Aufgabe 2

Human Gene Sequenz von “Human Hemoglobin subunit alpha”(HBA)

MVLSPADKTN VKAAWGKVGA HAGEYGAEAL ERMFLSFPTT KTYFPHFDLS   
HGSAQVKGHG KKVADALTNA VAHVDDMPNA LSALSDLHAH KLRVDPVNFK   
LLSHCLLVTL AAHLPAEFTP AVHASLDKFL ASVSTVLTSK YR

Human Gene Sequenz von “Human Hemoglobin subunit beta”(HBB)

MVHLTPEEKS AVTALWGKVN VDEVGGEALG RLLVVYPWTQ RFFESFGDLS   
TPDAVMGNPK VKAHGKKVLG AFSDGLAHLD NLKGTFATLS ELHCDKLHVD   
PENFRLLGNV LVCVLAHHFG KEFTPPVQAA YQKVVAGVAN ALAHKYH

Aufgabe 3

**Unterschied zwischen einem globalen Sequenz-Alignment und einem lokalen Sequenz-Alignment**

**Global Sequenz Alignment**

In einem globalen Sequenz-Alignment wird die komplette Sequenz total von Anfang bis zum Ende auf die Gemeinsamkeiten mit der anderen Sequenz analysiert. Die Länge der vergleichbaren Sequenzen sollte idealerweise gleich groß für ein globales Alignment sein. Normalerweise werden die homologen Gene mit der gleichen Funktion (z.B. von einem Maus und dem Menschen) oder zwei Proteine mit der ähnlichen Funktion miteinander verglichen. Das globale Sequenz-Alignment wird auch als Needleman-Wunsch Algorithmus bezeichnet.

**Local Sequenz Alignment**

In einem lokalen Sequenz-Alignment bindet ein Query Motiv an seinen Target. Hier kann man die höchste Wahrscheinlichkeit an einer Insertion oder Deletion finden, weil die Sequenz an einem bestimmten Ort durchsucht wird. Die anderen Regionen vom Target können dann vernachlässigt werden, da Target größer ist als sein Query.

Aufgabe 4

a.

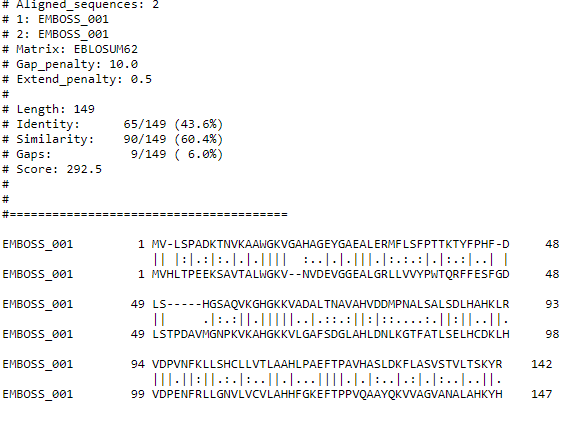


Abb.1. Globales Alignment mit voreingestellten Parametern

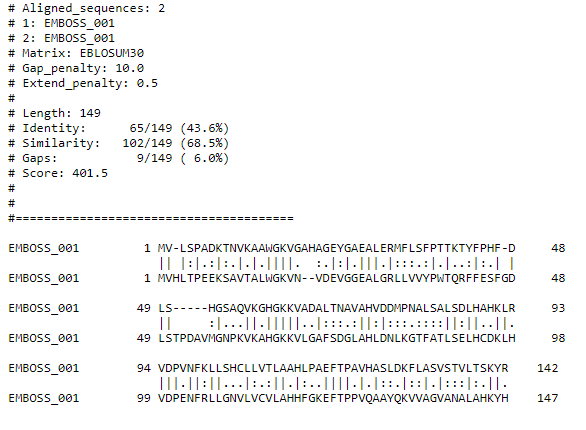


Abb.2. Globales Alignment mit einer anderen Substitution MATRIX

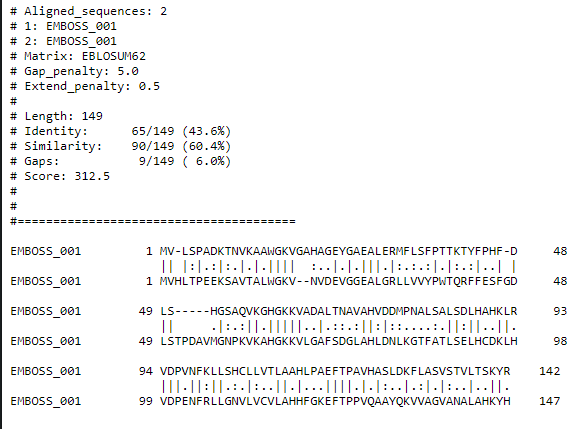


Abb.3. Globales Alignment mit einer anderen GAP OPEN penalty

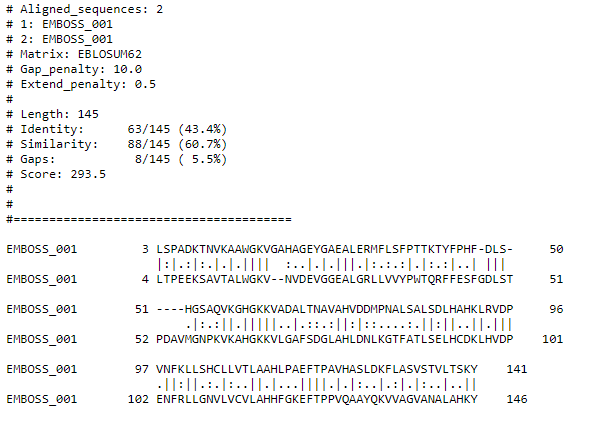


Abb.4. Lokales Alignment mit voreingestellten Parametern

a.)



Abb.5. Allignment von Human Hemoglobin subunit alpha und beta aus Vorlesung

Im Vergleich zu den Sequenz von Vorlesung und aus dem Such Tool sehen wir den Unterschied von Anfang, wo es in der zehnte Stelle der Beta Sequenz eine Insertion gibt und deshalb sind allen Basen eine Stelle vor verschoben. Die Anzahl der Deletion ist sogar mehr in die Sequenz aus Vorlesung als der gedruckte.

b.)

Substitutionsmatrix

Gibt die Rate und die Wahrscheinlichkeit an, mit welcher eine Aminosäure in eine andere mutieren/umwandeln kann. Es wird dazu verwendet, um einem bestimmten Alignment einen Score (Wahrscheinlichkeit an die Matches) zuzuordnen und zu bestimmen, wie gut das Alignment ist. Mit Blosum62 wird am häufigsten dazu benutzt, weil sein Score am höchsten ist.

https://de.wikipedia.org/wiki/Substitutionsmatrix

Gap Penalty

Mit Gap Penalty Tool führt man die Deletionen ein. Damit wird versucht, die Anzahl an besten Matches zwischen den Basen/Aminosäuren zu erhöhen. Durch die Deletion ändern die verbleibenden Basen/Aminosäuren ihre Position, wodurch neue Matches entstehen und der Score wird dadurch verbessert.