

mgr Katarzyna Stefańska

Katedra i Zakład Informatyki i Statystyki

Zalecenia dotyczące wizualizacji oddziaływań białkowych

Wykorzystując STRING

data przygotowania: 2024-04-22

ŚCIEŻKI DOSTĘPU

Krok 1: Wyszukaj białka, których interakcje chcesz zwizualizować

1. Uruchom dowolną przeglądarkę internetową na swoim urządzeniu.
2. W pasku adresu przeglądarki wpisz adres strony STRING: <https://string-db.org/>. Naciśnij klawisz Enter, aby przejść do strony STRING.
3. Kliknij przycisk **Search**, aby przejść do strony wyszukiwania białek.
4. Wyszukaj białka: w polu wyszukiwania (**Protein Name**) na stronie STRING wprowadź nazwę białka lub jego identyfikator. Możesz wyszukiwać pojedyncze białka lub listy białek, oddzielając je przecinkami lub wprowadzając je w oddzielnych liniach.
5. Wybierz organizm (**Organisms**), dla którego chcesz przeprowadzić analizę oddziaływań białkowych (np. Homo sapiens).
6. Dostosuj ustawienia analizy według własnych preferencji, takie jak poziom ufności dla interakcji, sposób wyświetlania wyników.
7. Możesz pozostawić domyślne ustawienia, jeśli nie masz specjalnych wymagań.
8. Po wprowadzeniu nazw białek i dostosowaniu ustawień, naciśnij przycisk **SEARCH**, aby rozpocząć analizę oddziaływań białkowych.

SEARCH

Single Protein by Name / Identifier

Protein Name: (examples: #1 #2 #3)

CDC15

Organisms:

Saccharomyces cerevisiae

Advanced Settings

Network Type: full STRING network

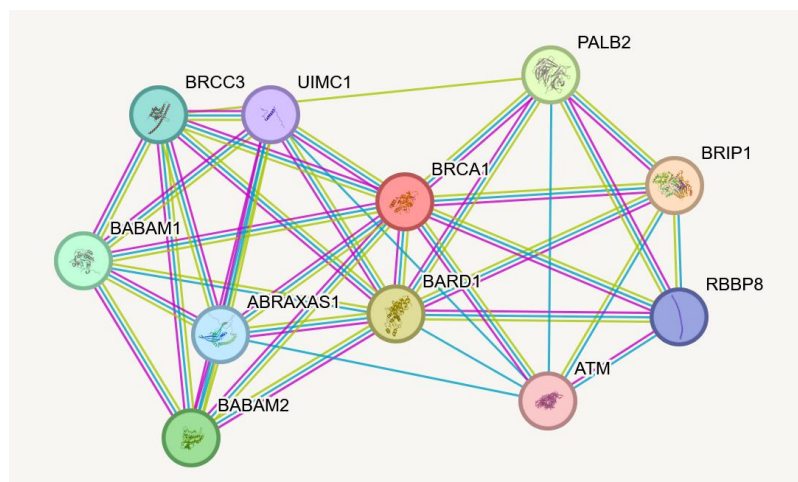
Required score: medium confidence (0.400)

Size cutoff: no more than 10 interactors

SEARCH

Krok 2: Analiza wyników

1. Po zakończeniu analizy STRING wyświetli wyniki w postaci grafu, który przedstawia oddziaływania między znalezionymi białkami.



- Wizualizacja graficzna może zawierać różne rodzaje krawędzi, które reprezentują różne rodzaje interakcji, takie jak fizyczne oddziaływania, interakcje funkcyjne, interakcje koekspresyjne itp. Szczegółowe informacje o znaczeniu poszczególnych elementów znajdują się w zakładce **Legend**.

Nodes:

Network nodes represent proteins

splice isoforms or post-translational modifications are collapsed, i.e. each node represents all the proteins produced by a single, protein-coding gene locus.

Node Color

● *colored nodes: query proteins and first shell of interactors*

● *white nodes: second shell of interactors*

Node Content

empty nodes: proteins of unknown 3D structure

filled nodes: a 3D structure is known or predicted

Edges:

Edges represent shared physical complex

The edges indicate that the directly linked proteins are part of the same physical complex; commonly in large complexes this may not signify they are directly binding to each other.

Known Interactions

— *from curated databases*

— *experimentally determined*

Predicted Interactions

— *gene neighborhood*

— *gene fusions*

— *gene co-occurrence*

Others

— *textmining*

— *co-expression*

— *protein homology*

Your Input:

● **BRCA1**

Breast cancer type 1 susceptibility protein; E3 ubiquitin-protein ligase that specifically mediates the formation of 'Lys-6'-linked polyubiquitin chains and plays a central role in DNA repair by facilitating cellular responses to DNA damage. It is unclear whether it also mediates the formation of other types of polyubiquitin chains. The E3 ubiquitin-protein ligase activity is required for its tumor suppressor function. The BRCA1-BARD1 heterodimer coordinates a diverse range of cellular pathways such as DNA damage repair, ubiquitination and transcriptional regulation to maintain genomic [...] (1884 aa)

Predicted Physical Partners:

		Neighborhood	Gene Fusion	Cooccurrence	Coexpression	Experiments	Databases	Textmining	[Homology]	Score
● BRIP1	<i>Fanconi anemia group J protein; DNA-dependent ATPase and 5' to 3' DNA helicase required for the maintenance of chromo...</i>									0.999
● BARD1	<i>BRCA1-associated RING domain protein 1; E3 ubiquitin-protein ligase. The BRCA1-BARD1 heterodimer specifically mediates...</i>									0.999
● PALB2	<i>Partner and localizer of BRCA2; Plays a critical role in homologous recombination repair (HRR) through its ability to recruit ...</i>									0.999
● BABAM2	<i>BRIS1 and BRCA1-A complex member 2; Component of the BRCA1-A complex, a complex that specifically recognizes 'Lys-6...</i>									0.999
● BRCC3	<i>Lys-63-specific deubiquitinase BRCC36; Metalloprotease that specifically cleaves 'Lys-63'-linked polyubiquitin chains. Does ...</i>									0.999
● ABRAXAS1	<i>BRCA1-A complex subunit Abraxas 1; Involved in DNA damage response and double-strand break (DSB) repair. Component ...</i>									0.999
● RBBP8	<i>DNA endonuclease RBBP8; Endonuclease that cooperates with the MRE11-RAD50-NBN (MRN) complex in DNA-end resecti...</i>									0.999
● UIMC1	<i>BRCA1-A complex subunit RAP80; Ubiquitin-binding protein. Specifically recognizes and binds 'Lys-63'-linked ubiquitin (Ref...</i>									0.999
● ATM	<i>Serine-protein kinase ATM; Serine/threonine protein kinase which activates checkpoint signaling upon double strand breaks...</i>									0.998

- Użytkownik może interaktywnie przeglądać graf, zbliżać i oddalać, oraz wybierać białka do analizy szczegółowej.
- Oprócz wizualizacji graficznej, STRING może dostarczyć dodatkowych informacji i analiz, takich jak statystyki sieci, funkcjonalne klasyfikacje białek oraz predykcje funkcji białek (zakładka **Analysis**).
- Użytkownik może zapisać wyniki analizy, w tym wizualizację graficzną, do pliku na swoim komputerze, co pozwala na późniejszą analizę (zakładka **Exports**).