

# Bioinformatik Übung 5

## Aufgabe 2:

ggctcgcatctctcttcacgcgcccgcgccttacctgaggccgcatccacgcgggtgagtcgcggttctgccgctcccgcctg  
tggtgcctcctgaactacgtccgcccgtctaggttaagtttagagctcaggctcgagaccgggccttgtccggcgctcccttgga

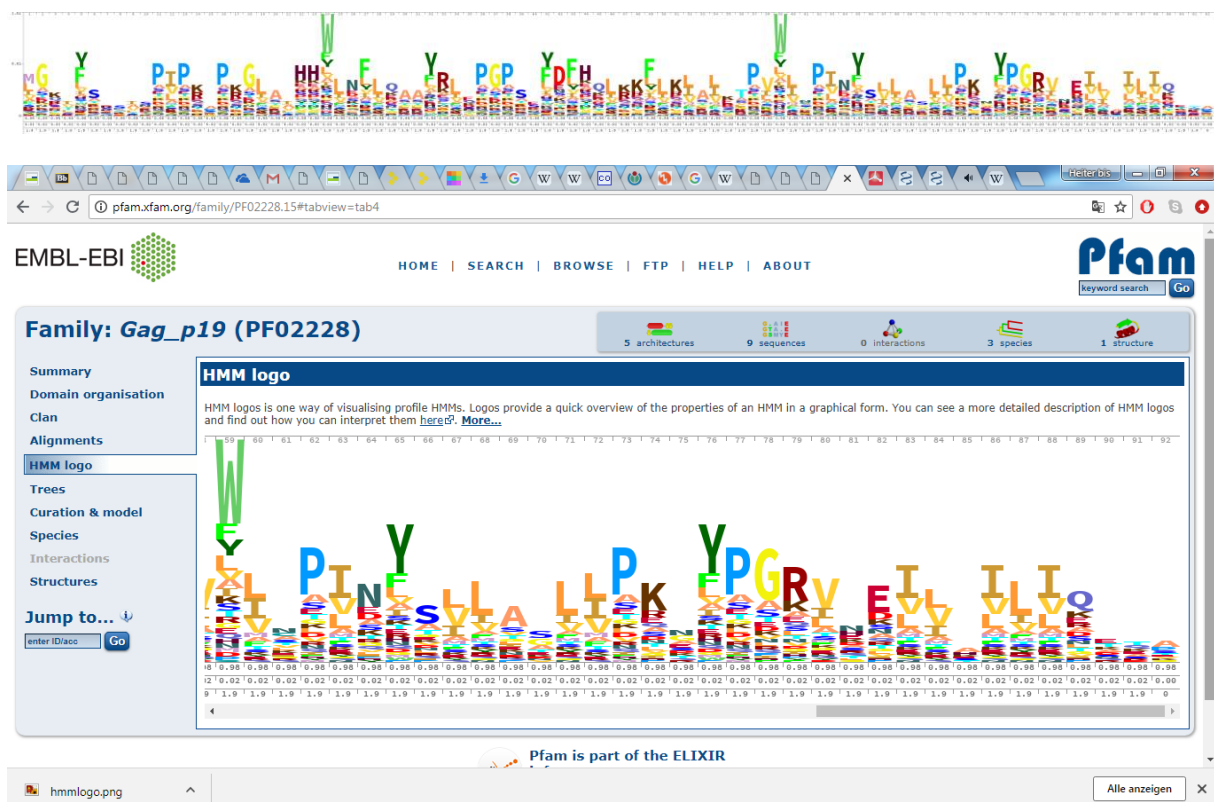
## Aufgabe 3:

GSHLSFTRPPPYLRPPSTPVESRSAASRLW

Die Suche in Aminosäuresequenzen ist der Suche in Genomsequenzen vorzuziehen, da zum Einen der genetische Code degeneriert ist und somit Mutationen in der DNA zur Translation gleicher Aminosäuren führen können. Zum Anderen codieren jeweils drei Basen eine Aminosäure, wodurch die Suche in Aminosäuren wesentlich schneller verläuft.

Es ist sinnvoll, alle möglichen Frames zu untersuchen, da Erstens das Startcodon AUG auch innerhalb eines open-reading-frames die Aminosäure Methionin codiert und Zweitens ein Startcodon randomisiert auftritt und somit je nach Leseraster an gleicher Stelle unterschiedliche Aminosäuren codiert werden.

## Aufgabe 4:



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

MGQIFSRASPIPRPPRGLAAHHWLNFLQAAYRLEPGPSSYDFHQLKKFLKIALETPVWICPI  
NYSLLASLLPKGYPGRVNEILHILIQTQAQIPSRPAPPPSSSTHDPDSDPQIPPPYVEPTAP  
QVLPVMHPHGAPPNHRPWQMKDLQAIKQEVSAAPGSPQFMQTIRLAVQQFDPTAKDLQD  
LLQYLCSSLVASL

### Aufgabe 5:

ttgagccaaccaggagccctcttggggacgaccagatttataatgttattgttacagctcatgcttcgtaataatcttctttatagtaat  
accaatcatgatcgggggattcggaactgactagtcccttaatgatcggtgccccgacatggcatttcctcgaat

LSQPGALLGDDQIYNVIVTAHAFVIIFFIVIPIMIGGFGNLVPLMIGAPDMAFPRINNMSFLLPPS  
 FLLLLSSSGVEAGAGTGTVPPLSGNLSHAGASVDLTIFSLHLAGVSSILGAINFITTIINMKPP  
 AISQYQTPLFVSVLITAVLLLLSLPVLAAGITMLLTDRNLNTTFFDPAG

The screenshot shows the EMBL-EBI Pfam family page for COX1 (PF00115). The page layout includes a header with the EMBL-EBI logo and navigation links (HOME, SEARCH, BROWSE, FTP, HELP, ABOUT). A search bar is present in the top right. The main content area is titled 'Family: COX1 (PF00115)' and contains a summary, domain organisation, alignments, and an HMM logo. The HMM logo displays sequence logos for 35 positions, with a prominent 'Y' at position 10 and a 'G' at position 20. The page also includes a sidebar with navigation links (Summary, Domain organisation, Alignments, HMM logo, Trees, Curation & model, Species, Interactions, Structures) and a footer with the Pfam logo and a link to the EMBL-EBI database.

Link: <http://pfam.xfam.org/family/PF00115.19#tabview=tab4>

Man kann aus dem erzeugten HMM nur schwer auf die eingesetzte Sequenz schließen, da nur wenige Aminosäuren konserviert zu sein scheinen. Jedoch ist die Aminosäure Histidin an Stelle 45 konserviert und kommt auch in der eingesetzten Sequenz an Stelle 45 vor.