

Einführung in die Bioinformatik – SS18

Freie Universität Berlin, Prof. Dr. Tim Conrad

Übungszettel 6

- Abgabe bis spätestens 10.07.2018, 23:59
- In das GIT Unterverzeichnis muss ihr Bericht (eine PDF Datei) hochgeladen werden.
- Nachdem sie die Aufgabe(n) gelöst haben, schicken Sie ihrem Tutor eine Email mit dem Link zu dem neu angelegten GitHub Verzeichnis.
Wichtig: bitte benutzen sie als Email-Betreff „BIOINF101 – Aufgabe 6“.

Im Folgenden wollen wir zwei Protein-Sequenzen alignieren. Als Ergebnis soll ein kurzer Bericht erstellt werden, wie in den folgenden Aufgaben beschrieben.

Wir brauchen dazu die folgenden Tools:

- UniProt sequence database: <https://www.uniprot.org/uniprot/>
- Pairwise sequence alignment (z.B. vom EBI): <https://www.ebi.ac.uk/Tools/psa/>

Aufgabe 1 [1 Punkte]

Erstellen Sie in ihrem GitHub Account ein Unterverzeichnis „assignment6“.

Aufgabe 2 [1 Punkt]

Besorgen Sie sich die Protein-Sequenzen von „Human Hemoglobin subunit alpha“ (HBA_HUMAN) und „Human Hemoglobin subunit beta“ (HBB_HUMAN).

Aufgabe 3 [2 Punkte]

Es gibt grob zwei verschiedene Arten eines Alignments für zwei Sequenzen: „Globales Alignment“ und „Lokales Alignment“. Skizzieren Sie in ihrem Bericht kurz zwei zentralen Unterschiede zwischen diesen beiden Arten.

Aufgabe 4 [9 Punkte]

Nun sollen verschiedene Arten von Alignments durchgeführt werden. (Weitere Parameter können bei STEP 2 eingestellt werden.)

- (1) Globales Alignment mit voreingestellten Parametern
- (2) Globales Alignment mit einer anderen Substitution MATRIX
- (3) Globales Alignment mit einer anderen GAP OPEN penalty
- (4) Lokales Alignment mit voreingestellten Parametern

In ihrem Bericht sollen

(a) die vier verschiedenen Ergebnisse dargestellt werden (je 1 Punkt) und mit dem Alignment aus der Vorlesung (Folie 9) verglichen werden (1 Punkt).

(b) je Ergebnis die benutzten Parameter (Substitution Matrix und Gap Penalty) erklärt werden (je 1 Punkt). Z.B. soll kurz (!) erklärt werden, was die BLOSUM62 Matrix enthält.