

Sequenzanalysen Übung

1) Finden Sie über BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) den Organismus zu dem die folgende Sequenz gehört:

```
CCTGTTTACTTATGTTTCGCAATAGTAACAACCTTTGATAAGGCAAGCAGTAAAAATACTCTAGCACA  
AGTTAATTTCTATTCTATATATTATGCGGATAATGATTGGTATTTAGCAGTGGATTTAGGCTATGG  
AAATTTCCAAAGCAACTTACAACTAATCATAATGCGAAATTTGCTCGCCATACTGCACAATTTGG  
TTTAACCGCAGG
```

Wie hoch ist der Score des besten Hits?

Wie hoch ist der E-value?

2) Vergleichen Sie die Sequenzen der zwei Gene BRCA1 und BRCA2. Suchen Sie dazu in der Nukleotid Datenbank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/>) nach den zwei Transkripten NM_007294.3 (Transkript von BRCA1) und NM_000059.3 (Transkript von BRCA2).

Führen Sie ein globales Alignment in BLAST aus. Gehen Sie dazu auf die BLAST Homepage (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) und suchen Sie in specialized searches nach: “Global Align”

Zu wieviel Prozent sind die Transkripte ident?

Versuchen sie einen “rohen” Dotplot mit Hilfe von YASS und den Sequenzen der zwei Transkripte zu erstellen (<http://bioinfo.lifl.fr/yass/yass.php>). Geben Sie dazu beide Sequenzen (BRCA1 und BRCA2 bei “Paste your sequence” (eine links, eine rechts) ein.

3) Suchen Sie in der NCBI Nukleotiddatenbank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/>) nach der mitochondrialen DNA des Mammuts (AP008987.1), des afrikanischen Elefanten (GenBank: AB443879.1) und des indischen Elefanten (GenBank: EF588275.2). Zusätzlich nehmen Sie noch daie Sequenz des menschlichen Mitochondriums dazu (J01415.2).

Führen Sie ein multiples Alignment mit Clustal-Omega (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>) durch, indem Sie die Sequenzen im FASTA-Format zusammen in das Eingabefenster kopieren.

z.B.:

```
>Sequenz1  
ACTACGACTGACT  
>Sequenz2  
TCGGCGCTTAGCC  
>Sequenz3  
TCGATCGGACGGC
```

Sie können sich das Alignment, sowie den phylogenetischen Baum ansehen. Ist das Mammut eher mit dem afrikanischen oder indischen Elefanten verwandt?