



<http://rodrigomendes.tripod.com>

SITES DE BIOINFORMÁTICA

Rodrigo Mendes

BANCO DE DADOS

Genbank <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
Banco de dados americano de seqüências de DNA e proteínas.

EBI <http://www.ebi.ac.uk/>
Banco de dados europeu de seqüências de DNA.

DDBJ <http://www.ddbj.nig.ac.jp/>
Banco de dados japonês de seqüências de DNA.

PDB <http://www.rcsb.org/pdb>
Armazena estruturas tridimensionais resolvidas de proteínas.

GDB <http://gdbwww.gdb.org/>
Banco de dados oficial do projeto genoma humano.

TIGR Databases <http://www.tigr.org/tdb/>
Banco com informações de genomas de vários organismos diferentes.

PIR <http://www-nbrf.georgetown.edu/>
Banco de proteínas anotadas.

SWISS-PROT <http://www.expasy.ch/spro/>
Armazena seqüências de proteínas e suas respectivas características moleculares, anotado manualmente por uma equipe de especialistas.

INTERPRO <http://www.ebi.ac.uk/interpro/>
Banco de dados de famílias, domínios e assinaturas de proteínas.

KEGG <http://www.genome.ad.jp/kegg/>
Banco com dados de seqüências de genomas de vários organismos diferentes e informações relacionadas às suas vias metabólicas.

ALINHAMENTO DE SEQÜÊNCIAS

ClustalW <http://www.ebi.ac.uk/clustalw/index.html>
Versão web de um dos programas de alinhamento múltiplo mais utilizados (Clustal). Fornece ao usuário uma grande quantidade de parâmetros e de saídas diferentes. Possui interface gráfica onde os alinhamentos podem ser visualizados de forma agradável e alterados.

Multalin
<http://prodes.toulouse.inra.fr/multalin/multalin.html>

Programa de alinhamento múltiplo bastante conhecido. Fácil e rápido.

Fasta <http://www.ebi.ac.uk/fasta33/>

Precursor dos programas de alinhamento. Promove serviço de busca em banco de dados de ácidos nucléicos e proteínas.

BLAST, BLAST2sequences
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>

BLAST é o programa de alinhamento mais utilizado no mundo. Realiza a busca por seqüências homólogas em banco de dados de ácidos nucléicos e proteínas. O programa BLAST2sequences consiste no algoritmo BLAST para alinhamento de duas seqüências.

MODELAGEM E ESTRUTURA DE PROTEÍNAS

PDB <http://www.rcsb.org/pdb/>
Mais famoso e completo banco de dados de estrutura de proteínas.

Protein explorer <http://molvis.sdsc.edu/protexpl/>
Programa derivado do RasMol para a visualização de estruturas de proteínas.

SWISS-PDBviewer <http://www.expasy.org/spdbv/>
Programa para a visualização e análise da estrutura de várias proteínas ao mesmo tempo. Permite a realização de mutações de aminoácidos, alterações em pontes de hidrogênio, ângulos de torção e distâncias entre átomos.

Modeller <http://guitar.rockefeller.edu/modeller>
Um dos programas mais utilizados para a modelagem de proteínas por homologia.

SWISS-MODEL <http://www.expasy.org/swissmod>
Programa via web para a modelagem de proteínas por homologia.

PROCHECK
<http://www.biochem.ucl.ac.uk/~roman/procheck/procheck.html>

Programa que checa a qualidade estereoquímica de uma estrutura de proteína, gerando análises gráficas sobre a geometria espacial da proteína, resíduo por resíduo.

Libra
http://www.ddbj.nig.ac.jp/E-mail/libra/LIBRA_I.html

Programa on-line que utiliza threading para encontrar uma seqüência de resíduos de aminoácidos que melhor se adequem a uma estrutura terciária conhecida e vice-versa.

CASP <http://predictioncenter.llnl.gov/Center.html>
Critical Assesment of Structural Prediction.
Competição que avalia os softwares de predição de estrutura de proteínas.

ANÁLISE FILOGENÉTICA

Programa para o alinhamento múltiplo de seqüências

Acesso on line - <http://www.ebi.ac.uk/clustalw/>
Download do clustal X para diversas plataformas -
<http://inn-prot.weizmann.ac.il/software/ClustalX.html>

PAUP 4.0 (Phylogenetic Analysis Using Parsimony and other methods) - <http://paup.csit.fsu.edu/>

Análises filogenéticas utilizando métodos de distância, máxima parcimônia e máxima verossimilhança,

PHYLIP (Phylogeny Inference Package) .
Inferências filogenéticas

<http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html>

MEGA(Molecular Evolutionary Genome Analysis) -

<http://www.megasoftware.net/>

Inferências filogenéticas com métodos de distância e parcimônia. Download gratuito.

Treeview

<http://taxonomy.zoology.gla.ac.uk/rod/treeview>

Software gratuito para edição gráfica e impressão de árvores filogenéticas.