

Übungen zum Sequenzanalyse-Praktikum

Universität Bielefeld, SoSe 2013
Prof. Dr. Jens Stoye · M.Sc. Stefan Jannsen · B.Sc. Linda Sundermann
<http://wiki.techfak.uni-bielefeld.de/gi/Teaching/2013summer/SequaPraktikum-seqan@CeBiTec.Uni-Bielefeld.DE>

Übungsblatt 12 vom 28.06.2013
Abgabe bis Mittwoch, 03.07.2013

Aufgabe 1 (UCSC Genome Browser)

Mache dich mit der Homepage des UCSC Genome Browsers vertraut: <http://genome.ucsc.edu>.

1. Welches ist die aktuelle Version der Referenz-Sequenz des menschlichen Genoms, die dort abgelegt ist und von wann stammt sie?
2. Gehe zur chromosomalen Region `chr21:33,031,597-33,041,570`, die als Voreinstellung angegeben ist. Füge die erscheinende Abbildung in dein Protokoll ein und beschreibe, was du siehst.
3. Was versteht man unter einem „Track“? Wie kann man ihn anlegen?
4. Was macht die Software BLAT, die man unter dem Menü-Punkt „Tools“ findet? Finde heraus, wie der darunterliegende Algorithmus vorgeht und beschreibe ihn in 5–10 Sätzen.
5. Wo in Europa gibt es Kopien („Mirror Sites“) des UCSC Genome Browsers?

Aufgabe 2 (MUMmer)

Mache dich mit der Webseite von MUMmer vertraut: <http://mummer.sourceforge.net>

1. Welche wesentlichen algorithmischen Techniken sind in MUMmer 3 implementiert?
2. Führe das „Walk-through“-Beispiel auf der Seite <http://mummer.sourceforge.net/examples> durch. Beschreibe kurz die einzelnen Schritte in eigenen Worten und füge die am Ende von Abschnitt 2.6 mit `mummerplot` erzeugte Abbildung des Outputs von MUMmer 3 in dein Protokoll ein.