

Softwarewerkzeuge der Bioinformatik

Prof. Dr. Volkhard Helms
PD Dr. Michael Hutter, Daria Gaidar
Markus Hollander, Lea Eckhart
Wintersemester 2018/2019

Universität des Saarlandes
Zentrum für Bioinformatik

Projekt 1 – Sequenzanalyse

Abgabe bis 13.12.2018 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 **“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?
- 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!