

Inhaltsverzeichnis

Vorwort	5
1 Einstieg in die Sequenzanalyse	7
2 Primäre Datenbanken	9
2.1 Genbank am NCBI	11
2.2 EMBL	13
2.3 DDBJ	15
2.4 Nicht-redundante primäre Datenbanken	16
3 Sequenzformate	21
3.1 Elektropherogramme	21
3.2 FASTA	22
3.3 Umwandlung von Sequenzformaten	23
4 Einfache Alignments	25
4.1 Substitutionsmatrizen	27
4.1.1 PAM-Matrizen	30
4.1.2 BLOSUM-Matrizen	32
4.2 Dotplot	35
4.2.1 Fenster-Methode als Dotplot-Filter	36
4.2.2 Wort-Methode als Dotplot-Filter	37
4.3 Das globale Alignment	41
4.4 Das lokale Alignment	45
4.4.1 Lokales Alignment von Protein- mit Nukleotidsequenzen	46
5 Heuristische Methoden zum Sequenzvergleich	49
5.1 FASTA	49
5.1.1 Suchalgorithmus	50
5.1.2 Besondere Formen von FASTA	53
5.2 BLAST	54
5.2.1 Suchalgorithmus	55
5.2.2 Bit Score und E-Wert	56
5.2.3 Was steht in einem BLAST-Ergebnis?	57

5.2.4	Welche Substitutionsmatrix verwendet man?	57
5.2.5	Was bedeutet <i>Filtering</i> beim BLAST?	58
5.2.6	Besondere Formen von BLAST	58
5.2.7	PSI-BLAST	60
5.2.8	PHI-BLAST	62
5.2.9	Alternativen zu BLAST	63
6	Multiple Alignments	67
6.1	Globale multiple Alignments	68
6.1.1	Progressives Alignment nach Feng & Doolittle	68
6.1.2	CLUSTALW	69
6.1.3	Divide and Conquer - simultanes Alignment	73
6.2	Lokale multiple Alignments	74
6.2.1	Block Maker	74
6.3	Darstellung des multiplen Alignments	76
7	Phylogenetische Analysen	81
7.1	Topologie phylogenetischer Bäume	82
7.2	Methoden zur Berechnung	83
7.2.1	Berechnung von Distanzbäumen	84
7.2.2	Das Parsimony-Prinzip	87
7.2.3	Bootstrapping - Bewertung der Bäume	90
7.2.4	Maximum Likelihood Bäume	93
8	Abgeleitete Datenbanken	103
8.1	Motiv-Datenbanken	103
8.1.1	PROSITE - Muster von Proteinen	104
8.1.2	PRINTS - Fingerabdrücke von Proteinen	105
8.1.3	CDD - PSSMs von Proteinen	105
8.1.4	PFAM - HMMs von Proteinen	106
8.1.5	InterPro - eine Metadatenbank	107
8.2	Datenbanken für Stoffwechselwege	108
8.2.1	ENZYME - Nomenklatur-Datenbank	109
8.2.2	BRENDA	109
8.2.3	KEGG	109
8.3	Vorhersage-Datenbanken	109
8.3.1	CBS - Center for Biological Sequence Analysis	109
8.3.2	PREDICTPROTEIN	110
9	Primerdesign	113
9.1	Design von exakten Primern	114
9.2	Design von degenerierten Primern	114
9.3	Design von Primern zur Mutagenese	115
9.4	Design von Primern für die Amplifizierung von Exons	115

10 Genomanalyse	117
10.1 Genvorhersage	117
10.1.1 <i>Ab initio</i> Genvorhersage	118
10.1.2 Homologie-basierte Genvorhersage	120
10.1.3 Kombination beider Methoden	121
10.1.4 Kombination mehrerer Programme	121
10.2 Funktionelle Analyse	122
10.2.1 Homologiesuche	122
10.2.2 Motivsuche	123
10.2.3 Funktionelle Kataloge	123
10.2.4 Lokalisierung	124
10.2.5 Automatische Vorhersage	125
Glossar	129
Weblinks	135
Literaturverzeichnis	143
Index	153