

Aufgabe 2

Erste 100 Basenpaare von Human T-cell leukemia virus type 1:

5'-

TGACAATGACCATGAGCCCCAAATATCCCCCGGGGGCTTAGAGCCTCCCAGTGAA
AAACATTTCCGCGAAACAGAAGTCTGAAAAGGTCAGGGCCCAGACTAAGGCTCT
GACGTCTCCCCCGGAGGGACAGCTCAGCACCGGCTCAGGCTAGGCCCTGA ...

-3'

Komplementär dazu:

5'-

ACTGTTACTGGTACTCGGGGTTTATAGGGGGCCCCCGAATCTCGGAGGGTCACTT
TTTGTAAGGCGCTTTGTCTTCAGACTTTTCCAGTCCCGGGTCTGATTCCGAGACT
GCAGAGGGGGGCTCCCTGTCGAGTCGTGGCCGAGTCCGATCCGGGACT ...

-3'

Aufgabe 3

N-

-Q-P-APNIPRGLRASQ-KTFPRNRSCLKRSGPR ...

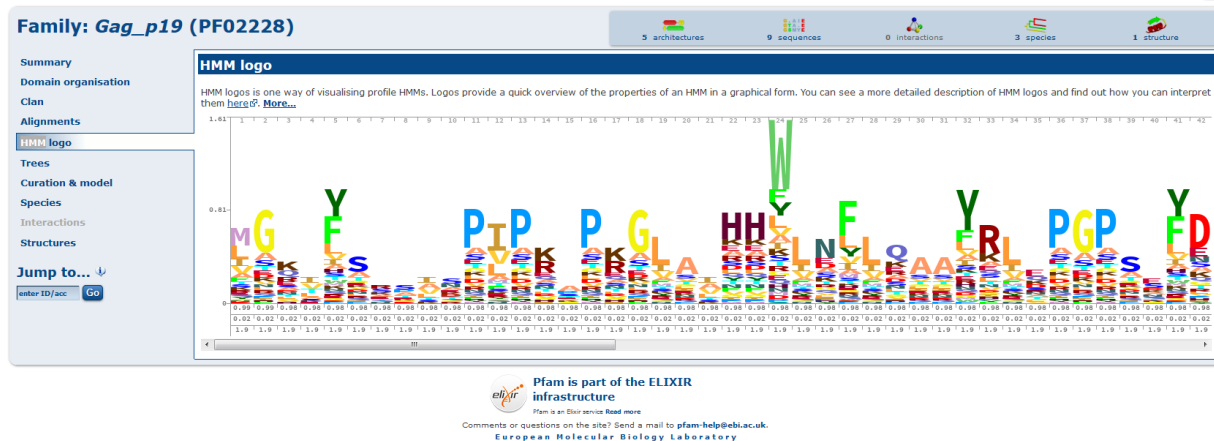
-C

Das Zeichen „-“ steht für ein Stoppcodon, hier konnte nicht in eine Aminosäure übersetzt werden. N- und -C stehen jeweils für die N- und C-Termini.

- a) Aminosäuresequenzen zu vergleichen bieten den Vorteil, dass auch wirklich nur codierende Genomsequenzen miteinander verglichen werden. Außerdem können so Eigenheiten wie Introns und Exons umgangen werden.
- b) Auf diese Weise kann maximale Information erhalten werden, da es gerade bei Prokaryoten denkbar ist, dass polycistronische (polygenische) Sequenzen auftauchen, deren Information man mit nur einem Reading Frame verlieren würde.

Aufgabe 4

Da der 1. Reading Frame des 5'-3'-Strangs keinen Treffer erzielte, wurde auf den 2. Reading Frame ausgewichen, für den ein Treffer erzielt werden konnte.



Aufgabe 5

Als Genom verwendete ich das Avian Leukemia Virus (NC_015116).

Erste 100 Basenpaare:

5'-
TG TAGTCATATGCAATACTCTTGTGTAACGATAAAACAGCAATATGCCTTATAAG
GAGTGAAAAGGCACCGTACACGTCGATTGGTGGAACTAGGATGGT ...
-3'

Komplementär dazu:

5'-
ACATCAGTATACGTTATGAGAACACATTGCTATTTTGTCTGTTATACGGAATATTCC
TCACTTTTCCGTGGCATGTGCAGCTAACCACCTTGATCCTACCA ...
-3'

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

N-
CSHMQYSCVTIKQQYAL-GVKRHRTRRLVEL
-C

Erneut wurde für den 1. Frame des 5'-3'-Strangs kein Treffer bei HMMER erzielt. Für den 2. Frame des 5'-3'-Strangs wurde dann die retrovirale M-Domain gefunden, für die codiert der 2. Frame des 5'-3'-Strangs also. HMM Logo dazu:

