

Übungen zum Sequenzanalyse-Praktikum

Universität Bielefeld, WS 2020/21

Dr. Roland Wittler · M.Sc. Tizian Schulz

<http://gi.cebitec.uni-bielefeld.de/teaching/2020winter/sequaprak>

praktikum-seqan@CeBiTec.Uni-Bielefeld.DE

Übungsblatt 13 vom 09./10.02.2021

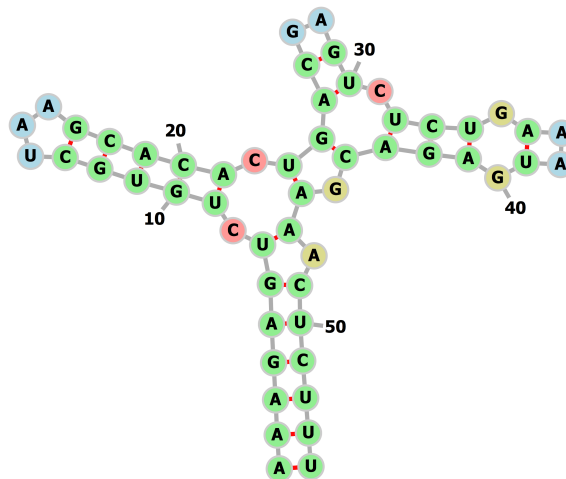
Abgabe im heutigen Praktikum (oder bis Sonntag bzw. Montag, 24:00 Uhr).

Der abstrakte Shape Ansatz abstrahiert von der konkreten Sekundärstruktur und klassifiziert Strukturen in Familien, die eine ähnliche Sekundärstruktur bzw. die gleiche Shapestruktur teilen (ein Beispiel ist die Kleeblattstruktur der tRNAs). Das Programm RNashapes definiert fünf verschiedene Abstraktionslevel für Shapes. Die Notation besteht aus eckigen Klammern '[' und ']' für gepaarte Regionen und Unterstrichen '_' für ungepaarte Regionen. Im RNA-Shapes Manual unter <http://bibiserv.cebitec.uni-bielefeld.de/rnashapes/> sind verschiedene Abstraktionslevel beschrieben.

Die im Folgenden zu untersuchenden RNA-Sequenzen sind im Fasta-Format unter `/vol/seqan/Praktikum/RNA` zu finden.

Aufgabe 1

Wir betrachten zunächst Sequenz A (aus dem *Peach latent mosaic viroid*). In der Abbildung ist eine mithilfe des Nussinov-Algorithmus berechnete RNA-Struktur dargestellt. Schreibe zunächst die Vienna-Dot-Bracket Darstellung für diese Struktur auf. Übersetze dann die Struktur in Shape Strings der Level 1, 3 und 5.



Dot-Bracket	
Level 1	
Level 3	
Level 5	

Bitte wenden.

Aufgabe 2

Vergleiche nun die beiden gegebenen Sequenzen miteinander.

1. Verwende zunächst BLAST und überprüfe, ob die Sequenzen signifikant ähnlich sind.

Ja Nein

2. Berechne nun mit dem Tool `RNAshapes`¹ MFE-Strukturen für beide Sequenzen für immer abstraktere Shape-Level und vergleiche die erhaltenen Strukturen. Was beobachtest du?

Level	Sequenz A	Sequenz B
1		
2		
3		
4		
5		

Beobachtung: _____

3. Vergleiche mit der nach Nussinov berechneten Struktur.

Beobachtung: _____

¹<http://bibiserv.cebitec.uni-bielefeld.de/rnashapes/>