

Name:

Übungsblatt zur Nutzung des UCSC Genom Browsers (<http://genome.ucsc.edu>)

5 der 13 Aufgaben sollten richtig gelöst sein

1. Finden Sie das EST F01199 in Genbank. Blaten Sie diese Nukleotidsequenz im UCSC Browser. Wie heisst das Gen, das zu diesem EST gehört?
2. Finden Sie die entsprechende „RefSeq“. Geben Sie die Koordinaten an.
3. Gehen Sie im UCSC Browser zu dieser RefSeq. Aus wievielen Exonen besteht das Gen? Wieviele Exone sind kodierend?
4. Wo im Maus-Genom liegt das Orthologe? Geben Sie die genomischen Koordinaten an.
5. Können Sie aufgrund der Daten (welcher?) im Genom Browser zum humanen Gen darüber spekulieren, wie es reguliert wird?
6. Finden Sie z.B. mithilfe des Table Browsers heraus, wieviele SNPs (single nucleotide polymorphisms) im nicht-kodierenden Bereich dieses humanen Gens liegen.

Die nachfolgenden Aufgaben sind mithilfe des Table Browsers und den Funktionen in Excel zu lösen (Hilfe: Die Tabellen sollten zunächst ohne Formatierung in Word zwischengespeichert werden, danach können sie dann in Excel geöffnet werden, wobei die Tabulatoren als Spaltenmarkierung benutzt werden)

9. Wieviele gut annotierte proteinkodierende Gene gibt es auf dem humanen Chromosom 22 (siehe Track Consensus Coding DNA Sequence (CCDS))?
10. Berechnen Sie die durchschnittliche Exonzahl dieser Gene, gibt es einen Unterschied von Mittelwert und Median?
11. Berechnen Sie die durchschnittliche Länge dieser Genloci auf dem Chromosom, gibt es einen hier einen Unterschied von Mittelwert und Median? Woran liegt dies?
12. Gibt es einen signifikanten Unterschied in der Anzahl von Genen, die auf dem (+) und auf dem (-) - Strang liegen?
13. Wieviel Prozent des Bereiches 22q12.3 bestehen aus sogenannten Repeats?

Empfohlene Einstellungen zur Lösung der Aufgaben zum UCSC Browser

Genomversionen

hg18
mm8

Klick auf **'configure tracks and display'**

Configure Image

1200 image width - text size small

Configure Tracks (alle anderen Tracks so lassen, wie sie sind)

Bei Bedarf lassen sich die Ansichten der Tracks durch Anklicken verändern

Full

UCSC genes
RefSeq
Ensembl Genes
mRNA
CpG
Conservation
Mouse Net

Pack

CCDS

Dense

Base Position
Assembly
Gap
sno/miRNA
Spliced ESTs
Other mRNA
FirstFE
TFBS conserved
Oreganno
SNPs
RepeatMasker