# Übung 5

# Human T-cell leukemia virus type I OATL9B proviral DNA

# Aufgabe 2:

Komplettes Genom:

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/LC378575.1 (02.07.18, 20:39 Uhr)

ORIGIN

```
1 tgacaatgac catgagccc aaatatcccc cgggggctta gagcctccca gtgaaaaaca
  61 tttccgcgaa acagaagtct gaaaaggtca gggcccagac taaggctctg acgtctcccc
 121 ccggagggac agctcagcac cggctcaggc taggccctga cgtgtccccc tgaagacaaa
 181 tcataagete agaceteegg gaageeaceg gaaceaceea ttteeteece atgtttgtea
 241 ageogeette aggegttgae gacaaceett caceteaaaa aactttteat ggeacgeata
 301 tggctgaata aactaacagg agtctataaa agcgtggaga cagttcagga gggggctcgc
 361 atctctcctt cacgegeeeg cegeectace tgaggeegee atccaegeeg gttgagtege
 421 gttctgccgc ctcccgcctg tggtgcctcc tgaactgcgt ccgccgtcta ggtaagttta
 481 gageteaggt egagaceggg cetttgteeg gegeteeett ggageetaee tagaeteage
 541 eggtteteca egetttgeet gaeeetgett geteaactet gegtetttgt ttegttttet
 601 gttctgcgcc gctacagatc gaaagttccg cccctttccc tttcattcac gactgactgc
 661 cggcttggcc cacggccaag taccggcgac tccgttggct cggagccagc gacagcccat
 721 totatagoac totocaggag agaaacttag tacacagttg ggggctcgtc cgggatacga
 781 gcgccccttt attccctagg ca<mark>atgggcca aatcttttcc cgtagcgcta gccctattcc</mark>
 841 geggeegeee egggggetgg eegeteatea etggettaae tteeteeaag eggeatateg
 901 cctagaaccc ggtccctcca gttacgattt ccaccagttg aaaaaatttc ttaaaatagc
 961 tttagaaaca ccggtctgga tctgtcccat taactactcc ctcctagcca gcctactccc
1021 aaaaggatac cccggccggg tgaatgaaat tttacacata ctcatccaaa cccaagccca
1081 gatcccgtcc cgtcccgcgc caccgccgcc gtcatccccc acccacgacc ccccggattc
1141 tgatccacaa atccccctc cctatgttga gcctacggcc ccccaagtcc ttccagtcat
1201 gcacccacat ggtgcccctc ccaaccatcg cccatggcaa atgaaggacc tacaggccat
1261 taagcaagaa gtctcccaag cagcccctgg gagcccccag tttatgcaga ccatccggct
1321 tgcggtgcag cagtttgacc ccactgccaa agacctccaa gacctcctgc agtacctttg
1381 ctcctccctc gtggcttccc tccatcacca gcagctagat agccttatat cagaggccga
1441 aacccgaggt attacaggtt ataacccctt agccggtccc ctccgtgtcc aagccaacaa
1501 tccacaacaa caaggattaa ggcgagaata ccagcaactc tggctcgccg ccttcgccgc
1561 cctgccaggg agtgccaaag accettcctg ggcctctatc ctccaaggcc tggaggagcc
1621 ttaccacqcc ttcqtaqaac qcctcaacat aqctcttqac aatqqqctqc caqaaqqcac
1681 gcccaaagac cccatcttac gttccttagc ctactccaat gcaaacaaag aatgccaaaa
1741 attactacag geocgaggac acactaatag ceetetagga gatatgttge gggettgtea
1801 gacctggacc cccaaagaca aaaccaaagt gttagttgtc cagcctaaaa aaccccccc
1861 aaatcagccg tgcttccggt gcgggaaagc aggccactgg agtcgggact gcactcagcc
1921 tcgtccccc cccgggccat gcccctatg tcaagaccca actcactgga agcgagactg
1981 cccccgccta aagcccacta tcccagaacc agagccagag gaagatgccc tcctattaga
2041 cctcccqct gacatcccac acccaaaaaa ctccataggg ggggaggttt aacctcccc
2101 cccacattac agcaagteet tettaaccaa gacceageat etattetgee agttataceg
2161 ttagatcccg cccgtcggcc cgtaattaaa gcccaggttg acacccagac cagccaccca
2221 aagactatcg aagctttact agatacagga gcagacatga cagtccttcc gatagccttg
2281 ttctcaagta atactccct caaaaataca tccgtattag gggcaggggg ccaaacccaa
2341 gatcacttta agetcacete cetteetgtg ctaatacgee tecettteeg gacaacgeet
2401 attgttttaa catcttgcct agttgatatc aaaaacaact gggccatcat aggtcgcgat
2461 gccttacaac aatgccaggg cgtcctgtac ctccctgagg caaaaaggcc gcctgtaatc
2521 ttgccaatac aggcgccagc cgtccttggg ctagaacacc tcccaaggcc ccccgaaatc
2581 agccagttcc ctttaaacca gaacgcctcc aggccttgca acacttggtc cggaaggccc
2641 tggaggcagg ccatatcgaa ccctacaccg gaccaggaaa taacccagta ttcccagtta
2701 aaaaggccaa tggaacctgg cgattcatcc acgacctgcg ggccactaac tctctaacca
```

28 28	821 881	cccacttgca tccagcccta	<pre>aactatagac ctttgctttc</pre>	cttaaagacg actgtcccac	ctgacttgtc cctttttcca agcagtgtaa aaaatagtcc	aatcccctta ctacggcccc	cctaaacagt ggcactagat
					ctttccccca		
		2 2		22 2	atgaggacct	_	_
				-			
					ctgtgtccga		
					tttcacccaa cgctacctga		
					ccttacgcca		
					accaaatata	-	_
					cacagaactg		
					ccctcactgg		
					tacatgcccc		
		-			tgttattact		
					ataacatctc	_	_
					ctatcttact		
					ggaacacttt		
		2.2	_		ttactctttc		
			_		cccgggcagc	22 2	_
		_			cgccaccgca		
4 (	021	aacttctcgg	acttttgcat	ggcctttcca	gcgcccgttc	gtggcgctgt	ctcaacatat
4 (	081	ttctagactc	caagtatctt	tatcattacc	ttcggaccct	tgccctgggc	accttccaag
4.1	141	gcaggtcctc	tcaggccccc	tttcaggccc	tcctgccccg	cttactatcg	cgtaaggtcg
42	201	tctatttgca	ccacgttcgc	agccatacca	atctacctga	tcccatctcc	aggctcaacg
42	261	ctctcacaga	tgccctacta	atcacccctg	tcctgcagct	ctctcctgca	gaactacaca
43	321	gtttcaccca	ttgcggacag	acggccctca	cattgcaagg	ggcaaccaca	actgaggctt
					gcaaaaataa		
4	441	ggggacacat	ccgccgtggc	ctacttccta	accacatctg	gcaaggcgac	attacccatt
					atgtatgggt		
					gctcagaagc		
					taaacacaga		
		_	_	-	ttgctattcg		-
					gctctaatgg		
		_	_	_	ccatggataa	_	_
			-		actgccacaa		_
					cacattccct		
			_		gccgccagtg	2 22	2 2 2 2
					cggtaagcgc		
					caagacccgt		
					tttctcgcca cccagctgct		
					gcccagccag		
					cagcccccct		
					ctattccctc	_	
					tattcagacc		
				_	tatacaggag	_	
					gaagtttcac		
					ctagtcgacg	_	
		_			cctcccaccg		_
			-		ataccatgga		
		_			acttgcattg		_
					aacgtctctg		
					gcccccacc		
			_		atagtctcct		
60	061	atcctgcccc	ccttttcctt	gtcacctgtt	cccaccctag	gatcccgctc	ccgccgagcg
61	121	gtaccggtgg	cggtctggct	tgtctccgcc	ctggccatgg	gagccggggt	ggctggcggg
			_		aagagcctct		
			-	-	aaccacaaaa		
					ctcctgttct		
					aatattacta		
					ctgactggct		
64	481	ggcctctcac	agtgggctcg	agaggcctta	caaactggaa	tcacccttgt	cgcgctactc

```
6541 cttcttgtta tccttgcagg accatgcatc ctccgtcagc tacgacacct cccttcgcgc
6601 gtcagatace eccattacte tettataaae ectgagteat ecetgtaaac caageacata
6661 attattgcaa ccacatcgcc tccagcctcc cctgccaata attaacctct cccattaaat
6721 cctccttctc ctgcagcaac ttcctccgtt cagcctccaa ggactccacc tcgccttcca
6781 actgtctagt atagccatca atccccaact cctgcatttt ttctttccta g<mark>cactatgct</mark>
6841 gtttegeett eteageeeet tgteteeaet tgegeteaeg gegeteetge tetteetget
6901 ttctccgggc gacgtcagcg gccttcttct ccgcccgcct cctgcgccgt gccttctcct
6961 cttccttcct tttcaaatac tcagcaatct gcttttcctc ctctttctcc cgctcttttt
7021 ttcgcttcct cttctcctca gcccgtcgct gccgatcacg atgcgtttcc ccgcgaggtg
7081 gcgctttctc ccctggaggg ccccgtcgca gccggccgcg gctttcctct tctaaggata
7141 gcaaaccgtc aagcacagct tcctcctcct ccttgtcctt taactcttcc tccaaggata
7201 atagcccgtc caccaattcc tccaccagca ggtcctccgg gcatggcaca ggcaagcatc
7261 gaaacagccc tacagataca aagttaacca tgcttattat cagcccactt cccagggttt 7321 ggacagagcc ttcttttcgg atacccagtc tacgtgtttg gagactgtgt acaaggcgac
7381 tggtgcccca tctctggggg actatgttcg gcccgcctac atcgtcacgc cctactggcc
7441 acctgtccag agcatcagat cacctgggac cccatcgatg gacgcgttat cggctcagct 7501 ctacagttcc ttatccctcg actcccctcc ttccccaccc agagaacctc taagaccctc 7561 aaggtcctta ccccgccaat cactcataca acccccaaca ttccaccctc cttcctccag 7621 gccatgcgca aatactcccc cttccgaaat ggatacatgg aacccacct tgggcagcac 7681 ctcccaaccc tgtcttttcc agaccccgga ctccggccc aaaacctgta caccctctgg
7741 ggaggeteeg ttgtetgeat gtacetetae eagettteee eececateae etggeeeete
7801 ctgcccacg tgattttttg ccaccccggc cagctcgggg ccttcctcac caatgttccc
7861 tacaagcgaa tagaagaact cctctataaa atttccctta ccacaggggc cctaataatt
7921 ctacccgaag actgtttgcc caccaccctt ttccagcctg ttagggcacc cgtcacgcta
7981 acageetgge aaaacggeet cetteegtte cacteaacce teaceactee aggeettatt
8041 tggacattta ccgatggcac gcctatgatt tccgggccct gccctaaaga tggccagcca
8101 tetttagtae tacagteete eteetttata titeacaaat tieaaaceaa ggeetaeeae
8161 ccctcattcc tactctcaca cggcctcata cagtactctt cctttcataa tttacatctc
8221 ctgtttgaag aatacaccaa catccccatt tctctacttt ttaacgaaaa agaggcagat
8281 gacaatgacc atgagcccca aatatccccc gggggcttag agcctcccag tgaaaaacat
8341 ttccgcgaaa cagaagtctg aaaaggtcag ggcccagact aaggctctga cgtctccccc
8401 cggagggaca gctcagcacc ggctcaggct aggccctgac gtgtccccct gaagacaaat
8461 cataagetea gaeeteeggg aageeaeegg aaceaeeeat tteeteeea tgtttgteaa
8521 geogecetca ggegttgaeg acaacecete aceteaaaaa actttteatg geaegeatat
8581 ggctgaataa actaacagga gtctataaaa gcgtggagac agttcaggag ggggctcgca
8641 teteteette aegegeeege egecetaeet gaggeegeea tecaegeegg ttgagtegeg
8701 ttctgccgcc tcccgcctgt ggtgcctcct gaactgcgtc cgccgtctag gtaagtttag
8761 ageteaggte gagaceggge etttgteegg egeteeettg gageetaeet agacteagee
8821 ggttctccac gctttgcctg accetgcttg ctcaactctg cgtctttgtt tcgttttctg
8881 ttctgcgccg ctacagatcg aaagttccgc ccctttccct ttcattcacg actgactgcc
8941 ggcttggccc acggccaagt accggcgact ccgttggctc
```

In bzw sind die codierenden Sequenzabschnitte gekennzeichnet. Es befinden sich insgesamt 7 Gene in der DNA-Sequenz

# First 100 bp of genome sequence (part of gene 1):

```
atgggcca aatcttttcc cgtagcgcta gccctattcc gcggccgccc cgggggctgg ccgctcatca ctggcttaac ttcctccaag cggcatatcg cc (803\text{-}902\ bp)
```

# Aufgabe 3:

# Codierende Sequenzen in Aminosäuren übersetzt (1. 5'3`Frame):

# 1.Gen (803-2092 bp):

MGQIFSRSASPIPRPPRGLAAHHWLNFLQAAYRLEPGPSSYDFH

QLKKFLKIALETPVWICPINYSLLASLLPKGYPGRVNEILHILIQTQAQIPSRPAPPP

PSSPTHDPPDSDPQIPPPYVEPTAPQVLPVMHPHGAPPNHRPWQMKDLQAIKQEVSQA

APGSPQFMQTIRLAVQQFDPTAKDLQDLLQYLCSSLVASLHHQQLDSLISEAETRGIT

GYNPLAGPLRVQANNPQQQGLRREYQQLWLAAFAALPGSAKDPSWASILQGLEEPYHA

FVERLNIALDNGLPEGTPKDPILRSLAYSNANKECQKLLQARGHTNSPLGDMLRACQT

WTPKDKTKVLVVQPKKPPPNQPCFRCGKAGHWSRDCTQPRPPPGPCPLCQDPTHWKRD

CPRLKPTIPEPEPEEDALLLDLPADIPHPKNSIGGEV

# 2.Gen (2994-5189 bp):

MQLAHILQPIRQAFPQCTILQYMDDILLASPSHEDLLLLSEATM

ASLISHGLPVSENKTQQTPGTIKFLGQIISPNHLTYDAVPTVPIRSRWALPELQALLG
EIQWVSKGTPTLRQPLHSLYCALQRHTDPRDQIYLNPSQVQSLVQLRQALSQNCRSRL
VQTLPLLGAIMLTLTGTTTVVFQSKQQWPLVWLHAPLPHTSQCPWGQLLASAVLLLDK
YTLQSYGLLCQTIHHNISTQTFNQFIQTSDHPSVPILLHHSHRFKNLGAQTGELWNTF
LKTAAPLAPVKALMPVFTLSPVIINTAPCLFSDGSTSRAAYILWDKHTLSQRSFPLPP
PHKSAQRAELLGLLHGLSSARSWRCLNIFLDSKYLYHYLRTLALGTFQGRSSQAPFQA
LLPRLLSRKVVYLHHVRSHTNLPDPISRLNALTDALLITPVLQLSPAELHSFTHCGQT
ALTLQGATTTEASNILRSCHACRKNNPQHQMPRGHIRRGLLPNHIWQGDITHFKYKNT
LYRLHVWVDTFSGAISATQKRKETSSEAISSLLQAIAYLGKPSYINTDNGPAYISQDF
LNMCTSLAIRHTTHVPYNPTSSGLVERSNGILKTLLYKYFTDKPDLPMDNALSIALWT
INHLNVLTNCHKTRWQLHHSPRLQPIPETHSLSNKQTHWYYFKLPGLNSRQWKGPQEA
LQEAAGAALIPVSASSAQWIPWRLLKRAACPRPVGGPADPKEKDHQHHG

# 3.Gen (5126-5185 bp und 7304-7813 bp):

MPKTRRPRRSQRKRPPTPWPTSQGLDRAFFSDTQSTCLETVYK

ATGAPSLGDYVRPAYIVTPYWPPVQSIRSPGTPSMDALSAQLYSSLSLDSPPSPPREP

LRPSRSLPRQSLIQPPTFHPPSSRPCANTPPSEMDTWNPPLGSTSQPCLFQTPDSGPK

TCTPSGEAPLSACTSTSFPPPSPGPSCPT

#### Frei verwendbar

# 4.Gen (5182-5185 bp und 7304-8361 bp):

MAHFPGFGQSLLFGYPVYVFGDCVQGDWCPISGGLCSARLHRHA

LLATCPEHQITWDPIDGRVIGSALQFLIPRLPSFPTQRTSKTLKVLTPPITHTTPNIP

PSFLQAMRKYSPFRNGYMEPTLGQHLPTLSFPDPGLRPQNLYTLWGGSVVCMYLYQLS

PPITWPLLPHVIFCHPGQLGAFLTNVPYKRIEELLYKISLTTGALIILPEDCLPTTLF

QPVRAPVTLTAWQNGLLPFHSTLTTPGLIWTFTDGTPMISGPCPKDGQPSLVLQSSSF

IFHKFQTKAYHPSFLLSHGLIQYSSFHNLHLLFEEYTNIPISLLFNEKEADDNDHEPQ

ISPGGLEPPSEKHFRETEV

# 5.Gen (5182-5185 bp und 6832-7553 bp):

MALCCFAFSAPCLHLRSRRSCSSCFLRATSAAFFSARLLRRAFS

SSFLFKYSAICFSSSFSRSFFRFLFSSARRCRSRCVSPRGGAFSPGGPRRSRPRLSSS

KDSKPSSTASSSSLSFNSSSKDNSPSTNSSTSRSSGHGTGKHRNSPTDTKLTMLIISP

LPRVWTEPSFRIPSLRVWRLCTRRLVPHLWGTMFGPPTSSRPTGHLSRASDHLGPHRW

TRYRLSSTVPYPSTPLLPHPENL

# 6.Gen (5182 -6648 bp):

MGKFLATLILFFQFCPLILGDYSPSCCTLTIGVSSYHSKPCNPA

QPVCSWTLDLPALSADQALQPPCPNLVSYSSYHATYSLYLFPHWIKKPNRNGGGYYSA

SYSDPCSLKCPYLGCQSWTCPYTGAVSSPYWKFQQDVNFTQEVSRLNINLHFSKCGFP

FSLLVDAPGYDPIWFLNTEPSQLPPTAPPLLPHSNLDHILEPSIPWKSKLLTLVQLTL

QSTNYTCIVCIDRASLSTWHVLYSPNVSVPSSSSTPLLYPSLALPAPHLTLPFNWTHC

FDPQIQAIVSSPCHNSLILPPFSLSPVPTLGSRSRRAVPVAVWLVSALAMGAGVAGGI

TGSMSLASGKSLLHEVDKDISQLTQAIVKNHKNLLKIAQYAAQNRRGLDLLFWEQGGL

CKALQEQCCFLNITNSHVSILQERPPLENRVLTGWGLNWDLGLSQWAREALQTGITLV

ALLLLVILAGPCILRQLRHLPSRVRYPHYSLINPESSL

## 7.Gen (6836-7135 bp):

MLFRLLSPLSPLALTALLLFLLSPGDVSGLLLRPPPAPCLLLFL
PFQILSNLLFLLFLPLFFSLPLLLSPSLPITMRFPARWRFLPWRAPSQPAAAFLF

#### Frei verwendbar

### Die ersten 30 AS des 5'3'-Frames des 1. Gens lauten:

MGQIFSRSASPIPRPPRGLAAHHWLNFLQA

- (a) In der Genomsequenz liegen Basentripletts vor, die für bestimmte Aminosäuren codieren. Jedoch ist es möglich, dass mehrere unterschiedliche Basentripletts für ein und dieselbe Aminosäure codieren. Es gibt 64 mögliche Codon-Variationen, jedoch nur 21 Aminosäuren, die codiert werden. Der genetische Code ist also "degeneriert". Sucht man nun in der Aminosäuresequenz, hat man zum einen eine viel kürzere Sequenz (nur 1/3 so lang) und zum anderen ist die Charakterisierung deutlich einfacher (eine eindeutig zugeordnete Aminosäure). Des Weiteren kann mithilfe der Aminosäure-Sequenz direkt gezielter nach Genen gesucht werden.
- (b) Es ist sinnvoll alle 6 möglichen Übersetzungs-Frames zu durchsuchen, da zum Einen nicht immer klar ist, ab welcher Base translatiert wird und ob man sich auf dem codierenden- oder nicht-codierenden-Strang befindet. Es ergeben sich 6 "reading frames", da die DNA in aus 3 Basen bestehenden Codons eingeteilt wird, was 3 Leserahmen ergibt. Außerdem ist die DNA eine Doppelhelix, also gibt es 3 weitere Leserahmen auf dem komplementären Strang. In der Summe erhalten wir also 6 Leseraster.

Bsp.: Basensequenz ACGTATG

Leserahmen 1: ACG

Leserahmen 2: CGT

Leserahmen 3: GTA

Aufgabe 4:

http://pfam.xfam.org/family/PF02228.15#tabview=tab4



Abweichungen von eingegebener Suchsequenz in markiert:

Eingegebene Suchsequenz:

MGQIFSRSASPIPRPPRGLAAHHWLNFLQA

## Erhaltenes HMM Logo:

MGKIYSRS<mark>I</mark>SPIPKAPKGLA<mark>I</mark>HHWLNFLQA (AYRLFPGPSEYDFHQLKKFLKLALKTPVWLNPINYSLLASLLPK NYPGRVNEILAILIOETA)

In Klammern ist die weitere Aminosäure-Sequenz des Major core protein p19, welches über die HMM-Suche, aufgrund des eigegebenen 30 AS – langen Abschnittes, erhalten wurde.

(a) Die eingegebene Sequenz weicht von der erhaltenen Sequenz um 23,3 % ab. Die Abweichung beträgt ungefähr ¼ und kann beispielsweise durch vereinzelte Mutationen zustande gekommen sein.

Hätte man nicht nur die ersten 30 Aminosäuren des 1. Gens, sondern die gesamte Aminosäure-Sequenz mit der Pfam-Datenbank verglichen, hätte man 3 HMM-Logos erhalten:

https://www.ebi.ac.uk/Tools/hmmer/results/9D7DA4D2-7E28-11E8-8778-339353F04F9B/score (02.07.18, 20:49 Uhr)

# Aufgabe 5:

Ausgewähles Genom: Blueberry fruit drop associated virus

Wiederholung Aufgabe 2:

Komplettes Genom:

(https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC\_028462.1 (01.07.18, 20:15 Uhr))

```
ORIGIN
```

```
1 tggtatcaga gccctgtaac tctcctgtta ctcggcattt attattagca tatgtttgat
  61 tggacatttt gtagatctcc cacagcatca cagatcgctt ggaatagaca aaattgccct
 121 aatcacctat ccataactag tgtgcatcgt agtcacattt cgtcaggctt agaagccaaa
181 cctagtgtct tagctgaagt cctcaattat cagtcagatc agttatttga cataaaagga
 241 aaatctcaaa aaatagcaga agtcgtagac tggactgcag agtttttaga aaatcaaaaa
 301 caatcagatc tgcctaacaa caagcttgac ttcgtcaaga cttccatcga cttgttagca
 361 acagaatttg cagggttcaa agaagccaga acagagttca ttgaacaaat tatcaggcgt
 421 qttcttgacg ctgataaaaa gaatcttacc caactcaccg gggtaattga agaacaagtc
 481 tctcaactca aaggagtaat tgaagaactt aggtttgacc cagataaacc taagccagct
 541 gaaatacgaa cacaaacact tgcagaagaa atagcagctt cggcggttgc tatccagaag
 601 gtccttagca aactagagga gctagtggct aaggttgact ctacggtatc agaagttttc
 661 agagtcacca agagaatcga ggctacctca acatgagtgg cttcaaacta tcttcaccat
 721 ccgacgaaga tttgaaccgt tggctaactg atgagttaga tcgggttcaa aataaaatta
781 ttggaaaggt caaagatgtt gacccagatc atgtcgccat ggcagaacca ggcgaaaatc
841 atttacgaaa tggtaaagtt ctgattcacc aaatgaatcg aatgtttgcc accatcaata
901 ccatgttcga aaagcaactt tggttcgaac aaagacagaa ggtgctattc caaaatcttt
961 gggattttct caacagctat gatgagaacc agaaggcaca acagaaagct ttaaaagaca
1021 gtcaagacaa tattgctctt gccacaagaa acattgctcg catgttggag caagtcaaag
1081 gaattgaaga agtcatcaat actgtctttc aaaccattga aggaattctc aatgtcaaca
```

1141	aacagtttat	gacagcagag	aaacaaaggg	agcagatctt	gcaaagtcaa	cttaagcaaa
1201	ttaaagacca	attggcagaa	ccagttgtgt	taagcaaacc	tgtcagtgat	ccagctcttg
	aaggtcacct					
		_				
	taatcgacta					
1381	cagtcagtga	aaggagcaaa	tcatttatga	gcttcgatca	cccaaagcca	gtagaatcag
1441	ttctacccaa	ggcaagaatg	ttcagtatgt	ttgcaggagg	caaacccaaa	agcagcattg
1501	tcagatccct	ggagttagaa	gttgaagaac	aacctaaaqt	cctcaaagac	tataaggttc
	caaaattatc			_	_	
	gcatcaagca					
	tggataaagg					
	cagtccaagt					
1801	tttgcagaga	caaccgttta	aaatctcttc	aaaagggatt	actcggggct	ttgcaagcaa
	gcctcaacaa					
	atgcccatga					
	acactgatct		_			
	ccatgtcaaa	_				
2101	accataccat	ttctcatact	aagaagatag	actggaagga	actcaaccaa	agtgagtttc
2161	ccaaagaatg	gagtatcaac	agtgaagaac	ctccagaagc	caagtcttcg	tcagtcatca
2221	ctggcattta	tcagcatgaa	aatggcaata	taaqtatqcq	ttttcaccaa	gctggagaag
	gaagtagtca					
	2 2 2		_		2 2	_
	aactggatgt					_
	aggaagttgt					
	tcgacgagat					
2521	agatgcaaag	aagaatcaac	caagggatat	cggtcagagc	tatcagtcaa	tcggtcaaca
	gacccagtac					
	gtacactcga			_		
	taccactcat					
	aaccaaggat					
2821	acaaccccga	tccaagagga	aatattgacg	aatgggtcaa	tactatgaac	atgttgattg
2881	tctcagaaac	cggaaaagca	tggagcccag	atgaagcaag	aacctactat	gcctgtacat
	tcaaaggcat					
	ggttgagcac					
	agttctgcag					
	aacttgtgaa		_	_		
3181	acttggcata	ctacaacctt	ggcatattca	acaataacac	atacagagat	atgttcattc
3241	aaaagcttcc	agatccatgg	aaggaatatc	ttaccaatga	aagagccaaa	gaagcaggaa
	atgaagaatg					
	ccattcaagc					
	tttgccagca				_	
		=			=	
	ataagaagaa					
3541	agaaaggatt	tgaaaaatca	aagatcaatc	cccagaagaa	tttcaaaaga	agattcaaac
3601	agaagtctgg	aaaggagatt	gaggatcgaa	agaagcagag	caaaagcaaa	cctacatcct
3661	ctaaaggagt	agccaacgtt	tactagaact	gtaatcagca	gggtcatttc	tcaagagaat
	gcccaagaaa					
	ctctcatgag					
	aaacagaaag					
	tcaggatgat					
3961	acacccagga	gattggggac	gtcgtgtctt	ttgaagctat	actggagtat	gaaaagttcg
4021	agtgtgattt	ctgcaaaaca	tctgcagacc	aatacacacc	agtcatacaa	cgaagcgatc
	ttagcaaaga					
	aaaccaagaa					
	gagatgccaa				_	
	caacaagaag					
	caaaaattgg					
4381	gtccaggtgc	tacaagcagt	aatccacttq	aagaaaacgt	ggatactccc	aaagacctaa
	aaggtcaaat					
	attggaaaag					
	agctgtttga					
	aaattcccat					
	ttgaaaaact					
4741	agccagatgc	aacccctgaa	ttcaggcata	aagacaacag	catctacatc	tctgccgctt
4801	tcagattcaa	aggatatgaa	gaatatcatc	tccactgtct	agtcgacacc	ggagccagca
	tcacacttgc					
	11.10090		J		J	

4 9	921	atgaaatcaa	aatcacagtg	gcaaatggag	aaacttgtaa	aatcgacaag	tatgccacca
4 9	981	atgtgcccat	atacatttca	ggtatcaagt	ttactattga	aaaagtattg	caatttaata
				atcggaaatg			
51	L01	aatacccaga	tcgtatttca	atagccaaaa	acggaatttc	gtatatcaca	aacgtggtag
51	L61	aacgaccagt	ttccgtagca	tacagaaaag	aatttctgga	aagacgaaaa	attccagacc
52	221	atcagcagtc	acacaaggtg	aagtgtggtg	aaaattacaa	agtccaaaaa	caageceaag
			22 2	2 2 22 2		_	_
		_	_	gactatggta			
				ggatttcagc			
54	101	aaatccagcc	catcaatgat	gagcccaatg	aagaagtcag	gcccggattc	cagcccatcg
				aatgaaatcc			
				gatatcaggc			
				gcccactatg			
56	541	acctaaatgt	gctcgaagaa	caaatcagca	gatgcagcat	tgaagagctc	accaaacagc
57	701	ttgagcccaa	catcagtgac	aatccaatcc	acaagtggga	totcacccaa	acctatacta
				tatgcactca			
				-		-	
				agacaactcg			_
58	381	ccagtaagag	tccacattcc	agcccagcat	tctgtgtcag	aaatcatgct	gagatcaaga
59	941	gacagaaagc	ccacattatc	atcaactaca	aagaactcaa	tcgagtcacc	aaagacgatg
				gagaccttag			
				ggatattggc	-		_
61	121	tcactgcatt	cagcaccccc	aagggtcagt	atgaatggaa	ggtccttcca	tttggattaa
61	181	agaatgcacc	aaacatattc	cagcgaagga	tggacaaaat	cttcaaagat	tgttatcagt
				gatatactcg			
				aacaaaattg		-	_
		2 22		_	2 22		2 2
				agcattgact		_	
64	121	tcaagttgca	gcctcacatc	cttactcacc	tcatggagtt	tcctgacaaa	ctcaaggatc
64	181	gacttcaggt	ccagcagttt	ctcggatgtg	tcaactacqc	cggaaagttc	atacaaaggc
				ttgcatacca			
				-	_	-	
			-	gtccaactca			
		_		tggaagatcg	=		_
67	721	gggcaggaac	aattggagct	atcagccctg	acaagaagga	agaagtaatt	tgtgcttaca
67	781	gaagcggaac	gttcaaacct	gctgagcaaa	attactccac	ccaagaaaaa	gaagtcttag
				aaggccaaga			
		_		ctattccttg	-		
		-		_	-		
				atcatgctta			
70	)21	ctggtgtttc	taattatttg	cctaatgccc	ttactcgtga	aatggcaggt	tgcaatatca
70	081	tttaccagat	caaaatggta	aaccatggaa	aagccccaag	gatggatctt	agagatgtca
71	141	tcacttccaa	ggctagagct	agagaaaatc	agcagetega	aaatgaagac	atccattgga
				tcaagaagct			
				gaatacaaga			
				agctcatggc			
73	381	tgttaaaagc	catggccaaa	gaatttgaag	gactcaacaa	attgaagaat	ggcaatccag
74	141	ccaaaagagt	caaaacaagc	agagaggcca	aactggccag	atggaaagct	caacccaaga
				tggcgtacaa			
				gaagaattgt			
76	521	cccaattgca	atggtggtcc	caactcaaca	agttatggca	gtatcagccg	cctgagcaaa
76	581	gtttcatctg	caaagctact	tgctttgaca	acaatcatac	catgctcaaa	ctcaaatgtc
				cctgagttca			
				agtgattaca			
		-			-	-	
				aaagatattg	_	-	
7.9	921	ccccaggaga	atggaactac	aaagattgtt	cctattatta	tccttatcat	ctggtgagga
79	981	tttatgatag	agttccatct	gtcactagag	atacaatcct	tgaaggagaa	atcttccccc
				attcaaagag			
				ctcagccgtg			
				gacctcatca			
				aggttcatct			
82	281	cttgtgaaag	ttacagcctt	ttccaaagct	tatccttaaa	ggtacccatg	aattatgata
83	341	cccaqctqqa	aattgactgt	attcagacat	tggatgctgc	tcaaagtgaa	gacccatqtq
				gattcgtact			
				ggataaggcc			
				tgctttcggt			
				tgtacgaaaa			
86	541	tcatttgaat	ttccatttca	tttgcttttg	taaactccta	tataaggaga	tgtgtgttta

```
8701 gttgtaagge attegaatee caacetagaa ateactacat attgtaagaa gtgtggaage
8761 teteaagate tteaagattt etettgtaag ttetttttat gaataaaagt ttgatgtttt
8821 attctaacat ggagtagtec ttagggegee tetetggagg aggeetetgt tatgeatgtt
8881 tgtggttatg ctttaactat atgaatgttg tattagagta tgatataact atggaggttc
8941 gaagcactag agtctgttaa cataactcta tgataaacca gaagagaggt tatggtttca
9001 ttacttcact catgtctact gcaaaatttt ggaaaacaaa tgttctttgt caccagacct
9061 tatcaaatat acttttttgg ctaatgggaa aaatggagtt ttctgtttgg aagaacgaag
9121 gaggaatggc agtgaggtgt aggcctagat cccggtgttt gccaagaggg cgttgtgttg
9181 ggtgtggttg aagccgaagg caagtttcct ctggttgttt gtattcttaa aacaaagttt
9241 ggcccttcta gaggaaaagg tttgataaac gaatggtatt ttggtaacaa aagattttta
9301 gtatctgaaa tattgcagat gtatgagcgc tcttgtattt tttggccaca agtcttggta
9361 tggtttatct atgatgagtt tgaaactacg ttgcttcaga gtccttgtat atcagagtct
9421 tttataacgg aagttggttg gcccataccc acaggtcttg cataataagc cgtccgaaag
9481 agaatageca tttacattat atteetgttt agageateae ttttatgtee tgttateatt
9541 ggagaaatac agatctacag catataagtc ttcttgcatc tattcgtagt tatcagagca
9601 tttataatta taaacttgca tctttaggta ttaactatcc gcatagtctt gctttagaag
9661 ctagatctag aattagtcag ttatttagta tttactgcag taaaagtgtg cttacagtag
9721 atgagttgtt atattgctta gaaagtcata atttctttat ccgcattcaa gcactaccag
9781 atcqtqttta ctttaqqttt tataqqtctq tttqcacttq ttttqcatta taacatcatc
9841 ttgtttttat
```

In ist der codierenden Sequenzabschnitt gekennzeichnet. Es befindet sich ein Gen auf der DNA-Sequenz

## First 100 bp of genome sequence:

```
atgagtgg cttcaaacta tcttcaccat ccgacgaaga tttgaaccgt tggctaactg atgagttaga tcgggttcaa aataaaatta ttggaaaggt ca (693-792\ bp)
```

# Wiederholung Aufgabe 3:

Codierende Sequenz in Aminosäure-Sequenz übersetzt (1. 5'3`Frame):

## 1.Gen (693-8486 bp):

MSGFKLSSPSDEDLNRWLTDELDRVQNKIIGKVKDVDPDHVAMA

 $\verb|EPGENHLRNGKVLIHQMNRMFATINTMFEKQLWFEQRQKVLFQNLWDFLNSYDENQKA|$ 

 $\verb"QQKALKDSQDNIALATRNIARMLEQVKGIEEVINTVFQTIEGILNVNKQFMTAEKQRE"$ 

QILQSQLKQIKDQLAEPVVLSKPVSDPALEGHLKSINRGVKNLVERAELLIDYEELAA

KIGKNISTQGIAVSERSKSFMSFDHPKPVESVLPKARMFSMFAGGKPKSSIVRSLELE

VEEQPKVLKDYKVPKLSVKQLYEQGSMMQRNAYRIKQIERKIPYDPNTKVIHLVDKGE

MDRMKAKGYEYVHFGAVQVVFRLLARRDLNCSVLSICRDNRLKSLQKGLLGALQASLN

NQVAYFVCIPNFSCTIEDAHEALVLCVQTHGTDFKEGYTDLAIEYIVTYKFMTSDMEA

MSKLKATEGFNSMVISDRNNHTISHTKKIDWKELNQSEFPKEWSINSEEPPEAKSSSV

ITGIYQHENGNISMRFHQAGEGSSHSKAQTHPVHIFDDEPIQLDVSKSGRPKARMIRA

 ${\tt STRKEVVVELHDINSIREISDEKLDEIYATTSDPQYFNYTVLPEMQRRINQGISVRAI}$ 

SOSVNRPSTSGDSKEVPITSEVPSSSTLEGKGKTKKFTPAGSSIKLPLITGVPTGKPN EFNTERYKPRIEPNPAVSPNGVWLDIDNNPDPRGNIDEWVNTMNMLIVSETGKAWSPD EARTYYACTFKGIARKWFDKYKETDEYVLWLSTIERSKSPSDFATCLYKQFCREQDPS KKEKDLEILKGKLVNLTISDLKYFLSYVNEYNLAYYNLGIFNNNTYRDMFIQKLPDPW KEYLTNERAKEAGNEEWTLGNLIEFVKTKLADLAIQAWRAKRMQKLYSKSGLSFCQHL IDIPTQWGGRNKELKHKKKGKKIKSFKRYKFRKSKKKGFEKSKINPQKNFKRRFKQKS GKEIEDRKKQSKSKPTSSKGVANVCWNCNQQGHFSRECPRKNARLIELQEAADTWEIP LMRIEEDDDYSDTSSIYSLETESDSESSDSDQESEDEDTVRMIKTQFGIKTIRLNNWP HDTQEIGDVVSFEAILEYEKFECDFCKTSADQYTPVIQRSDLSKEGTISYHTWCFTSL VMRETKNAEVPQLVQREVDLAKLRDAKKKFEQAQLKEEQERLRATRRPVILEVYDDAE ELEEMSKIGGHLEELSIKLRRPVAASPGATSSNPLEENVDTPKDLKGQILLCPIFKGP IPKRTEADWKREEEERNRKLVESYRKLKLFERYKEVRNEVLOOIPOHOIPINTIITVK SSPTEMLADIEKLMEEVKKLOOKESTPEDKPDATPEFRHKDNSIYISAAFRFKGYEEY HLHCLVDTGASITLATQWAIPEEKWITIPHGNEIKITVANGETCKIDKYATNVPIYIS GIKFTIEKVLQFNKQGCDFLIGNDFFMKYAPYTQYPDRISIAKNGISYITNVVERPVS VAYRKEFLERRKIPDHQQSHKVKCGENYKVQKQAQENDFTIEDYGTTDSEAEEPIYDA IYDKGFQPIESDDEPNDEIQPINDEPNEEVRPGFQPIESNDEPNNEIQPSNDEPNKEV RPKPTKDIRPKPITEEDFQAELRLVEAHYEKQARPKQRPNLNVLEEQISRCSIEELTK QLEPNISDNPIHKWDVTQTYADIQLKDPYALIRVKPMPYSAEDEAEFERQLEEQLKLE LIQPSKSPHSSPAFCVRNHAEIKRQKARIVINYKELNRVTKDDGYFLPNLETLVYQVA EARVFSKFDCKSGYWQIKLTPESIPLTAFSTPKGQYEWKVLPFGLKNAPNIFQRRMDK IFKDCYQFCGVYVDDILVFSKDKEEHLLHLDIIINKIVQNGIIIGRTKYELVRESIDF LGVTICKGKIKLQPHILTHLMEFPDKLKDRLQVQQFLGCVNYAGKFIQRLAELCSVLH TKLKKDHKWKFTEDDVKRVQLIKKVCANLPELTLPPPTWKIVLQTDASDHHWAGTIGA ISPDKKEEVICAYRSGTFKPAEONYSTOEKEVLAIIRTIOKAKIFVLKPFLVRTDSKF AALFLDKKINESLARGRLIRWOIMLROYYLDIEHIPGVSNYLPNALTREMAGCNIIYO IKMVNHGKAPRMDLRDVITSKARARENQQLENEDIHWKQHLASTSRSFAKRKDVPMPS PIPPFEYKTYRRLTEEQKSQLDWLTSSWHTVDQDTFFDVLKAMAKEFEGLNKLKNGN PAKRVKTSREAKLARWKAQPKKFTFFEEWRTILLRRLRNWTNGATIMDEELYQRIINT PCRAQLQWWSQLNKLWQYQPPEQSFICKATCFDNNHTMLKLKCPPINKLTPEFMDWFE NGFIQSFALKRTSDYSLLPTDFIKVIEQIWAIKDIGNTLFIMMYSAPGEWNYKDCSYY

### Amelie Faber

YPYHLVRIYDRVPSVTRDTILEGEIFPHLRSQEQIQRDEEMGMYEPLYCPIDDWLSRD PRHVSKWRAFALMEIQDLINEDKGFLPRWHYIHSNQRFIFEVEGISMTRACESYSLFQ SLSLKVPMNYDTQLEIDCIQTLDAAQSEDPCDEPYDESDSYWQDMDDETWHNIENMME G

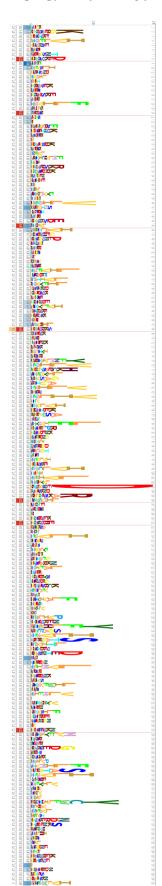
# Die erste AS-Sequenz (79 bp lang) des 1. 5'3'-Frames, die ein HMM-Profil ergibt, liegt im Bereich 303-381 bp des 1. Gens und lautet:

 ${\tt MMQRNAYRIKQIERKIPYDPNTKVIHLVDKGEMDRMKAKGYEYVHFGAVQVVFRLLARRDLNCSVLSICRDNRLK}$   ${\tt SLQK}$ 

(303-381 bp)

# Wiederholung Aufgabe 4:

http://pfam.xfam.org/family/PF01107.17#tabview=tab4 (02.07.18, 20:43 Uhr)



Frei verwendbar

Das abgebildete HMM-Logo gehört zum Viral movement protein (MP).

# Eingegebene Suchsequenz:

 ${\tt MMQRNAYRIKQIERKIPYDPNTKVIHLVDKGEMDRMKAKGYEYVHFGAVQVVFRLLARRDLNCSVLSICRDNRLK}$ 

SLOK

# Erhaltenes HMM Logo:

Siehe Bild.

Es konnten keine übereinstimmenden Sequenzabschnitte zwischen dem erhaltenen HMM-Logo und der eingegebenen Sequenz erkannt werden.

Somit kann nicht festgelegt werden, wie ähnlich sich die Sequenzen bzw. kann gesagt werden, dass sie überhaupt nicht miteinander einstimmen.

Der Grund hierfür konnte nicht ermittelt werden, da mangelnde Kenntnisse zum HMM-Suchvorgang vorliegen.

Meines Erachtens hätte zumindest eine kurze Sequenz (einzelne Aminosäure-Abweichungen möglich) mit der eingegebenen Sequenz übereinstimmen müssen, um einen Treffer für ein charakteristisches Protein zu erlangen (hier: Viral movement protein).