

Andrew Torda
Björn Hansen



Universität Hamburg

DER FORSCHUNG | DER LEHRE | DER BILDUNG

Zentrum für Bioinformatik
Übung zur Vorlesung
Grundlagen der Strukturanalyse
Wintersemester 2012/2013



29.01.2013

Übung 8: Revision 3

Dies ist die dritte von drei Übungen, welche Ihnen die Prüfungsvorbereitung erleichtern soll. Auf den folgenden Seiten finden Sie typische Fragen, wie sie in einer Klausur gestellt werden könnten. Dies ist aber kein Fragenkatalog, sondern nur eine kleine Sammlung möglicher Prüfungsfragen. Die Prüfungsfragen der Klausur werden auf Deutsch gestellt.

Bitte beantworten Sie mit Hilfe Ihrer Übungs- und Vorlesungsunterlagen alle gestellten Fragen und bringen Sie Ihre Antworten für die gemeinsame Besprechung in der Übung am **29.01.2013** (Raum 16) mit. Welche Studenten die einzelnen Übungsaufgaben vorstellen, wird wie immer zufällig festgelegt werden.

Am **29.01.2013** haben Sie außerdem die Möglichkeit, über die Fragen dieses Übungszettels hinaus alles zur Sprache zu bringen, was Ihnen in Übung und Vorlesung bisher unklar geblieben ist. Setzen Sie sich deshalb schon vor dieser Übung mit dem GST-Lehrstoff auseinander und bereiten Sie entsprechende Fragen vor. Bei sehr speziellen Fragen Ihrerseits empfiehlt es sich, diese bereits vor dem **25.01.2013** an [*hansen@zbh.uni-hamburg.de*](mailto:hansen@zbh.uni-hamburg.de) zu schicken.

Fragenblock 8 (Protein Evolution):

(10 P)

- Over the course of evolution, which changes faster - protein sequence or structure?
Give a reason why this may be the case.
- Some protein structure classifications impose a hierarchy on proteins.
Why may this be a reasonable thing to do?
- Give an argument why a hierarchical classification may not be appropriate for many proteins.

Fragenblock 9 (Structure Comparison):

(20 P)

- Why is it fundamentally difficult to superimpose two protein structures if they are not the same size?
- I have two models of one protein, but they are rather different.
Describe an algorithm with pseudo-code to find the more similar regions of the structures.
- I have two proteins and an effective algorithm to find the common region between two protein structures. When I run the program I find the following alignment:

	residues			
protein 1	1-10	11-60		61-90
protein 2		1-50	51-70	71-100

So, for example, residues 11-60 in protein 1 are aligned to 1 to 50 in protein 2.

Sketch a diagram of domain structure that would give this alignment.

- You would like to align protein structures of different sizes and you would like to turn the problem into a classic dynamic programming formulation. Describe one method for this.
- Similarity of protein structures is often measured using the root mean square difference of coordinates. Draw an example to show why this may not be a good measure.
- Describe a measure of protein similarity which is quantitative (in Å), but is not the root mean square difference (*rmsd*) of Cartesian coordinates.
Why may it be better than *rmsd* of Cartesian coordinates.