

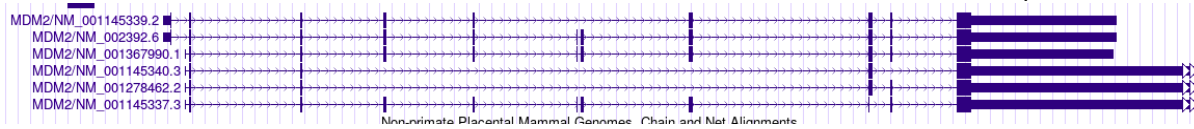
גנומיקה חישובית- תרגיל 1

מגישות: אור ארבל **ותמר סעד**

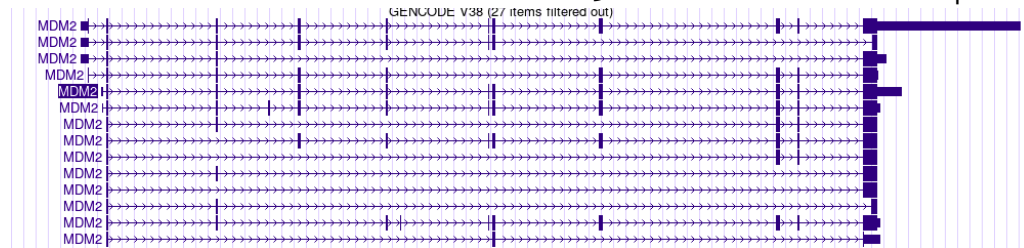
שאלה 1:

ביצענו חיפוש בGenome Browser של הגן MDM2 בגרסת הגנום hg38.

1. תחת קטגוריית NCBI RefSeq הופיעו 6 גנים.



2. תחת קטגוריית GENCODE V38 מופיעים 14 גנים.



3. הגן מקודד מהגדיל החיובי, משום שכיוון החיצים הוא ימינה.
4. בחרנו את הגן NM_001145337.3. לגן יש 11 אקסונים, ו10 אינטרונים.
5. ניתן לראות כי האקסון הראשון צר יותר מיתר האקסונים, כלומר הוא אינו מקודד.



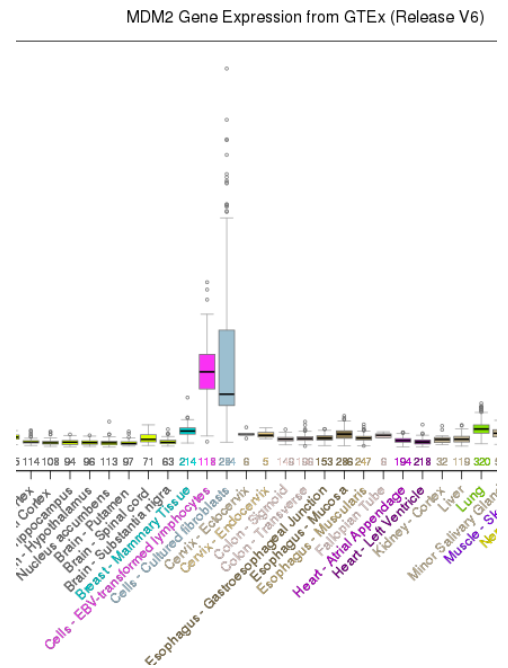
- | | | | | | | |
|----|-------|----------|----------|----------------|---|---|
| 6. | Chr12 | 68809024 | 68850684 | NM_001145337.3 | 0 | + |
|----|-------|----------|----------|----------------|---|---|

7. נכנסנו לקישור של predicted protein בדף הפרטים על הגן, ושם נכתב כי אורך החלבון הוא 444 ח"א.

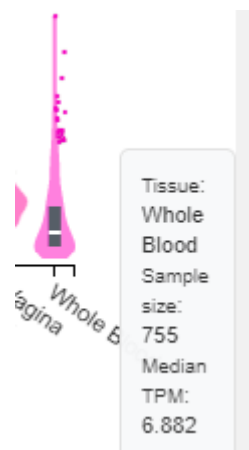
בונוס: אכן קיימים איזופורמים בגן, והם נובעים משחבור חלופי.

שאלה 2:

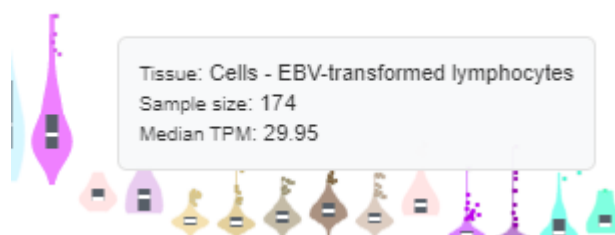
שתי הרקמות בהן הגן מתבטא ברמה הגבוהה ביותר הן: EBV-transformed lymphocytes ו-Cultured fibroblasts.



בונוס:



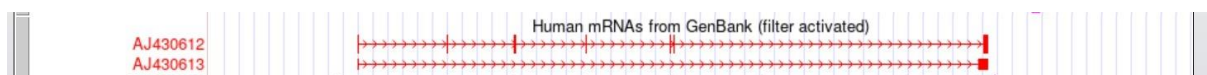
רמת ה TPM ברקמת הדם: 6.882



רמת ה TPM בלימפוציטים: 29.95

שאלה 3:

לחצנו על לחצן ימני בעכבר על ערוץ ה-Human mRNAs, ובחרנו בקונפיגורציה ברקמה מסוג lymphocytes. מצאנו שני mRNAs שמקורם ברקמת הלימפוציטים:

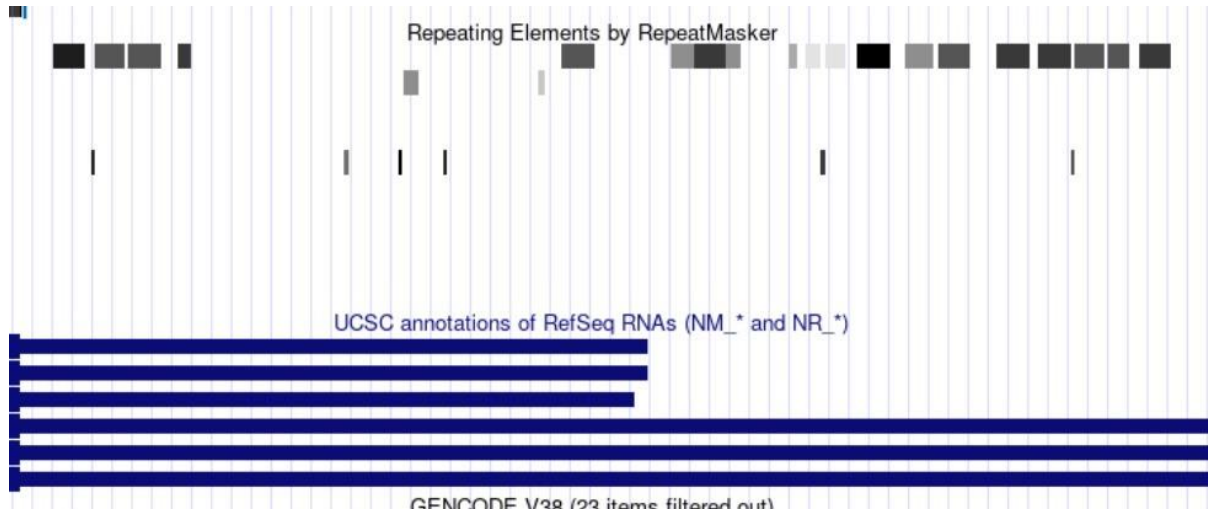


שאלה 4:

ראינו שני אלמנטים מסוג SINE באינטרון העשירי.

הראשון נמצא במיקום chr12:68836956-68837245, ושייך למשפחה Alu.

השני נמצא במיקום chr12:68837361-68837655, ושייך למשפחה Alu.

בונוס:

ניתן לראות שבאיזופורמים בהם 3'UTR ארוך יותר, יש רצפים חזרניים רבים מאוד. כשהסתכלנו על המשפחות של הרצפים הללו, ראינו שכולם היו ממשפחת Alu מלבד אחד (שהיה ממשפחת Mir).

שאלה 5:

מצאנו שני סניפים מסוג נוקלאוטיד נרדף:

Simple Nucleotide Polymorphisms (dbSNP 151) Found in				
66	rs1795480	rs1695146	rs769412	rs7956669
67	rs36001604	rs1690922	rs710633	rs796019
10572	rs1695142	rs3730635	rs7296057	rs65818
3730585	rs3730617	rs1695147	rs1695148	rs7291
s3730586	rs34464691	rs3730644	rs35517148	rs
rs3730587	rs2701102	rs3730645	rs71000445	

rs1795480 במיקום chr12:68828854-68828854. שכיחות האלל C היא 0.987 וי היא 0.012.

rs769412 במיקום chr12:68839435-68839435. שכיחות האלל A היא 0.921 וי היא 0.078.

שאלה 6:

בחרנו באתר חיתוך בצבע ירוק, משום שזה הצבע שמסמל את ציון הספציפיות הגבוה ביותר.

א. ציון הספציפיות הוא 78.

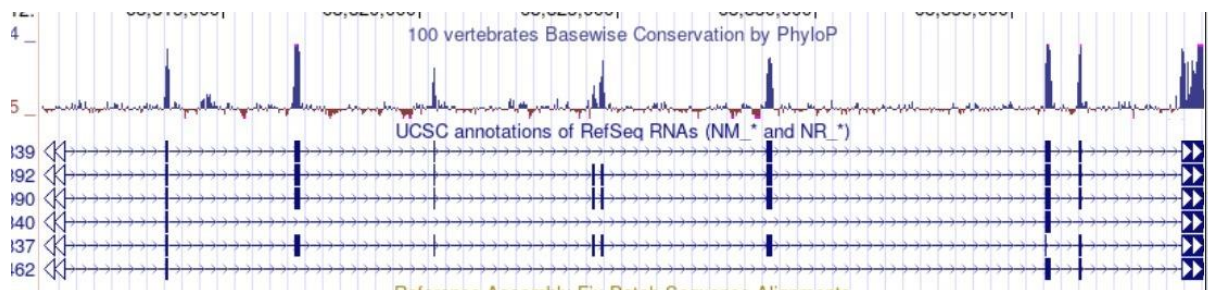
ב. chr12:68843742-68843764.

ג.

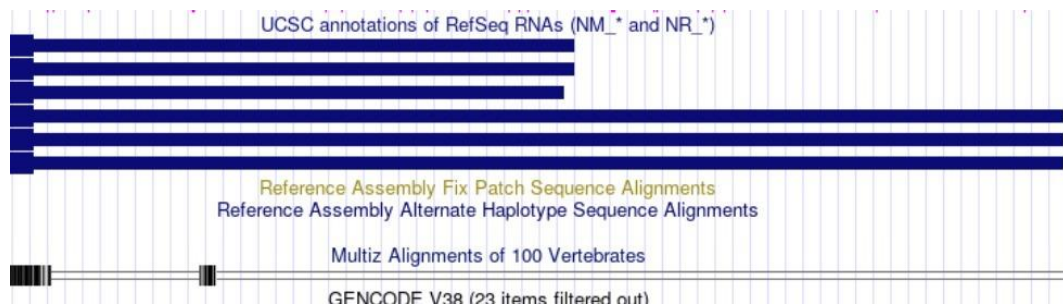
Number of potential off-targets	0 mismatches: 0 off-targets	1 mismatches: 0 off-targets	2 mismatches: 2 off-targets	3 mismatches: 7 off-targets	4 mismatches: 68 off-targets
Potential Off-targets	Mismatched nucleotides	CFD Score	Locus	Position	
A..T.....A..A TGG	0.466	intron THSD7A	chr7:11468316 (-)	
	TG...T...A..... TGG	0.457	intron PCDH15	chr10:54160083 (-)	
A.....A..A..T TGG	0.435	intergenic RP11-405P11.1-RP11-669M2.1	chr1:188363330 (-)	
	T...A..A.....C TGG	0.275	intron HORMAD1	chr1:150715079 (-)	
G..T.....AA.. AGG	0.266	intron CTC-207P7.1	chr5:164153455 (-)	
	.G....G...C.....T TGG	0.209	intron STARD8	chrX:68699794 (-)	
A...A..A..A.. AGG	0.208	intergenic RP11-360K13.1-MED28P5	chr11:96745990 (-)	
	.T...A.....T...A.. TGG	0.203	intergenic RP11-598C10.1-RP11-168O22.1	chr10:55559941 (-)	
	C...T..T.....T TGG	0.169	intergenic RP11-310I9.1-ANXA10	chr4:168073405 (-)	
	...G...TC.....A GGG	0.166	intron DCHS2	chr4:154389914 (-)	
	..A..G.....GA..... GGG	0.164	intergenic MYO5B-Y_RNA	chr18:49865960 (-)	
	Show all 77 off-targets...				

שאלה 7:

ניתן לראות שהאזורים השמורים נמצאים בעיקר באקסונים. (האזורים עם הפיקים הגבוהים בגרף השמירות).

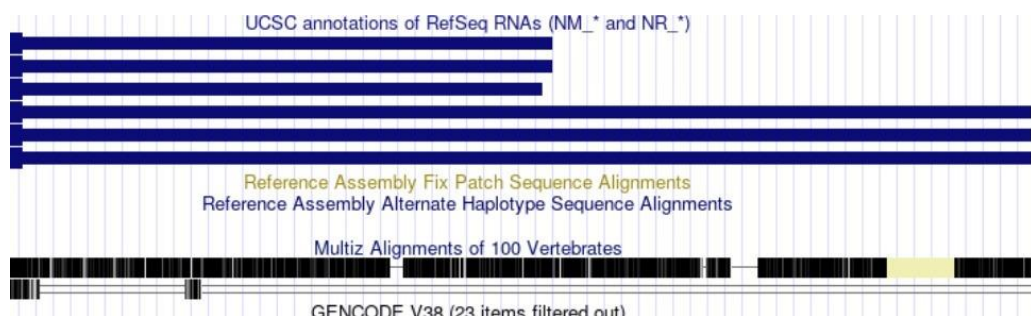


ניתן לראות כי בעכברים האזור הזה אינו שמור, ועל כן אולי עדיף שהחוקר ימצא חית מודל אחרת לניסוי זה.



בנוסף:

ניתן לראות כי בניגוד לעכבר, אצל Rhesus אזור זה מאוד שמור, ועל כן הוא אורגניזם בו החוקר יכול להשתמש.



- ```
000000062 aggcaaatgtgcaataccaacatgtctgtacctactgatgggtgctgtaac 000000111

<<<<<<< ||||| ||||||||||||||||||||| |||| | ||||| || <<<<<<<

117709786 aggc caatgtgcaataccaacatgtctgtgtctaccgagggtgctgcaag 117709737

000000112 cacctcacagattccagcttcggaacaagagaccctg 000000148

<<<<<<< ||||||||||||||||||||||||||||| ||| <<<<<<<

117709736 cacctcacagattccagcttcggaacaagagactctg 117709700
```