit**: <http://toolkit.tuebingen.mpg.de/>
- ❑ **Pfam**: <http://pfam.sanger.ac.uk/>