

Softwarewerkzeuge der Bioinformatik

Prof. Dr. Volkhard Helms
PD Dr. Michael Hutter, Daria Gaidar
Markus Hollander, Lea Eckhart, Marie Detzler
Wintersemester 2019/2020

Universität des Saarlandes
Zentrum für Bioinformatik

Projekt 1 – Sequenzanalyse

Abgabe bis 28.11.2019 18:00

Abgabe des Berichts als PDF per E-Mail an markus-hollander@web.de (Adresse auch für Rückfragen).

Bitte halten Sie sich bei Ihrem Abschlussbericht an alle Punkte aus der Projektberichtsanleitung, die Sie auf der Vorlesungsseite finden können.

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?
- Entspricht die Dokumentation der Aufgaben den Anforderungen?

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

Teil 1.1: (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 1.2: (15 Punkte)

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

Teil 1.3: (15 Punkte)

Identifizieren Sie außerdem transmembrane Regionen und analysieren Sie deren Konservierung. Verwenden Sie zum Finden der transmembranen Regionen TOPCONS (<http://topcons.cbr.su.se/>). Sind eher Transmembranhelices (TMHs) oder Loops konserviert?

Bemerkung: Diese Aufgabe wurde nicht in der Übung behandelt.

Teil 1.4: (20 Punkte)

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

Teil 1.5: (20 Punkte)

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

Teil 1.6: (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!