# Übungszettel 5

Suche nach der Genomsequenz des Human T-cell leukemia virus type I mit Hilfe des Accession Code

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/9626453

In der Genomsequenz wird nach der kodierenden Sequenz, CDS (coding sequence) gesucht.

```
LOCUS
           LC378575
                                   980 bp
                                            DNA
                                                      linear VRL 15-MAY-
2018
DEFINITION Human T-cell leukemia virus type I OATL9B proviral DNA,
complete
           genome.
ACCESSION
           LC378575
           LC378575.1
VERSION
SOURCE
           Human T-cell leukemia virus type I
ORGANISM Human T-cell leukemia virus type I
           Viruses; Ortervirales; Retroviridae; Orthoretrovirinae;
           Deltaretrovirus.
```

### CODING SEQUENCE

```
atgggcca aatcttttcc cgtagcgcta gccctattcc
 841 geggeegeee egggggetgg eegeteatea etggettaae tteeteeaag eggeatateg
 901 cctaqaaccc qqtccctcca qttacqattt ccaccaqttq aaaaaatttc ttaaaataqc
 961 tttagaaaca ccggtctgga tctgtcccat taactactcc ctcctagcca gcctactccc
1021 aaaaggatac cccggccggg tgaatgaaat tttacacata ctcatccaaa cccaagccca
1081 gatcccgtcc cgtcccgcgc caccgccgcc gtcatccccc acccacgacc ccccggattc
1141 tgatccacaa atccccctc cctatgttga gcctacggcc ccccaagtcc ttccagtcat
1201 gcacccacat ggtgcccctc ccaaccatcg cccatggcaa atgaaggacc tacaggccat
1261 taagcaagaa gtctcccaag cagcccctgg gagcccccag tttatgcaga ccatccggct
1321 tgcggtgcag cagtttgacc ccactgccaa agacctccaa gacctcctgc agtacctttg
1381 ctcctccctc gtggcttccc tccatcacca gcagctagat agccttatat cagaggccga
1441 aacccgaggt attacaggtt ataacccctt agccggtccc ctccgtgtcc aagccaacaa
1501 tccacaacaa caaggattaa ggcgagaata ccagcaactc tggctcgccg ccttcgccgc
1561 cctgccaggg agtgccaaag accettcctg ggcctctatc ctccaaggcc tggaggagcc
1621 ttaccacgcc ttcgtagaac gcctcaacat agctcttgac aatgggctgc cagaaggcac
1681 gcccaaagac cccatcttac gttccttagc ctactccaat gcaaacaaag aatgccaaaa
1741 attactacag geocgaggac acactaatag ceetetagga gatatgttge gggettgtea
1801 gacctggacc cccaaagaca aaaccaaagt gttagttgtc cagcctaaaa aaccccccc
1861 aaatcagccg tgcttccggt gcgggaaagc aggccactgg agtcgggact gcactcagcc
1921 tcqtccccc cccqqqccat qcccctatq tcaaqaccca actcactqqa aqcqaqactq
1981 cccccgccta aagcccacta tcccagaacc agagccagag gaagatgccc tcctattaga
2041 cctccccgct gacatcccac acccaaaaaa ctccataggg ggggaggttt aa
```

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/LC378575.1?&feature=CDS

Aus der so erhaltenen CDS wird mittels expasy die Sequenz der codierenden Tripletts in die jeweiligen Aminosäuren umgewandelt.

# 5' 3' Frame 1

MGQIFSRSASPIPRPPRGLAAHHWLNFLQAAYRLEPGPSSYDFHQLKKFLKIALETPVWICP INYSLLASLLPKGYPGRVNEILHILIQTQAQIPSRPAPPPPSSPTHDPPDSDPQIPPPYVEP TAPQVLPVMHPHGAPPNHRPWQMKDLQAIKQEVSQAAPGSPQFMQTIRLAVQQFDPTAKDLQ DLLQYLCSSLVASLHHQQLDSLISEAETRGITGYNPLAGPLRVQANNPQQQGLRREYQQLWL AAFAALPGSAKDPSWASILQGLEEPYHAFVERLNIALDNGLPEGTPKDPILRSLAYSNANKE CQKLLQARGHTNSPLGDMLRACQTWTPKDKTKVLVVQPKKPPPNQPCFRCGKAGHWSRDCTQ PRPPPGPCPLCQDPTHWKRDCPRLKPTIPEPEPEEDALLLDLPADIPHPKNSIGGEV

Die Suche in AS-Sequenzen verringert die zu verarbeitende Datenmenge um das Dreifache, da in der DNA die jeweilige AS über drei Basen bzw. ein Basentriplett codiert ist. Außerdem umgeht man einen zusätzlichen Rechenaufwand der für mehrfach codierende Tripletts für die gleiche AS anfällt.

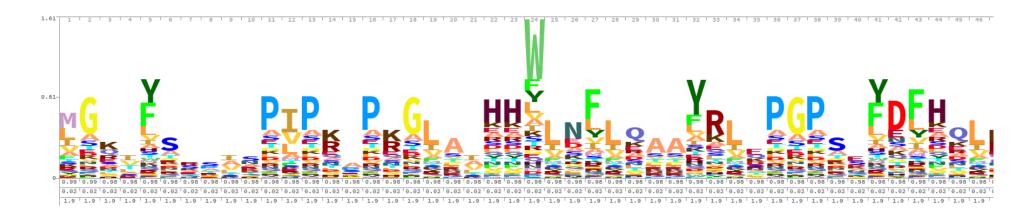
# Beispiel Triplett T C X

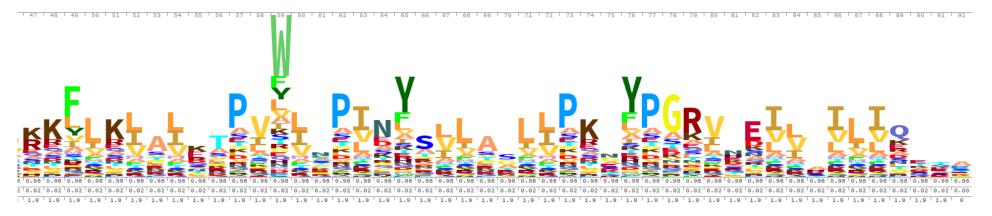
- X = A
- X = T
- X = C
- X = G

Alle damit möglichen Tripletts codieren für die gleiche AS Serin.

Betrachtet man jetzt das HMM in Bezug auf die DNA-Basen-Wahrscheinlichkeiten, gilt für die statistische Voraussage der einzelnen Basen jeweils ein anderer Wert, obwohl für die gleiche AS codiert wird. An dieser Stelle wird also zusätzlich an Rechenleistung gespart, wenn direkt mit der AS-Sequenz gearbeitet wird.

Die so erhaltene Aminosäuresequenz, der sogenannte open reading frame, wird auf HMM verarbeitet.





http://pfam.xfam.org/family/PF02228.15#tabview=tab4

Vergleicht man die HMM und die expasy-Aminosäure(AS)-Sequenz fällt bereits am Anfang eine hohe Übereinstimmung der beiden Sequenzen auf.

Die gelb unterlegten AS sind in beiden Sequenzoutputs gleich, bzw. bei der HMM an oberster, wahrscheinlichster Stelle.

MGQIFSRSASPIPRPPRGLAAHHWLNFLQAAYRLEPGPSSYDFHQLKKFLKIALETPVWICP

### Gal4

# Gal4 coding-sequence vom Vector pRmHa3-GAL4

https://dgrc.bio.indiana.edu/product/View?product=1042

atgaagctactgtcttctatcgaacaagcatgcgatatttgccgacttaaaaaagctcaagtgctccaaaga aaaaccgaagtgcgccaagtgtctgaagaacaactgggagtgtcgctactctcccaaaaccaaaaggtctc cqctqactaqqqcacatctqacaqaaqtqqaatcaaqqctaqaaaqactqqaacaqctatttctactqatt tttcctcgagaagaccttgacatgattttgaaaatggattctttacaggatataaaaagcattgttaacagg ctctaacattqaqacaqcataqaataaqtqcqacatcatcatcqqaaqaqtaqtaacaaaqqtcaaaqa cagttqactgtatcgattqactcggcagctcatcatgataactccacaattccgttggattttatgcccag ggatgctcttcatggatttgattggtctgaagaggatgacatgtcggatggcttgcccttcctgaaaacgg  $\verb"accccaacaataatgggttcttttggcgacggttctctttatgtattcttcgatctattggctttaaaccg"$ atccacaacatcccgtttacttcaaagttatctcaataattttcacccctactgccctatcgtgcactcac  $\verb|cgacgcta| atgatgttgtata ataaccagattgaa atcgcgtcgaaggatca atggcaa atccttttta accagattgaaggatca atggcaa atccttttta accagattgaaggatca atggcaa atccttttta accagattgaaggatca atggcaa at$  ${\tt tgcatattagccattggagcctggtgtatagagggggaatctactgatatagatgtttttactatcaaaa}$ tqctaaatctcatttqacqaqcaaqqtcttcqaqtcaqqttccataattttqqtqacaqccctacatcttc tqtcqcqatatacacaqtqqaqqcaqaaaacaaatactaqctataattttcacaqcttttccataaqaatq qccatatcattqqqcttqaataqqqacctcccctcqtccttcaqtqataqcaqcattctqqaacaaaqacq catggcatcattgaaacagcaaggctcttacaagttttcacaaaaatctatgaactagacaaaacagtaac tgcagaaaaaagtcctatatgtgcaaaaaaatgcttgatgatttgtaatgagattgaggaggtttcgagac aggcaccaaagtttttacaaatggatatttccaccaccgctctaaccaatttgttgaaggaacacccttgg  $\verb|ctatcctttacaagattcgaactgaagttggaaacagttgtctcttatcatttatgtattaagagatttttt|\\$ cactaattttacccagaaaaagtcacaactagaacaggatcaaaatgatcatcaaagttatgaagttaaac gatgctccatcatgttaagcgatgcagcacaaagaactgttatgtctgtaagtagctatatggacaatcat aatgtcaccccatattttgcctggaattgttcttattacttgttcaatgcagtcctagtacccataaagac tctactctcaaactcaaaatcgaatgctgagaataacgagaccgcacaattattacaacaaattaacactg ttctgatgctattaaaaaaactggccacttttaaaatccagacttgtgaaaaatacattcaagtactggaa qaqqtatqtqcqccqtttctqttatcacaqtqtqcaatcccattaccqcatatcaqttataacaataqtaa tggtagcgccattaaaaatattgtcggttctgcaactatcgcccaataccctactcttccggaggaaaatg tcaacaatatcagtgttaaatatgtttctcctggctcagtagggccttcacctgtgccattgaaatcagga gcaagtttcagtgatctagtcaagctgttatctaaccgtccaccctctcgtaactctccagtgacaatacc aagaagcacaccttcgcatcgctcagtcacgccttttctagggcaacagcaacagctgcaatcattagtgc cactgaccccgtctgctttgtttggtggcgccaattttaatcaaagtgggaatattgctgatagctcattg 

# Die daraus erhaltene AS-Sequenz (mittels expasy)

# 5' 3' Frame 1

MKLLSSIEQACDICRLKKLKCSKEKPKCAKCLKNNWECRYSPKTKRSPLTRAHLTEVESRLE RLEQLFLLIFPREDLDMILKMDSLQDIKALLTGLFVQDNVNKDAVTDRLASVETDMPLTLRQ HRISATSSSEESSNKGQRQLTVSIDSAAHHDNSTIPLDFMPRDALHGFDWSEEDDMSDGLPF LKTDPNNNGFFGDGSLLCILRSIGFKPENYTNSNVNRLPTMITDRYTLASRSTTSRLLQSYL NNFHPYCPIVHSPTLMMLYNNQIEIASKDQWQILFNCILAIGAWCIEGESTDIDVFYYQNAK SHLTSKVFESGSIILVTALHLLSRYTQWRQKTNTSYNFHSFSIRMAISLGLNRDLPSSFSDS SILEQRRRIWWSVYSWEIQLSLLYGRSIQLSQNTISFPSSVDDVQRTTTGPTIYHGIIETAR LLQVFTKIYELDKTVTAEKSPICAKKCLMICNEIEEVSRQAPKFLQMDISTTALTNLLKEHP WLSFTRFELKWKQLSLIIYVLRDFFTNFTQKKSQLEQDQNDHQSYEVKRCSIMLSDAAQRTV MSVSSYMDNHNVTPYFAWNCSYYLFNAVLVPIKTLLSNSKSNAENNETAQLLQQINTVLMLL KKLATFKIQTCEKYIQVLEEVCAPFLLSQCAIPLPHISYNNSNGSAIKNIVGSATIAQYPTL PEENVNNISVKYVSPGSVGPSPVPLKSGASFSDLVKLLSNRPPSRNSPVTIPRSTPSHRSVT PFLGQQQQLQSLVPLTPSALFGGANFNQSGNIADSSLSFTFTNSSNGPNLITTQTNSQ

# HMM Logo des Gal4-Dimers 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24 25 26 1.33-0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.01 | 0.0 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1.9 | 1