

# 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/SequaPraktikum-seqan@CeBiTec.Uni-Bielefeld.DE>

**Übungsblatt 11 vom 21.06.2013**  
**Abgabe bis Mittwoch, 26.06.2013**

## Aufgabe 1 (DIALIGN 2.2.1)

Mache dich mit der Homepage von DIALIGN auf dem Bielefelder Bioinformatik-Server vertraut: <http://bibiserv.techfak.uni-bielefeld.de/dialign>.

1. Berechne mit Dialign ein multiples Alignment der „unbekannten“ Beta-Lactamase-Sequenzen von Übungsblatt 9, Aufgabe 3.
2. Verwende JalView (<http://www.jalview.org>), um eine graphische Darstellung des Alignments zu erstellen. Füge diese Abbildung (bzw. einen sinnvoll gewählten Teil davon) in dein Protokoll ein.
3. Erstelle für diese Sequenzen multiple Alignments mit Clustal Omega und mit T-Coffee. Vergleiche diese Alignments mit dem DIALIGN-Alignment aus Aufgabe 1.1. Diskutiere die Ähnlichkeiten und Unterschiede.
4. Suche dir nun die Nukleotidsequenzen der entsprechenden Proteine zusammen und aligniere diese mit Dialign. Ist das Alignment anders als das Alignment der Proteinsequenzen?
5. Dialign erlaubt, die Nukleotidsequenzen vor dem Alignment in Aminosäuresequenzen zu übersetzen. Vergleiche das Ergebnis mit und ohne diese Übersetzung.

## Aufgabe 2 (Evaluation von Alignmentprogrammen)

Mache dich mit der Webseite der Alignment-Benchmarking-Software BALiBASE vertraut: <http://bips.u-strasbg.fr/fr/Products/Databases/BALiBASE/>.

1. Wähle das Referenzalignment *cytochrome c*, extrahiere die einzelnen Sequenzen (beispielsweise mit *readseq*: <http://www.ebi.ac.uk/Tools/sfc/readseq>) und berechne multiple Alignments mit den drei Alignmentprogrammen Clustal Omega, T-Coffee und Dialign.
2. Formatiere die Ergebnisse in das MSF-Format um und überprüfe die Qualität mittels *baliscore* (SP- und TC-Scores). Beschreibe die Ergebnisse.

## Aufgabe 3 (Dialign at GOBICS)

Mache dich mit der Webseite der verschiedenen neueren Varianten von Dialign in Göttingen vertraut: <http://dialign.gobics.de>

1. Schau dir DIALIGN-Pfam genauer an und finde heraus, für welche Art von Fragestellung es entwickelt wurde.
2. Lasse DIALIGN-Pfam mit den auf der Seite gespeicherten Beispielsequenzen laufen. Beschreibe die Ausgabe des Programms.