

Softwarewerkzeuge der Bioinformatik

Prof. Dr. Volkhard Helms
PD Dr. Michael Hutter, Markus Hollander,
Andreas Denger, Marie Detzler, Velik Velikov
Wintersemester 2021/2022

Universität des Saarlandes
Zentrum für Bioinformatik

Projekt 1 – Sequenzanalyse

Abgabe bis 02.12.2021 18:00

Abgabe des Berichts als PDF via E-Mail an markus.hollander@bioinformatik.uni-saarland.de
(Rückfragen via E-Mail oder alternativ via Direktnachricht in MS Teams).

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 transmembrane Regionen mit TOPCONS und analysieren Sie deren Konservierung. Sind eher Transmembranhelices (TMHs) oder Loops konserviert?

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** (nicht gleicher) 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!