<u>Assignment 5 – Kristina Petermann</u>

Aufgabe 2

Die ersten 100 Basen des Human T-lymphotropic virus 1 (komplettes Genom):

GGCTCGCATCTCCTTCACGCGCCCGCCGTTACCTGAGGCCGCCATCCACGCCGGTTGAGTCGCGTTCTGCCGCCTCCCGCCTGTG

Aufgabe 3

Die ersten 30 AS des 1. 5'3' Frames aus dem ersten Gen (450bp-4638bp):

MGQIFSRSASPIPRPPRGLAAHHWLNFLQA

3a

Der genetische Code ist degeneriert, d.h., dass es für eine AS mehrere codierende Basentriplets gibt. Zusätzlich ist die dritte Base in einem Triplett die sogenannte "Wobble-Position". Auch können silent Punktmutationen auftreten. Daher kann die Genomsequenz falsch positive Ergebnisse aufführen und anzeigen, dass die Genome zweier Individuen zwar unterschiedlich sind, sich jedoch in ihrer AS-Sequenz gleichen.

3b

Es ist sinnvoll alle 6 Frames zu durchsuchen, da so alle möglichen AS-Sequenzen mit berechnet werden.

Aufgabe 4

Der erste Treffer lag bei gag gene protein p24 (sore nucleocapsid protein).



Ein direkter Vergleich der erhaltenen AS-Sequenz über Expasy mit der des HMM-Logos des gag gene protein p24 fällt schwer, da viele der AS nicht eindeutig erkennbar sind.

Ein weiterer Treffer lag bei dem Mjor core protein p19.

HMM – LOGO



Hier fällt der Vergleich zwischen der Expasy-AS-Sequenz und dem HMM-Logo deutlich leichter, als bei dem vorherigen HMM-Logo. Zieht man nur die wahrscheinlichsten AS zum Vergleich heran, so ist deutlich erkennbar, dass die Sequenzen eine hohe Ähnlichkeit aufweisen.

Aufgabe 5

Die ersten 100 bp des Gens Human immunodeficiency virus 1 (komplettes Genom):

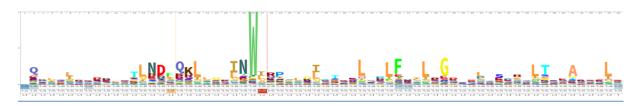
 ${\tt GGTCTCTGGGTTAGACCAGATCTGAGCCTGGGAGCTCTCTGGCTAACTAGGGAACCCACTGCTTAAGCCTCAATAAAGCCTTGAGTGCTTCAAGT}$

Die ersten 30 AS des 1. 5'3' Frames aus dem ersten Gen (336bp-1637bp):

MGARASVLSGGELDRWEKIRLRPGGKKKYK

Einer der Treffer lag bei der Reverse Transkriptase Thumb Domain:

<u>HMM – LOGO</u>



Verglichen mit der von Expasy erhaltenen Sequenz ist es wie auch bei Aufgabe 4, erstes Resultat gag gene protein p24 sehr schwierig, das HMM – Logo damit zu vergleichen.