

## Esercizio 3

### Analisi di sequenze e strutture di proteine

#### 1. Sequenza amminoacidica del trasportatore della serotonina SERT dell'uomo

```
METTPLNSQKQLSACEDGEDCQENGLVQKVVPTPGDKVESGQISNGYSAVPSPGAGDDTR  
HSIPATTTTLVAELHQGERETWGGKVDLFLSVIGYAVDLGNVWRFYICYQNGGGAFLLP  
YTIMAIFFGGIPLFYMELALGQYHRNGCISIWKRKICPIFKGIGYAICIIAFYIASYYNTIM  
AWALYYLISSFTDQLPWTSCKNSWNTGNCTNYFSEDNITWTLHSTSPAEFYTTRHVLQIH  
RSKGLQDLGGISWQLALCIMLIIFTVIYFSIWKGVKTSKVVVVTATFPYIILSVLLVRGA  
TLPGAWRGVLFYLPKNWQKLEETGVWIDAAAQIFFSLGPGFGVLLAFASYNKFNNNCYQD  
ALVTSVNCMTSFVSGFVIIFTVLGYMAEMRNEDVSEVAKDAGPSLLFITIAEAIANMPAS  
TFFAIIFFLMLITLGLDSTFAGLEGVITAVLDEFPHVWAKRRERFVLAVVITCFFGSLVT  
LTFGGAYVVKLLEEYATGPAVLTVALIEAVAVSWFYGITQFCRDVKEMLGFSFGWFWRIC  
WVAISPLFLFIICSFLMSPPQLRLFQYNYPYWSIILGYCIGTSSFCICIPTYIAYRLIIT  
PGTFKERI IKSITPETPTEIPCGDIRLNAV
```

Utilizzare i programmi di analisi per individuare:

- Peso molecolare e punto isoelettrico
- Peptide segnale
- Siti di glicosilazione
- Siti di fosforilazione

Scaricare dalla banca dati PDB le strutture di SERT 5I73 e 5I6X e individuare i siti di legame per citalopram e paroxetina

Confrontare i risultati ottenuti dalle vostre analisi con i dati riportati nella banca dati Uniprot

#### 2. Analisi della struttura della proteina Ftr1 di *Pichia pastoris*

Cercare la sequenza amminoacidica di Ftr1 di *Pichia pastoris* nella banca dati Uniprot

Come possiamo ottenere informazioni sulla struttura 3D di questa proteina?

- Visualizzare il modello strutturale 3D generato da AlphaFold e valutarne l'attendibilità
- Utilizzare il programma BLAST per individuare sequenze omologhe
- Visualizzare gli allineamenti con le permeasi di *S. cerevisiae* e *C. albicans* e analizzare la conservazione delle sequenze
- Utilizzare Pymol per visualizzare sul modello generato da AlphaFold i due motivi strutturali REXLE e valutarne il possibile ruolo

Lista dei siti da consultare

Banca dati di sequenze di proteine UNIPROT <https://www.uniprot.org/>

Banca dati di strutture di proteine PDB <https://www.rcsb.org/>

Banca dati di predizioni di strutture di proteine AlphaFold <https://www.alphafold.ebi.ac.uk/>

Programmi di analisi <https://www.expasy.org/>

Analisi di siti di N-glicosilazione e peptide segnale  
<https://services.healthtech.dtu.dk/services/NetNGlyc-1.0/>

Analisi di siti di fosforilazione <https://services.healthtech.dtu.dk/services/NetPhos-3.1/>

Analisi della localizzazione subcellulare <https://psort.hgc.jp/>

Analisi della struttura secondaria <https://predictprotein.org/>

Visualizzazione di strutture <https://pymol.org/2/>