#### Aufgabe 2

#### Aminosäuresequenz der α-Untereinheit vom Hämoglobin von Homo Sapiens:

 $\begin{tabular}{ll} MVLSPADKTNVKAAWGKVGAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHGKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKYR \end{tabular}$ 

#### Aminosäuresequenz der entsprechenden β-Untereinheit:

 ${\tt MVHLTPEEKSAVTALWGKVNVDEVGGEALGRLLVVYPWTQRFFESFGDLSTPDAVMGNPK} \\ {\tt VKAHGKKVLGAFSDGLAHLDNLKGTFATLSELHCDKLHVDPENFRLLGNVLVCVLAHHFG} \\ {\tt KEFTPPVQAAYQKVVAGVANALAHKYH} \\$ 

#### Aufgabe 3

Globales Alignment ist der Vergleich zweier vollständiger, etwa gleich langer Sequenzen, von denen eine ähnliche Struktur erwartet wird. Lokales Alignment hingegen wird mit ausgewählten Teilen zweier Sequenzen durchgeführt, diese Teile sollen den optimalen Score innerhalb der ganzen Sequenzen miteinander erzielen.

### Aufgabe 4

## Globales Alignment mit voreingestellten Parametern:

EMBOSS_001	1	MV-LSPADKTNVKAAWGKVGAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHF-D	48
EMBOSS_001	1	MVHLTPEEKSAVTALWGKVNVDEVGGEALGRLLVVYPWTQRFFESFGD	48
EMBOSS_001	49	LSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLR	93
EMBOSS_001	49	LSTPDAVMGNPKVKAHGKKVLGAFSDGLAHLDNLKGTFATLSELHCDKLH	98
EMBOSS_001	94	VDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKYR	142
EMBOSS_001	99	VDPENFRLLGNVLVCVLAHHFGKEFTPPVQAAYQKVVAGVANALAHKYH	147

#### Globales Alignment mit einer anderen Substitutionsmatrix (PAM180):

EMBOSS_001	1	MV-LSPADKTNVKAAWGKVGAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHF-D	48
EMBOSS_001	1	MVHLTPEEKSAVTALWGKVNVDEVGGEALGRLLVVYPWTQRFFESFGD	48
EMBOSS_001	49	LSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLR	93
EMBOSS_001	49	LSTPDAVMGNPKVKAHGKKVLGAFSDGLAHLDNLKGTFATLSELHCDKLH	98
EMBOSS_001	94	VDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKYR	142
EMBOSS_001	99	VDPENFRLLGNVLVCVLAHHFGKEFTPPVQAAYQKVVAGVANALAHKYH	147

### Globales Alignment mit einer anderen Gap Penalty (Gap Penalty = 20):

EMBOSS_001	1 -MVLSPADKTNVKAAWGKVGAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHF	47
_	:. : .: :. .    : .    ::::: . :.:	
EMBOSS 001	1 MVHLTPEEKSAVTALWGKVNVDEVGGEALGRLLVVYPWTORFFESFGD	48

EMBOSS_001	48	DLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLR	93
EMBOSS_001	49	LSTPDAVMGNPKVKAHGKKVLGAFSDGLAHLDNLKGTFATLSELHCDKLH	98
EMBOSS_001	94	VDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKYR	142
EMBOSS 001	99	VDPENFRLLGNVLVCVLAHHFGKEFTPPVQAAYQKVVAGVANALAHKYH	147

# Lokales Alignment mit voreingestellten Parametern:

EMBOSS_001	3	LSPADKTNVKAAWGKVGAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHF-DLS-	50
EMBOSS_001	4	LTPEEKSAVTALWGKVNVDEVGGEALGRLLVVYPWTQRFFESFGDLST	51
EMBOSS_001	51	HGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDP	96
EMBOSS_001	52	PDAVMGNPKVKAHGKKVLGAFSDGLAHLDNLKGTFATLSELHCDKLHVDP	101
EMBOSS_001	97	VNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKY 14 .  :  :: :  :  :	1
EMBOSS_001	102	ENFRLLGNVLVCVLAHHFGKEFTPPVQAAYQKVVAGVANALAHKY 14	6

Standardsubtitutionsmatrix ist BLOSUM62, die durch Vergleiche von Sequenzen, die untereinander höchstens zu 62 % gleichen, entstanden ist. PAM-Matrizen wie PAM180 hingegen arbeiten mit Abschätzungen, wie wahrscheinlich die Mutation von einer Aminosäure in eine andere ist (so motieren z. B. saure Aminosäuren meist zu anderen sauren Aminosäuren). Durch Erhöhung der Gap Penalty kann das Einfügen von Gaps, die nicht wirklich verwendet werden müssen, unterbunden werden (auch wenn durch Verdoppelung der Gap Penalty lediglich einer der Gaps des dritten Alignments hier unterbunden werden konnte).