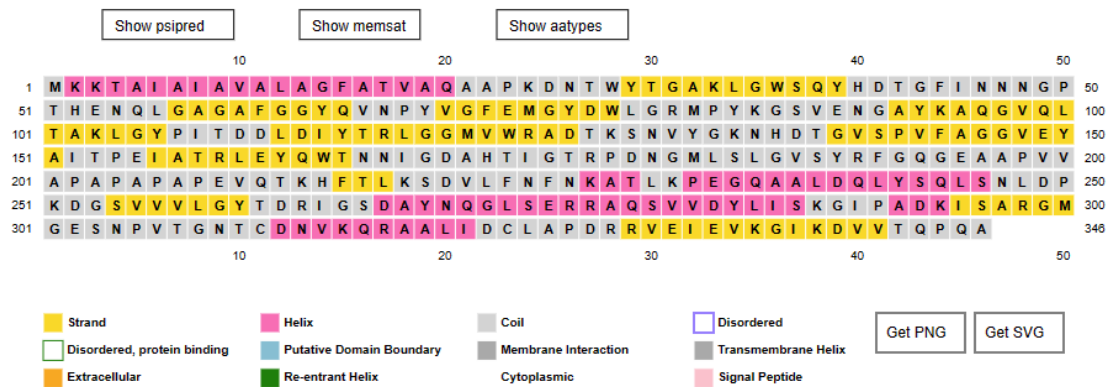


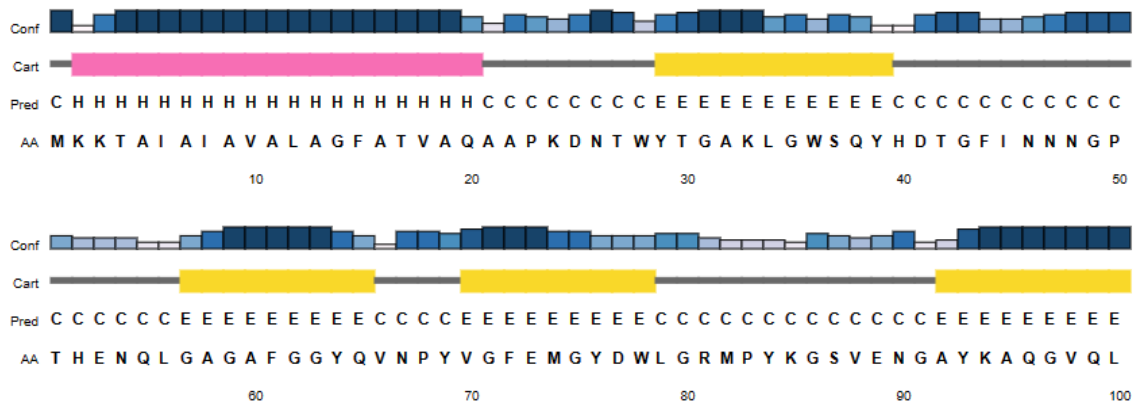
ΕΡΓΑΣΤΗΡΙΟ ΒΙΟΠΛΗΡΟΦΟΡΙΚΗ

Άσκηση 6:

Να γίνει πρόβλεψη της δευτεροταγούς δομής των πρωτεϊνών ompA Ecoli (P0A910) με τη χρήση των προγραμμάτων **Jpred** <https://www.compbio.dundee.ac.uk/jpred/>, **Porter** <http://distilldeep.ucd.ie/porter/> και **Psipred** <http://bioinf.cs.ucl.ac.uk/psipred/>. Στη συνέχεια να υπολογιστεί ο δείκτης Q3 για την πρόβλεψη της δευτεροταγούς δομής της πρωτεΐνης για καθένα από τα προγράμματα.



PSIPRED Cartoon



Άσκηση 7:

Να γίνει πρόβλεψη των διαμεμβρανικών τμημάτων της πρωτεΐνης Rhodopsin (P02699) με τη χρήση των προγραμμάτων:

- TMHMM <https://services.healthtech.dtu.dk/services/TMHMM-2.0/>
- HMMTOP <https://cctop.ttk.hu/>
- MEMSAT <http://bioinf.cs.ucl.ac.uk/psipred/>
- TOPCONS <https://topcons.net/>
- PHOBIUS <https://phobius.sbc.su.se/>

Στη συνέχεια, σε αρχείο excel να καταχωρήσετε την ακολουθία της πρωτεΐνης και στις επόμενες γραμμές την αντίστοιχη πρόβλεψη του κάθε προγράμματος για κάθε αμινοξύ. Αν για κάθε αμινοξύ η πρόβλεψη συμφωνεί για τέσσερα προγράμματα πρόβλεψης και πάνω τότε να καταχωρείτε ότι το αμινοξύ αυτό την αντίστοιχη πρόβλεψη (π.χ. συμβολίστε με 1 αν ανήκει σε διαμεμβρανικό και 0 όταν δεν ανήκει). Τέλος, να απεικονιστεί γραφικά η τελική πρόβλεψη για τα διαμεμβρανικά τμήματα της πρωτεΐνης η οποία θα έχει προκύψει από το συνδυασμό των παραπάνω προγραμμάτων πρόβλεψης τοπολογίας διαμεμβρανικών πρωτεϊνών.