

# Übungen zum Sequenzanalyse-Praktikum

Universität Bielefeld, SoSe 2013  
Prof. Dr. Jens Stoye · M.Sc. Stefan Jannsen · B.Sc. Linda Sundermann  
<http://wiki.techfak.uni-bielefeld.de/gi/Teaching/2013summer/SequaPrak>  
praktikum-seqa@CeBiTec.Uni-Bielefeld.DE

**Übungsblatt 9 vom 07.06.2013**  
**Abgabe am Mittwoch, den 12.06.2013**

## Aufgabe 1 (MSA verwandter Sequenzen mit Clustal Omega)

1. Wie lauten die lateinischen Namen des Menschen, der Hausmaus, der Schopffente, der Spitzschwanzente und des Atlantischen Lachses?
2. Suche dir die Proteinsequenzen der Haemoglobin-Alpha-Untereinheit A der Organismen aus Aufgabe 1.1 heraus. Gib im Protokoll nur die IDs der Sequenzen an.
3. Gehe auf <http://www.ebi.ac.uk/Tools/services/web/toolform.ebi?tool=clustalo> und füge deine Sequenzen in das Eingabeformular ein. Führe *Clustal Omega* mit Standardeinstellungen aus.
4. Als letzte Zeile im multiplen Alignment findest du verschiedene Zeichen. Welche sind es und was bedeuten sie?
5. Lasse dir jetzt die Farben im multiplen Alignment anzeigen. Was zeigen sie an? (Nur kurze Erklärung.)
6. Wie unterscheidet sich ein phylogenetischer Baum von einem Kladogramm?
7. Betrachte nun den phylogenetischen Baum und das Kladogramm. (Bilde diese auch in deinem Protokoll ab.) Zu wem zeigt der Mensch die größte Ähnlichkeit? Ist die Haemoglobin-Sequenz des Menschen ähnlicher der von Vögeln oder der von Fischen?

## Aufgabe 2 (MSA weit verwandter Sequenzen mit Clustal Omega)

1. Suche dir nun die Proteinsequenz der 60S-ribosomalen Untereinheit des Menschen heraus. Füge diese Sequenz zusammen mit den fünf Haemoglobinsequenzen aus Aufgabe 1 in das *Clustal-Omega*-Eingabeformular ein und führe das Programm mit Standardeinstellungen aus.
2. Vergleiche das Alignment, das du jetzt erhältst, mit dem aus Aufgabe 1. Was fällt auf? Wo sind Unterschiede? Was ist gleich geblieben? Woran liegt das?
3. Betrachte nun auch wieder den phylogenetischen Baum. Unterstützt er deine Beobachtungen?

## Aufgabe 3 (Untersuchung unbekannter Sequenzen mit Clustal Omega)

1. Lade dir die Sequenzen *unknown\_query.fas* von der Sequenzanalyse-Seite herunter. Gegeben sind vier bekannte und eine unbekannt Sequenz. Kopiere alle fünf Sequenzen in das Eingabefenster von *Clustal Omega* und lasse das Programm mit Standardeinstellungen laufen.
2. Zu welcher Sequenz hat die Query die höchste Ähnlichkeit? Um welche Sequenz handelt es sich bei dieser? Aus welchem Organismus stammt sie?
3. Was stellen die anderen drei Sequenzen dar und aus welchen Organismen kommen sie?
4. Gehe auf die Seite *Result Summary* des Outputs von *Clustal Omega* und starte *JalView*, ein Programm mit grafischer Oberfläche, das dir zusätzlich zum Alignment auch die Konservierung und die Qualität des Alignments anzeigt. Wie viele größere (mehr als drei Basen) konservierte Regionen findest du für das multiple Alignment? (Werden Regionen nur von einer Base unterbrochen, zähle sie trotzdem als eine.)
5. Um was für eine Sequenz wird es sich bei der Query wahrscheinlich handeln? Kannst du deine Vermutung mit BLAST bestätigen? Welche Sequenz findest du?