

# Übungen zur Vorlesung Sequenzanalyse II

Universität Bielefeld, SoSe 2007

Dr. Sven Rahmann · Dipl.-Inf. Peter Husemann · Dipl.-Biol. Constantin Bannert

<http://gi.cebitec.uni-bielefeld.de/teaching/2007summer/sequenzanalyse/>

**Blatt 3 vom 04.05.2007**

**Abgabe am 11.05.2007 vor der Vorlesung um 8:30 in H14**

**Aufgabe 1** Gegeben ist die folgende RNA-(Teil-)Sequenz nebst Sekundärstruktur. Dabei sind die Basenpaarungen durch zueinander passende Klammerpaare dargestellt.

```
5' AACGCUCCCAUAGAU**CCGUACA*A*UA*****C 3'
..(((.(.(.(...)).(.(...).)))))
```

Ergänze den fehlenden Teil der Sequenz und visualisiere die Struktur! Gib für jedes der 9 Basenpaare an, an welcher Art loop es beteiligt ist!

**Aufgabe 2** Probiere die vorläufige Version von *Passta* auf dem Bielefelder Bioinformatik-Server aus, unter <http://bibiserv.techfak.uni-bielefeld.de/passta/>. Wähle auf der “Submission”-Seite das vorgegebene Beispiel (“Example”, “Submit”). Nach ca. 10 Minuten liegt das Ergebnis vor. Charakterisiere es mit Hilfe folgender Fragen:

1. Welche der zur Annotation verwendeten Proteindomänen sind mit der Anfragesequenz verwandt?
2. Wo siehst Du Sprünge, Umordnungen und Deletionen, falls vorhanden?
3. Vergleiche die Ausgaben für die verschiedenen Jump- und Rearrangementkosten. Was sind die Unterschiede?

**Aufgabe 3** Bei Experimenten zur Bestimmung der dreidimensionalen Struktur eines Proteins werden oft Komplexe aus mehreren Untereinheiten (“Chains”) verwendet. Beim PDB-Eintrag “1efu” handelt es sich um ein Tetramer aus vier Untereinheiten. Suche die *SCOP*-Homepage unter <http://scop.mrc-lmb.cam.ac.uk/scop/index.html> auf. Finde heraus, aus wie vielen Domänen die Untereinheit “A” des PDB-Eintrag “1efu” besteht, und um welches Protein es sich dabei handelt (Funktion). Charakterisiere mit Hilfe von *SCOP* die evolutionären Beziehungen der Domänen zueinander (wurden sie alle in eine Familie klassiert?).