

Ich habe das FASTA Format des Calcium bindenden Proteins Calmodulin genutzt
(>MCHU - Calmodulin - Human, rabbit, bovine, rat, and chicken
ADQLTEEQIAEFKEAFSLFDKDGDTITTKELGTVMRSLGQNPTEAELQDMINEVDADGNGTID
FPEFLTMMARKMKDSTDSEEEIREAFRVFDKDGNGYISAAELRHVMTNLGEKLTDEEVDEMIREA
DIDGDGQVNYEEFVQMMTAK*)

PHMMER:

PHMMER vergleicht Protein Sequenzen in Bezug auf Protein Datenbanken. Nach dem Sequenzabgleich kann ich auf den Reiter „Domain“ klicken und bekomme angegeben dass es perfekt matched mit dem EF-hand_7 EF-hand_7 Motiv.

Wenn ich bei diesem angezeigten Motiv drauf klicke zeigt es mir die jeweiligen Treffersequenzen an mit jeweils dazugehöriger Spezies. Da kann ich oben wieder auf den Reiter „Taxonomy“ und mir wird ein phylogenetischer Stammbaum angezeigt mit jeweiliger Trefferzahl in den einzelnen Arten. Wenn ich da mich durchklicke und am Ende Primaten auswähle kann ich mir unten die Scores anzeigen lassen nur für Primaten. Wenn ich das mache zeigt es mir alle Targets an, wo die Sequenz ähnlich/gleich vorkommt mit jeweilig Zuordnung zu Spezies, es zeigt mir mit Hilfe von Bildern die Hit Positions an und pro Target einen e-Value.

Am Ende kann ich mir die Scores + hit alignments downloaden wenn ich mag.

HMMSCAN:

HMMSCAN vergleicht die eingegebene Sequenz mit einer Profile-HMM Database.

Wenn ich meine Sequenz eingebe und submitte bekomme ich eine Tabelle ausgegeben mit mehreren Daten. Es sind alle ID's aufgeführt, mit denen meine Sequenz irgendwie übereinstimmt und zu jeder ID sind mehrere Daten aufgelistet. (siehe Bild)

Pfam Matches																	Standard
Family					Alignment				Model			Domain E-values					
Id		Accession	Clan	Description	Cross-references	Start	End	Start	End	Start	End	Length	Bit Score	Ind.	Cond.		
>	EF-hand_5	PF13202.6	CL0220	EF hand		121	145	123	145	3	25	25	19.32	0.00055	3.1e-07		
>	EF-hand_5	PF13202.6	CL0220	EF hand		48	72	48	72	1	25	25	21.88	8.5e-05	4.7e-08		
>	EF-hand_5	PF13202.6	CL0220	EF hand		12	36	13	36	2	25	25	26.83	2.3e-06	1.3e-09		
>	EF-hand_5	PF13202.6	CL0220	EF hand		85	109	85	109	1	25	25	27.67	1.2e-06	7.0e-10		
>	EF-hand_1	PF00036.32	CL0220	EF hand		47	75	47	74	1	28	29	34.30	8.8e-09	4.9e-12		
>	EF-hand_1	PF00036.32	CL0220	EF hand		11	39	11	39	1	29	29	37.06	1.2e-09	6.4e-13		
>	EF-hand_1	PF00036.32	CL0220	EF hand		84	112	84	111	1	28	29	38.26	4.8e-10	2.7e-13		
>	EF-hand_1	PF00036.32	CL0220	EF hand		120	148	120	147	1	28	29	38.42	4.3e-10	2.4e-13		
>	EF-hand_6	PF13405.6	CL0220	EF-hand domain		84	113	84	113	1	31	31	36.69	1.9e-09	1.1e-12		
>	EF-hand_6	PF13405.6	CL0220	EF-hand domain		11	40	11	40	1	31	31	37.23	1.3e-09	7.1e-13		

Oben rechts kann ich auf „Advanced“ klicken und bekomme noch mehr Eckdaten. (Hier im Bild schon erfolgt)

Auch hier kann ich die Ergebnisse wieder Downloaden.

Für die folgende Suche habe ich das Example-Alignment genutzt:

HMMSEARCH

HMMSEARCH gleicht Sequenz-Alignments mit einer Protein Sequenz Database ab.

Wie bei der PHMMER kann ich wieder auf den Reitern Domain auswählen, hier ist aber kein eindeutig gleiches Sequenzmuster irgendwo auffindbar, also spezifiziere ich meine Suche wieder über die Taxonomie und Filter wieder die Primaten heraus.

Ich bekomme ein ähnliches Ergebnis wie bei der PHMMER, d.h. jeweils die Targets mit zugehöriger Spezies und einem e-Value jeweilig.

Für die letzte Suche habe ich wieder das FASTA Format des Calcium bindenden Proteins Calmodulin genutzt. (siehe Seite 1 oben)


jackHMMER

jackhmmmer ist eine iterative (sich wiederholende) Suche anlehnd an eine Protein Sequenz Database.

Ich kann auswählen in welcher Database ich suche.

Nachdem ich eine Suche (Iteration1) durchgeführt habe kann ich noch eine (Iteration2) durchführen, wo es mir schon „heraussiebt“.

Dies kann ich weiter wiederholen und mir immer neue Iterations anzeigen lassen.

Jackhmmmer Summary					
Iteration	Results	Hits			
		New	Lost 	Dropped 	Total
1	F325C5AA-90D7-11E9-881E-4296DBC3747A.1	+39867	-	-	39867
2	F325C5AA-90D7-11E9-881E-4296DBC3747A.2	+35003	-2	6	74862
3	F325C5AA-90D7-11E9-881E-4296DBC3747A.3	+6935	-21	299	81477

Start Next Iteration

Das Ergebnis sieht wie folgt aus: siehe Bild.