

# Übungen zum Sequenzanalyse-Praktikum

Universität Bielefeld, SoSe 2014

Prof. Dr. Jens Stoye · M.Sc. Nina Luhmann · M.Sc. Linda Sundermann

<http://wiki.techfak.uni-bielefeld.de/gi/Teaching/2014summer/SequaPrak>

[praktikum-seqan@CeBiTec.Uni-Bielefeld.DE](mailto:praktikum-seqan@CeBiTec.Uni-Bielefeld.DE)

**Übungsblatt 12 vom 07.07.2014**

**Abgabe bis Donnerstag, 10.07.2014**

## 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. Auf der Praktikums homepage findest du die Datei *dialign\_sequences.fas*. Benutze die ersten beiden Sequenzen, um mit DIALIGN ein Alignment zu berechnen. Was bedeuten die kleinen und die großen Buchstaben im Alignment?
2. Wie viele Blöcke werden aligniert? Fertige eine Skizze an.
3. Berechne nun ein Alignment mit allen drei Sequenzen aus der Datei. Wie sieht das Alignment nun aus? Fertige ebenfalls eine Skizze an. Betrachte dazu die nicht alignierten Regionen der dritten Sequenz genau. Warum kann sie nicht problemlos an die anderen beiden aligniert werden?

## Aufgabe 2 (DIALIGN 2.2.1 – Sequence Mode)

1. Berechne mit DIALIGN ein multiples Alignment der „unbekannten“ Beta-Lactamase-Sequenzen von Übungsblatt 10, 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 2.1. 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 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.