

Übungen zum Sequenzanalyse-Praktikum

Universität Bielefeld, SoSe 2015

Dr. Roland Wittler · M.Sc. Linda Sundermann

<http://wiki.techfak.uni-bielefeld.de/gi/Teaching/2015summer/SequaPrak>

praktikum-seqan@CeBiTec.Uni-Bielefeld.DE

Übungsblatt 12 vom 06.07.2015

Abgabe des Protokolls bis Donnerstag, 09.07.2015

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, und beschreibe, was du siehst.
3. Was versteht man unter einem „Track“? Wie kann man Tracks auswählen und eigene Tracks anlegen?
4. Wo befindet sich die offizielle europäische Kopie („Mirror Site“) des UCSC Genome Browsers? (Hinweis: Suche in den „News“.)

Aufgabe 2 (MUMmer)

Mache dich mit der Webseite von MUMmer vertraut und installiere die Software: <http://mummer.sf.net>

1. Welche wesentlichen algorithmischen Techniken sind in MUMmer 3 implementiert?
2. Beschreibe kurz die in den „Walk-through“-Beispielen auf der Seite <http://mummer.sf.net/examples> beschriebenen Tools bzw. Anwendungsfälle.
3. Führe das Skript `run-mummer3` mit den Sequenzen `H_pylori26695_Eslice.fasta` und `H_pyloriJ99_Eslice.fasta` aus und erzeuge mit `mummerplot` einen Dotplot. Füge die erzeugte Abbildung in dein Protokoll ein und beschreibe sie – insbesondere die Bedeutung der roten und blauen Linien. Was fällt dir an der Darstellung der (blauen) reversen Matches auf?
4. Vergleiche den `mummer`-Aufruf im Skript `run-mummer3` mit dem Beispielaufruf von `mummer` in Abschnitt 2.2 der „Walk-through“-Beispiele. Wie lässt sich die Handhabung der reversen Matches im Skript `run-mummer3` einfach korrigieren? Füge auch die korrigierte Abbildung in dein Protokoll ein und beschreibe kurz, inwiefern die Darstellung der reversen Matches nun sinnvoller erscheint.