

Übung Bioinformatik 2

9.5.2022

Marlene Leisner (5562003)

2.1.1 AAKMWV
ASKMVV $\frac{4}{6}$ Stimmen überein $\rightarrow 66,6\%$

Wahrscheinlich sind die Sequenzen homolog, da es während der Replikation zu Punktmutationen kommen kann, die ~~zum~~ für andere Aminosäuren codieren

~~\rightarrow für diese Sequenzveränderung braucht es nur wenige Mutationen in der Basensequenzfolge~~

wahrscheinlich homolog, da $66,6\% > 30\%$: ab 30% I (percentual identity) ist die Sequenz wahrscheinlich homolog

2.1.2. $4 + 1 + 5 + 5 - 3 + 4 = 16 \rightarrow$ sehr positiver Wert

2.4 Needleman-Wunsch Algorithmus

$\sigma = -1$

	-	G	C	A	T	G
-	0	-1	-2	-3	-4	-5
G	-1	0	-1	-2	-3	-4
A	-2	-1	0	-1	-2	-3
T	-3	-2	-1	0	-1	-2
T	-4	-3	-2	-1	0	-1
A	-5	-4	-3	-2	-1	0

$\sigma = 0$

	-	G	C	A	T	G
-	0	0	0	0	0	0
G	0	1	0	-1	-2	-3
A	0	0	1	0	-1	-2
T	0	-1	0	1	0	-1
T	0	-2	-1	0	1	0
A	0	-3	-2	-1	0	1

Wenn die Lücken weniger bestraft werden, werden diese fast ausschließlich eingefügt (\rightarrow , \downarrow).

Zudem ist der Endscore höher (obwohl das Alignment ~~schlechter~~ qualitativ schlechter ist)

2.5.1 • Welche Variante?

BLASTP (2.13.0+), da es sich um eine Aminosäuresequenz handelte und wir das zugehörige Protein finden wollten

• Welcher Organismus? Bäcker Hefe (*Saccharomyces cerevisiae*)

- welches Protein?

percentage
identity

Hexokinase 1

99,79%

(nur eine Punktmutation an Stelle
401: D → A)

Hexokinase
isoenzyme 1

99,59%

(zwei Mutationen: ~~an Stelle~~ oben
genannte + an Stelle 217
I → V)

- E-value / E-Score

Anzahl der erwarteten Treffer mit ähnlichem
Score, die zufällig gefunden wurden

→ je kleiner, desto besser das match
der E-Wert / desto besser stimmen
die Sequenzen überein

⇒ bei ~~fast~~ allen Treffern 0,0

→ also kein Treffer nur zufällig

2.5.2. siehe Anfang der Seite (oben rechts)

2.4. optimale Alignments

$\sigma = -1$

[G C A T G -
G - A T T A

[G C A T - G
G - A T T A

[G C A - T G
G - A T T A

$\sigma = 0$

[G C A T G -
G - A T - T A

[G C A T - G
G - A T T - A

[G C A - T G
G - A T T - A

[G C A - T - G
G - A T T A -

[G C A T - - G
G - A T T A -