

## 7. Übung „Angewandte Bioinformatik mit Perl und R“

1. Im Rahmen eines biologischen Experiments wurde ein Protein sequenziert (`sequence.fasta` auf der Seite zur Übung). Aus weiteren Experimenten scheint es wahrscheinlich, dass das zugehörige Enzym eine Rolle im Zuckerhaushalt spielt. Sie stehen nun vor der Aufgabe, mit Hilfe einer BLAST-Anfrage zu klären, um welches Enzym es sich handelt.

Schreiben Sie ein Perl-Skript, das die Sequenz einliest und gegen die *SwissProt* Protein-Datenbank blastet. Betrachten Sie nur Hits mit einem *E-Wert* unter  $1E-10$ . Untersuchen Sie, auf welche Familie von Enzymen Ihre Suchanfrage passt. Formulieren Sie eine Hypothese über die Funktion des unbekannten Enzyms. Ist die Vermutung, dass dieses Enzym eine Rolle im Zuckerhaushalt spielt, korrekt? (4 Punkte)

*Hinweis: Da die Klasse `Bio::Tools::Run::RemoteBlast` in der installierten Version nicht mehr funktioniert, nutzen Sie stattdessen die Klasse von der Seite zur Übung.*

*Nutzen Sie allgemein die Klassen `RemoteBlast`, `Bio::Tools::BPlite` und `Bio::Tools::BPlite::Sbjct`.*

2. Von einer Biologin wurde Ihnen das unten abgebildete Gel gegeben (zumindest etwas das so ähnlich aussah). Auf diesem Gel wurden DNA-Fragmente eines *S. cerevisiae* Chromosoms laufen gelassen. Die Fragmente wurden mit dem Restriktionsenzym *EcoRI* erzeugt.

Die Frage ist nun, um welches Chromosom es sich handelt. Auf Grund des geringen Molekulargewichtes des unteruchten Chromosoms kommen nur die Chromosomen I (GI: 85666109), III (GI: 85666111) und VI (GI: 42742172) in Frage. Schreiben Sie ein Perl-Skript, das diese Frage klärt und nutzen Sie dazu die Klassen `Bio::Restriction::EnzymeCollection` und `Bio::Restriction::Analysis`. (4 Punkte)

