

## Aufgabe 2:

Die ersten 100 Basenpaare des Human T-cell leukemia virus type I:

```
ggctgcgcatc tctccttcac gcgcccgcgc cttacctga ggccgccatc cacgccggtt gattcgcggtt ctgccgcctc  
ccgcctgtgg tgctcctga
```

## Aufgabe 3:

Die ersten 30 Aminosäuren 1. 5'3' Frames:

GSHLSFTRPPPYLRPPSTPVESRSAASRLW

- (a) Die Suche in Aminosäuresequenzen ist der Suche in Genomsequenzen vorzuziehen, da sich die Zeit des Vergleichens um zwei Drittel verkürzt, da eine Aminosäure durch drei Basen beschrieben wird.
- (b) Es ist sinnvoller alle sechs möglichen Übersetzungsframes zu durchsuchen, da unklar ist, wo der Organismus ansetzt. So werden alle Möglichkeiten durchprobiert: die Leserichtung und die möglichen Überlappungen von Aminosäuren durch Verschiebungen werden berücksichtigt.

## Aufgabe 4:

Im weiteren Verlauf wurde eine Aminosäuresequenz aus dem dritten Frame verwendet, da andernfalls keine Ergebnisse erzielt werden konnten.

```
MGQIFSRASPIPRPPRGLAAHHWLNFLQAAYRLEPGPSSYDFHQLKKFLKIALETPVWICPINYSLLASLLP  
KGYPGRVNEILHILIQTAQIPSRPAPPPSSSTHDPPDSDPQIPPPYVEPTAPQVLPVMHHPHGAPPNHRP  
WQMKDLQAIKQEVSAAPGSPQFMQTI RLAVQQFDPTAKDLQDLLQ
```

HMM-Logo:

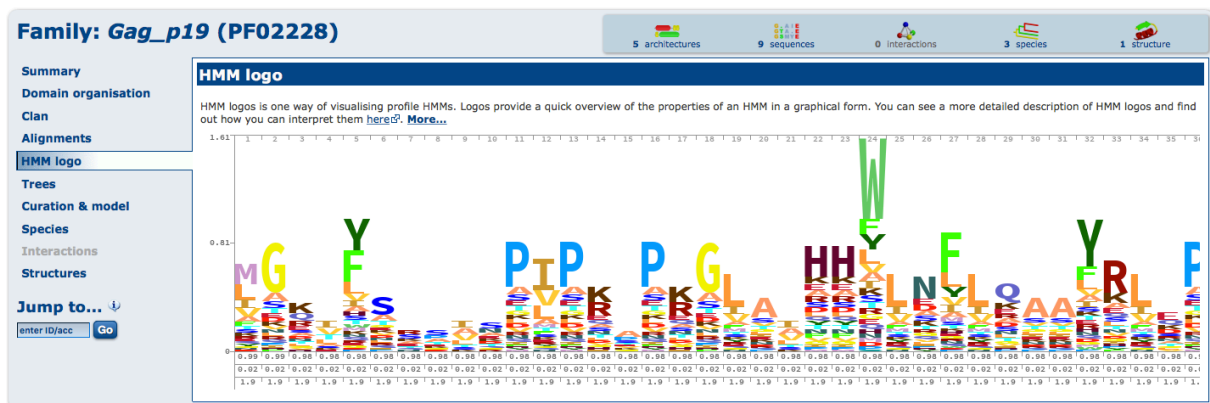


Abbildung 1: HMM-Logo von Human T-cell leukemia virus type I  
([http://pfam.xfam.org/family/Gag\\_p19#tabview=tab4](http://pfam.xfam.org/family/Gag_p19#tabview=tab4) (03.07.2018, 11:00 Uhr))

Vergleicht man die Suchsequenz mit dem Logo, so fällt auf, dass die Sequenz an den meisten Stellen sehr gut mit dem Logo übereinstimmt. Jedoch sind auch Abweichungen zu beobachten. Zum Beispiel ist die Übereinstimmung an Position 3 und 4 nicht gegeben, wohingegen Sequenz und Logo an Positionen 1,2,5 und 6 wunderbar zusammenpassen. Je größer die Buchstaben dargestellt sind, desto wahrscheinlicher ist eine Übereinstimmung.

## Aufgabe 5:

Die ersten 100 Basenpaare des Beet necrotic yellow vein virus RNA 4:

```
aaattcaaat ctcaaaatat atttgatatt ccagttgatt gtctgtaaaa caattccagt tgtttatctg taaaataaac
atgtatgctt gatcagcttt
```

Die ersten 30 Aminosäuren 1. 5'3' Frames:

KFKSQNIFVFPVDCL-NNSSCLSVK-TCML

ORF:

```
MADGEICRCQVTDPLIRHEDYDCTARMVQKRIEIGPLGVLLNLNMLFHMSRVRHIDVYPYLNINMSISV
SLDVPVSSGVGVGRVRVLIFTTSRERVGIFHWQVVPGCFLNAPCYSGVDVLSDELCEANITNTSVSSVA
MFNGSYRPEDVWILLTSTCYGYHDVVVDIEQCTLPSNIDGCVCCSGVCYFNDNHCFCGRDRSNPFNPP
CFQF
```

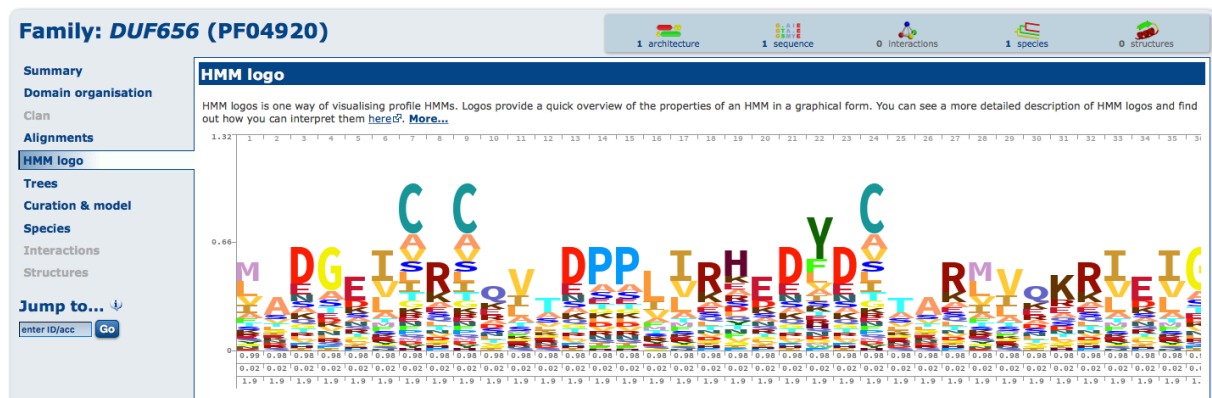


Abbildung 2: HMM-Logo von Beet necrotic yellow vein virus RNA 4  
([http://pfam.xfam.org/family/Gag\\_p19#tabview=tab4](http://pfam.xfam.org/family/Gag_p19#tabview=tab4) (03.07.2018, 11:25 Uhr))

Die Suchsequenz stimmt sehr gut mit dem HMM-Logo überein. An allen Positionen beschreibt der größte Buchstabe die Aminosäure der Sequenz Beet necrotic yellow vein virus RNA 4.