

Tutorial Artemis

Faça download do arquivo organismo1.fasta disponível em:
<http://biodados.icb.ufmg.br/pinguim/anotacao/organismos/>

Instalação Artemis no Linux:

- 1- Entre no site do Artemis (<http://www.sanger.ac.uk/resources/software/artemis/>) e clique na aba Download
- 2- Em FTP Download clique Artemis for Unix
- 3- Salve o arquivo artemis.tar.gz no diretório Documentos
- 4- Abra o terminal e entre no diretório Documentos (cd Documentos)
- 5- Extraia o arquivo (tar -vzxf artemis_linux.tar.gz)

Instalação do Artemis no Windows:

- 1- Entre no site do Artemis (<http://www.sanger.ac.uk/resources/software/artemis/>) e clique na aba Download
- 2- Em FTP Download clique Artemis for Windows
- 3- Salve o arquivo artemis.jar no Desktop
- 4- Clique duas vezes no arquivo artemis.jar
- 5- Clique em Browser e selecione o diretório Documentos

Anotação manual de genes codificadores de proteínas

1. Para executar o programa Artemis digite: ./art e aperte enter
2. Clique em Browse e selecione o diretório artemis
3. Clique em 'Options' e selecione '1 – Standard'
4. Clique em File > Open... > Abra o arquivo de *contigs*
5. Uma vez aberto o arquivo, procure uma ORF (Open Read Frame) e com o mouse selecione um trecho dessa ORF. Obs: Não selecione nenhum traço referente a um stop códon, selecione de preferência o meio da ORF;

Exercício 1: Quais as características de uma CDS (sequência codificante para uma proteína completa)?

Exercício 2:

6. Clique em Create > Feature From Base Range. Na janela que apareceu clique em 'Apply' e OK;
7. Clique no retângulo azul criado e clique em 'Edit' > Extend Selected Features > To Previous Stop Códon. A sequência deve crescer para a esquerda (até um stop códon);
8. Clique novamente no mesmo retângulo azul e vá em 'Edit' > 'Extend selected feature' > 'To next stop códon and fix'. Pronto, agora seu gene termina em um stop códon, mas será que o começo está correto?
9. Clique novamente no mesmo retângulo azul e clique em Edit > Trim Selected Features > To Next Met). A sequência vai ser corrigida para começar em uma metionina.
10. Feito isso, procure outras 3 ORFs disponível e repita do passo 6 ao 9;
11. Uma vez criado genes, clique em 'Select' > 'All CDS features'
12. Clique em 'Edit' > 'Automatically create genes name'
 - a) 'Enter the start character...': coloque o nome Gene_
 - b) 'start count at', coloque: 1

- c) 'increment number by', coloque: 1
- d) 'enter a qualifier name to use', coloque: locus_tag
- e) 'number of digits...', coloque:2
- f) 'append "c"....., clique em No.

Exercício 3: Para identificarmos qual possível proteína cada CDS codifica, será utilizado BLAST (alinhamento local contra um banco de dados). Qual programa seria mais indicado para esta identificação: Blastn (utilizando a sequência gênica) ou Blastp (utilizando a sequência da proteína predita)? Justifique.

- 13. Clique no primeiro gene, vá em 'View' > 'Aminoacid of selection as fasta' > copie a sequência que aparecer em formato .fasta e faça uma busca por similaridade no BLASTp no site do Uniprot;
- 14. Anote o resultado, para isso, selecione o gene de onde veio a sequência e aperte a tecla E (Edit/Selected Features in Editor). Vai aparecer uma janela, nessa janela que serão anotadas todas as informações sobre o gene;
- 15. Na janela aberta, clique na setinha preta do campo 'Add Qualifier' e adicione os campos product; curation e similarity. Em cada escolha, clique em Add Qualifier e confira se o campo foi criado dentro da janela;
- 16. Com o resultado do BLASTp feito, preencha os campos acima adicionando:
 - a) Curation: o nome do anotador
 - b) Product: o nome do produto codificado pelo gene, de acordo com o BLASTp;
 - c) Similarity: Preencher da seguinte maneira – Similar to (nome do produto da maior similaridade) of (nome do organismo da maior similaridade); tamanho dessa proteína em aminoácidos; e-value: valor de e encontrada nessa maior similaridade; % of ident.; % of positivies.
 - d) Clique em 'Apply' e 'Ok'
- 17. Feito isso, vá nos outros genes e repita do passo 13 ao 19;
- 18. Salve o arquivo com o nome de seu nome.embl no diretório artemis clicando em File > Save An Entry As > EMBL Format > seu nome.embl
- 19. Feche o programa, abra o arquivo .embl gerado (less seu nome.embl) e analise sua estrutura.

Exercício 4: Qual os produtos gênicos prováveis para os seguintes genes:

- a) Gene_01:
- b) Gene_02:
- c) Gene_03:
- d) Gene_04:

Envie as respostas e o arquivo .embl para biodados@gmail.com com o título bioinfo