

Übung 4.

Aufgabe 2:

die Genom-Sequenz von „Human T-cell leukemia virus type I“ (Accession: NC_001436):

```
ggctcgcattctctccttcacgcgcccgcgccttacctgaggccgcatccacgcgcgtt  
gagtcgcgtttctgccgcctcccgctgtggtgctctctga
```

CDS von „Human T-cell leukemia virus type I“

```
Atggcgccaaatctttcccgtagcgctagccctattccgcggccgccccggggctggccgctcatcactggcttaacttctccagg  
cggcatatcgc
```

Aufgabe 3:

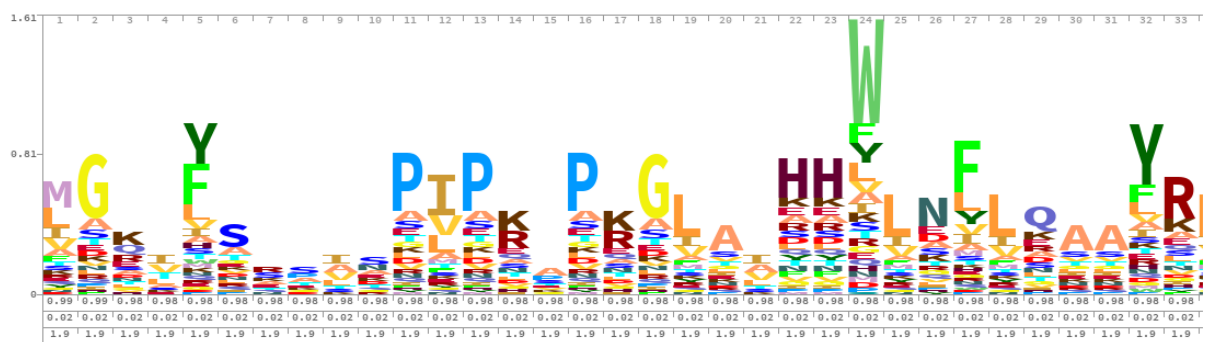
die ersten 30 Aminosäuren des 1. 5'3' Frames:

MGQIFSRASPIPRPPRGLAAHHWLNFLQA

- a- Mutationen können besser erkannt werden.
- b- Weil es im Genomabschnitt mehrere Startpunkte für die Transkription gibt.

Aufgabe 4:

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



Aus dem HMM Logo kann man schließen, dass die Aminosäuren der beiden Sequenzen zum großen Teil miteinander übereinstimmen.

Aufgabe 5:

Achimota virus 1 NC_025403.1

die Genom-Sequenz von Achimota virus 1:

```
accagagggaaaatataacaatgtcgttttatagcgatgtaaataatacttatgtaggcccg  
aaagtggcatcaatcgtagtcgaagtcgactgcacgca
```

CDS von Achimota virus 1:

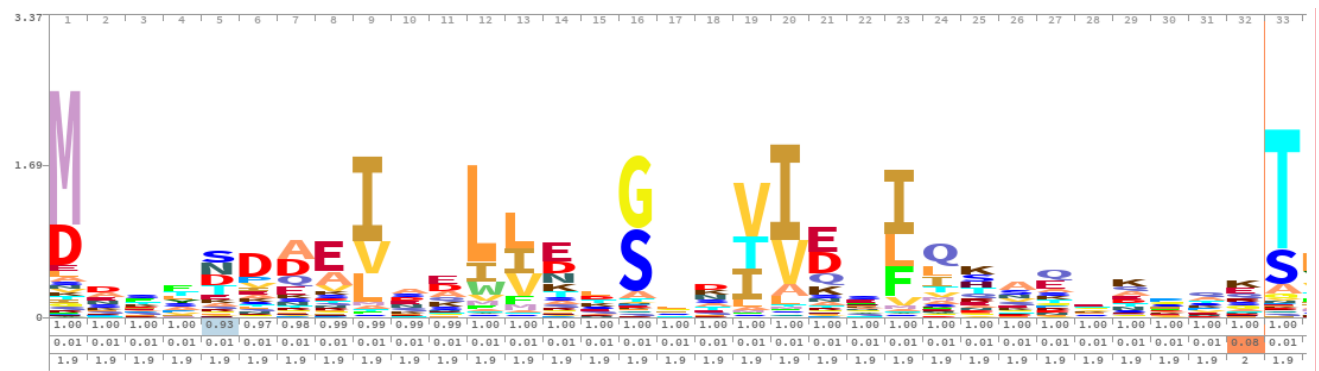
Atggatacaaaacccatcagatgaagagatctctgcttgatagataaagggcttgatactattcaacactttgtgtcaggtcctgtaacatcacaag

die ersten 30 Aminosäuren des 1. 5'3' Frames:

M D T N P S D E E I S A W I D K G L D T I Q H F V S G P V

<https://www.ebi.ac.uk/Tools/hmmer/results/F2D774C2-7EF4-11E8-A9DB-0384F75AEC3D/score>

<http://pfam.xfam.org/family/PF14313.5#tabview=tab4>



Aus dem HMM Logo kann man schließen, dass die Aminosäuren der beiden Sequenzen sehr gering miteinander übereinstimmen.