

# Übungen zum Sequenzanalyse-Praktikum

Universität Bielefeld, WS 2017/18

Dr. Daniel Dörr · M. Sc. Tizian Schulz · Prof. Dr. Jens Stoye

<http://gi.cebitec.uni-bielefeld.de/teaching/2017winter/sequaparak>

[praktikum-seqan@CeBiTec.Uni-Bielefeld.DE](mailto:praktikum-seqan@CeBiTec.Uni-Bielefeld.DE)

**Übungsblatt 12 vom 23./24.01.2018**

**Abgabe bis Sonntag bzw. Montag, 24:00 Uhr.**

## 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, 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. Lege einen eigenen Track „My regions of interest“ im `bed`-Format an. Es sollen zwei Regionen in Chromosom 9 markiert werden: „Region\_A“ (in Schwarz) von Position 133 260 000 bis 133 275 000 und „Region\_B“ (in Grau) von Position 133 265 000 bis 133 277 000. Region A liegt auf dem Vorwärts-Strang und Region B auf dem Rückwärts-Strang. Übernimm den Inhalt der `bed`-Datei in dein Protokoll und erläutere kurz den Aufbau. Welches Problem taucht bei der Anzeige des Tracks zunächst auf und wie lässt es sich beheben?
5. Wo befindet sich die offizielle europäische Kopie („Sponsored Mirrors“) des UCSC Genome Browsers?

## Aufgabe 2 (MUMmer)

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

1. Welche wesentlichen algorithmischen Techniken sind in MUMmer 3 implementiert?
2. MUMmer3 ist im CeBiTec-System unter `/vol/biotoools/lib/MUMmer3.23` installiert. Lade die beiden Dateien `H_pylori26695_Eslice.fasta` und `H_pyloriJ99_Eslice.fasta` von der Veranstaltungsseite herunter, führe das Skript `run-mummer3` mit den darin befindlichen Sequenzen aus und erzeuge mit `mummerplot` einen Dotplot. Verwende für diese Berechnungen ein `qxterm`. 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?
3. Vergleiche den `mummer`-Aufruf im Skript `run-mummer3` mit dem Beispielaufruf von `mummer` in Abschnitt 2.2 der „Walk-through“-Beispiele auf der Seite <http://mummer.sf.net/examples>. 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.