

Bioinformatik – Übung 6

Aufgabe 2: Proteinsequenz von Hemoglobin subunit alpha:

MVLSPADKTNVKAAWGKVGAHAGEYGAELERMFLSFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHG
KKVADALTNVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTP
AVHASLDKFLASVSTVLTSKYR

Proteinsequenz von Hemoglobin subunit beta:

MVHLTPEEKSAVTALWGKVNVDEVGGEALGRLLVVYPWTQRFFESFGDLSTPDAMGNPK
VKAHGKKVLGAFSDGLAHLDNLKGTATSELHCDKLHVDPENFRLLGNVLCVLAHHFG
KEFTPPVQAAYQKVVAGVANALAHKYH

Aufgabe 3: Bei einem Alignment werden verschiedene Sequenzen miteinander verglichen. Es kann dabei ein Match, ein Mismatch, eine Insertion oder eine Deletion detektiert werden.

Bei einem globalen Alignment werden sämtlich Zeichen berücksichtigt. Das heißt, es bietet sich vorallendingen dann an, wenn die zu vergleichenden Sequenzen in ihrer Länge recht ähnlich sind. Es böte sich also möglicherweise bei hochkonservierten Proteinen bzw. Sequenzen an.

Bei einem lokalen Alignment werden dahingegen lediglich Teilsequenzen von zwei Sequenzen verglichen. Hierbei werden bei zwei Sequenzen von diesen jeweils Teilsequenzen gesucht, deren Score möglichst niedrig ist.

Aufgabe 4: (1) EMBOSS 001 1 MV-

LSPADKTNVKAAWGKVGGAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHF-D	48	
EMBOSS_001	1	MVHLTPEEKSAVTALWGKV--NVDEVGGEALGRLLVVYPWTQRFFESFGD
48		
EMBOSS_001	49	LS-----HGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALS
93		LDLHAHKLR
EMBOSS_001	49	LSTPDAVMGNPKVKAHGKKVLGAFSDGLAHL
98		LDNLKGT
EMBOSS_001	94	VDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKYR
142		
EMBOSS_001	99	VDPENFRLLGNVLVCVLAHHFGKEFTPPVQAAYQKVVAGVANALAHKYH
147		

```
Aligned_sequences: 2
1: EMBOSS_001
2: EMBOSS_001
Matrix: EBLOSUM62
Gap_penalty: 10.0
Extend_penalty: 0.5
Length: 149
```

Identity: 65/149 (43.6%)
Similarity: 90/149 (60.4%)
Gaps: 9/149 (6.0%)
Score: 292.5