

2.1 Legen Sie die Aminosäuresequenzen für das **humane** und das **bovine Serumalbumin** (selber in der Datenbank finden! Tipps: z.B. über die englischen Namen oder die UniProtID) in den Korb (basket) und vergleichen Sie diese bezüglich der AS-Sequenz (Alignment).

UniProtIDs („Entry“) und UniProt-Proteinbezeichnung („Entry name“):

[P02768, ALBU\\_HUMAN](#)

[P02769, ALBU\\_BOVIN](#)

2.3 Wie viel Prozent der Aminosäuren der Aminosäuren sind identisch?

**76,355% identische Posititonen (465 AS von 609 AS)**

3.1. BLASTen Sie das gesamte humane Prolactin indem Sie auf BLAST drücken. Prüfen Sie auf der Basis Ihres Ergebnissen ob Menschen eher mit Bonobo-Schimpanzen (*Pan paniscus*) oder eher mit Gorillas (*Gorilla gorilla*) oder eher mit Dromedaren (*Camelus dromedarius*) verwandt sind. Wie groß sind die Übereinstimmungen?

**mit Bonobos (*Pan paniscus*): 98,7%; mit Gorillas (*Gorilla gorilla*): 98,2%; mit Dromedaren (*Camelus dromedarius*): 81,4%**

3.2 Führen Sie mit UniProt ein **blastx** für folgende DNA-Sequenz durch: *agtgctgctgtagagagtgccggagtgtga* (Leseraster ist nicht bekannt!). Geben Sie das Protein mit UniProtID und Uniprot-Name an, zu dem die Sequenz passt.

**[V5G432, alpha-1,2-Mannosidase \(\*Byssochlamys spectabilis\* \(st...\)\)](#)**

3.3 Ermitteln Sie die proz. Übereinstimmung des Enzyms „**ATP-abhängige 6-Phosphofruktokinase 1(ATP-PFK)**“ (**Enzymnummer: 2.7.1.11**) im Vergleich zur humanen Variante. Existieren verschiedene **Isoformen** (gleiche Funktion, anderer Bau, meist in unterschiedlichem Gewebe zu finden), so vergleichen Sie die aus Muskelgewebe (**PFKM** oder **PFKMA**). Wenn kein oder mehrere passende Einträge, dann diejenige Form mit am ehesten vergleichbarer molarer Masse wählen. Möglichkeit 1: Protein Alignment. Alle Proteine in den Korb befördern. Dann jedes Protein einzeln mit dem humanen Protein vergleichen. Möglichkeit 2: *blastp*

	<b>Bonobo-Schimpanse</b> ( <i>Pan paniscus</i> )	<b>Wanderratte</b> ( <i>Rattus norvegicus</i> )	<b>Zebrafisch</b>	<b>Lanzettfischchen</b> ( <i>Branchiostoma sp.</i> )	<b>ein Fadenwurm</b> ( <i>Caenorhabditis elegans</i> )	<b><i>Escherichia coli</i></b> (Stamm K12)
<b>tetzter gemeinsamer Vorfahre lebte vor</b>	5-6 Mio J	100-150 Mio J	200-300 Mio J	500 Mio J	800 – 1000 Mio J	?
<b>UniProt ID</b>	A0A2R9BRB6	<b>P47858</b>	<b>Q66HV8</b>	<b>C3Y8C1</b>	<b>Q9TZL8</b>	<b>P0A796</b>
<b>% Übereinstimmung</b>	100,0%	<b>ca. 97%</b>	<b>ca. 77%</b>	<b>ca. 62%</b>	<b>ca. 53%</b>	<b>ca. 17%</b>

**4.1. Aufgabe: Humanes Glucagon**

a) Nehmen Sie den Aminosäuresequenz-Abschnitt zwischen der 15. und 21. Aminosäure aus dem humanen Peptidhormon Glucagon und übersetzen Sie es in die wahrscheinlichste Nucleotid-Sequenz.

**AS-Sequenz: VQGSWQR - wahrscheinlichste DNA-Sequenz: GTGCAGGGCAGCTGGCAGAGG**

b) Übersetzen Sie die AS-Sequenz mit einem anderem Werkzeug zurück in eine Aminosäuresequenz.

**5'-3'-Leserahmen: VQGSWQR**

4.2. Ergänzen Sie in Querformat angegebene Tabelle (siehe unten). Existieren mehrere Möglichkeiten, so wählen Sie „REVIEWED“-Einträge, also solche die verifiziert wurden (goldfarben + Sternchen). Im Zweifelsfall wählen Sie den obersten passenden Eintrag.

Bezeichnung (DE/EN)	Wirts-organismus	UniProt ID	Gen-Name	erste 10 AS (N-Terminus )	letzte 10 AS(C-Terminus)	Länge (AS), Masse (kDa)	Bemerkung (z.B. wichtigste Eigenschaft/Biolog. Funktion)
Thaumatococin I	<i>Thaumatococcus daniellii</i>	P02883	N/A (not available) - noch keiner	MAATTCFFFL	CPTALELEDE	235 AS; 25,4 kDa	man beachte! Alle erste AS in Tabelle! Met (M)! posttranslational häufig abgespalten
Myoglobin	human	P02144	MB	MGLSDGEWQ L	SNYKELGFQG	154 AS; 17,2 kDa	Dient dem Sauerstofftransport im Muskelgewebe
Bovines Serumalbumin	Rind ( <i>Bos taurus</i> )	P02769	ALB	MKWVTFISLL	EGPKLVVSTQ TALA	607 AS; 69,3 kDa	Protein des Blutplasmas, z.B. Transport verschiedener Stoffe im Blut
Humanes Serumalbumin	Human	P02768	ALB	MKWVTFISLL	VAASQAALGL	609 AS; 69,4 kDa	mit Advanced suchen!
mitochondrielle Aldehyd Dehydrogenase 2	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	P32872	ALD2	MSKSKTKTDK	GRELGEYGLE	511 AS, 56,5 kDa	enthält Fragment MGRELGE * mit "Peptide search" suchen!
Trypsin	human	P07478	PRSS2	MNLLLILTFV	DWIKDTIAANS	ca. 26560 Da, 245-248 AS	enthält Sequenz IAANS
Prolactin	Human	P01236	PRL	MNIKGSPWK G	KCRIHNNNC	ca. 23 kDa	Sequenzausschnitt RYTHGRGFIT * mit "Peptide search" suchen!
Spike Coronavirus	Zellulärer oder subzellulärer unbekannter Erreger: Fledermaus oder Mensch	P59594	S	MFVFLVLLPL	CRIIHNNC	ca. 141 kDa	Aus Sputum erkrankter Person isoliert. Ein weiteres nach Trypsin-Verdau gewonnenes Fragment besitzt die Sequenz: GIYQTSNFR