

Softwarewerkzeuge der Bioinformatik

Prof. Dr. Volkhard Helms

Universität des Saarlandes
Zentrum für Bioinformatik

PD Dr. Michael Hutter, Kerstin Reuter, Daria Gaidar, Marcel Meyerheim, Christina Kiefer

Wintersemester 2015/2016

Projekt 1 - Sequenzanalyse Abgabe bis 19.11.2015 (18:00 Uhr)

Abgabe des Abschlussberichts als PDF per Mail an kerstin.reuter@bioinformatik.uni-saarland.de (Adresse auch für Rückfragen).

Bitte halten Sie sich bei Ihrem Abschlussbericht an alle Punkte aus **"Wie schreibe ich einen Abschlussbericht für Projekt 1?"**.

In die Bewertung gehen folgende Punkte ein:

- Ist das Vorgehen korrekt?
- Wurden Parameter, Tools etc. angegeben?
- Sind die Ergebnisse vollständig angegeben und korrekt?
- Wenn gefordert, wurden die Ergebnisse ausreichend und korrekt diskutiert?
- Dokumentation allgemein

Auf der Vorlesungsseite finden Sie eine Aminosäuresequenz mit Ihrer Gruppennummer. Verwenden Sie diese zum Lösen der folgenden Aufgaben.

Teil 1 (10 Punkte)

Finden Sie heraus, um welches (bekannte) Protein es sich handelt.

Sammeln Sie mindestens folgende Informationen über das entsprechende Protein: Gen, Organismus, Zellkompartiment, Proteinfamilie und Funktion.

Teil 2 (15 Punkte)

Vergleichen Sie die Prints- und Prosite-Motive sowie die konservierten Bereiche Ihres Proteins miteinander.

Teil 3 (15 Punkte)

Identifizieren Sie außerdem transmembrane Regionen und analysieren Sie deren Konservierung.

Verwenden Sie zum Finden der transmembranen Regionen Memsat-SVM (PSIPRED) oder TOPCONS.

Sind eher Transmembranhelices (TMHs) oder Loops konserviert?

(Bemerkung: Diese Aufgabe wurde nicht in der Übung behandelt.)

Teil 4 (20 Punkte)

Diskutieren Sie die Verwandtschaftsbeziehungen Ihres Proteins zu anderen Proteinen ähnlicher Sequenz im selben und in anderen Organismen.

Teil 5 (20 Punkte)

Vergleichen Sie Ihr Protein mit verschiedenen Proteinen ähnlicher **Funktion** im Menschen anhand von Motiven, Sequenzähnlichkeit, transmembranen Regionen und der Proteinfamilie.

Teil 6 (20 Punkte)

Untersuchen und vergleichen Sie die Proteine der TCDB-Subfamilie, zu der auch Ihr Protein gehört, anhand deren Sequenzlänge, Sequenzähnlichkeit, transmembraner Regionen, Motive und Funktion.

Viel Spaß!