

## Übung 7

### **phmmer:**

Es wurde die Aminosäure Sequenz von der Tyrosin Kinase, ein Protein, welches aus 163 Proteinen besteht, untersucht (Example). Das Ergebnis der Suche war eine Liste, welche die Spezies bei der das Protein gefunden wurde, die Bezeichnung des Gens die für die Tyrosin Kinase codiert und den Score den die Tyrosin Kinase der einzelnen Spezies von den eingegebenen Daten unterscheidet enthielt. Außerdem wurden die taxonomischen Verhältnisse und die Domänen, der gefundenen Tyrosin Kinasen, angezeigt.

### **hmmscan:**

Es wurde die Aminosäure Sequenz von der Tyrosin Kinase, ein Protein, welches aus 163 Proteinen besteht, untersucht (Example). Das Ergebnis der suche war eine Liste der Domänen der Tyrosin Kinase mit den jeweiligen Scores, die der Vergleich der Sequenz der Domänen mit der Konsensus-Sequenz des HMM.

### **hmmsearch:**

Es wurden die Daten aus dem Beispiel verwendet. Die Daten bestanden aus Aminosäure Sequenzen von Proteinen, die genau angeordnet waren (multiple sequence alignment). Aus diesen Aminosäuren wurde eine profile-HMM gebildet, die dann mit den Sequenzen der Datenbank verglichen wurden. Das Ergebnis bestand aus Proteinen verschiedener Spezies, die ähnlich zur zuvor gebildeten profile-HMM waren.

### **jackhmmer:**

Es wurden die Daten aus dem Beispiel verwendet. Die Daten bestanden aus Aminosäure Sequenzen von Proteinen, die genau angeordnet waren (multiple sequence alignment).