

**Sequenzanalyse-Praktikum
Wintersemester 2023/24**

Hinweise zu Vortrag 12: Genombrowser und Genomalignment (16.01.2024)

Die folgenden Themen sollten im Vortrag angesprochen werden:

I. Genombrowser

1. Statistik: Genomgrößen, Anzahl sequenzierter Genome
2. Genom-Browser und Annotationssysteme
3. Aspekt der Visualisierung
4. Der UCSC Genome Browser: das Humangenom und seine Freunde
5. Die NCBI Genome Workbench und der NCBI Genome Data Viewer
6. Der Ensembl Genome Browser am EBI

II. Genomalignment

1. Genomalignment: Wieso und warum? Wann ist es sinnvoll und wann nicht?
2. Überblick über die Funktionsweise der üblichen Algorithmen:
 - Filtertechniken
 - Definitionen: MUMs, MEMs und wie man sie findet
 - Das Chaining-Problem
3. Software: MUMmer, MAUVE

Weitere Hinweise und Literaturangaben:

- <https://gold.jgi.doe.gov>
- <https://genome.ucsc.edu>
- <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/gbench>
- <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/gdv/>
- <https://www.ensembl.org>

- Kapitel 13 im Sequenzanalyse-Skript

- MUMmer-Homepage: <https://mummer.sourceforge.net>
- Kurtz *et al.*: Versatile and open software for comparing large genomes. *Genome Biology* **5**:R12, 2004
- MAUVE-Homepage: <https://darlinglab.org/mauve/mauve.html>
- Darling *et al.*: Mauve: multiple alignment of conserved genomic sequence with rearrangements. *Genome Research* **14**(7):1394-1403, 2004.
- Darling *et al.*: progressiveMauve: Multiple Genome Alignment with gene gain, loss, and rearrangement. *PLoS One* **5**(6):e11147, 2010.