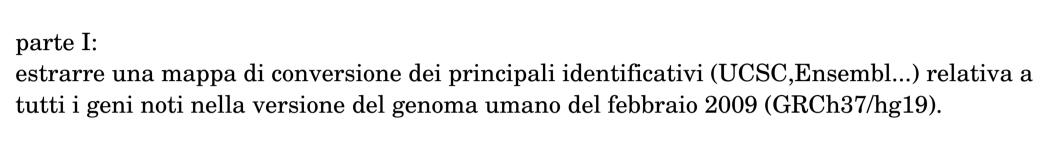
Esercitazione UCSC – Table Browser.

Obiettivi dell'esercitazione:

- (I) estrarre una mappa di conversione dei principali identificativi (UCSC,Ensembl,HGNC,RefSeq) relativa a tutti i geni noti nella versione del genoma umano del febbraio 2009 (GRCh37/hg19).
- (II) importare e visualizzare il risultato ottenuto dal Table Browser in un foglio di calcolo



- 1. apri una pagina del UCSC genome browser http://genome.ucsc.edu
- 2. dal menù principale --> Tools --> Table Browser
- 3. definisci i criteri di ricerca come segue:

clade:Mammal genome:Human assembly: Feb.2009(GRCh37/hg19)

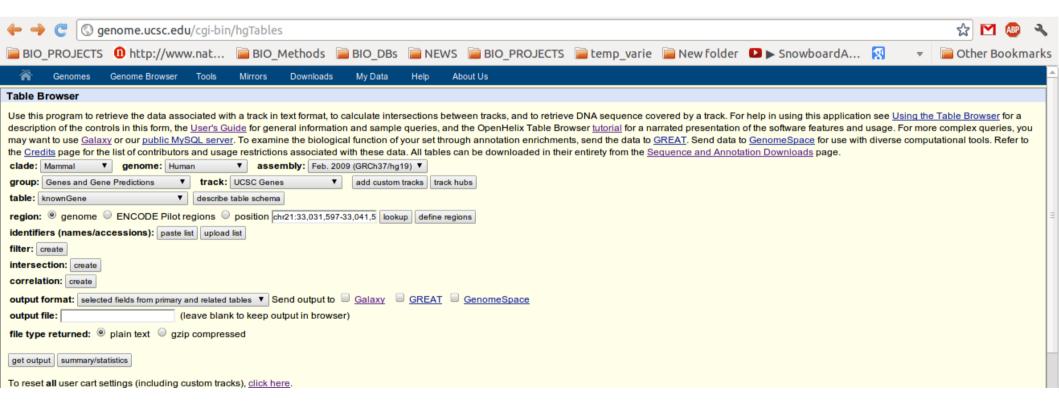
group:Genes and Gene Predictions track: UCSC Genes

table:knownGene

region:genome

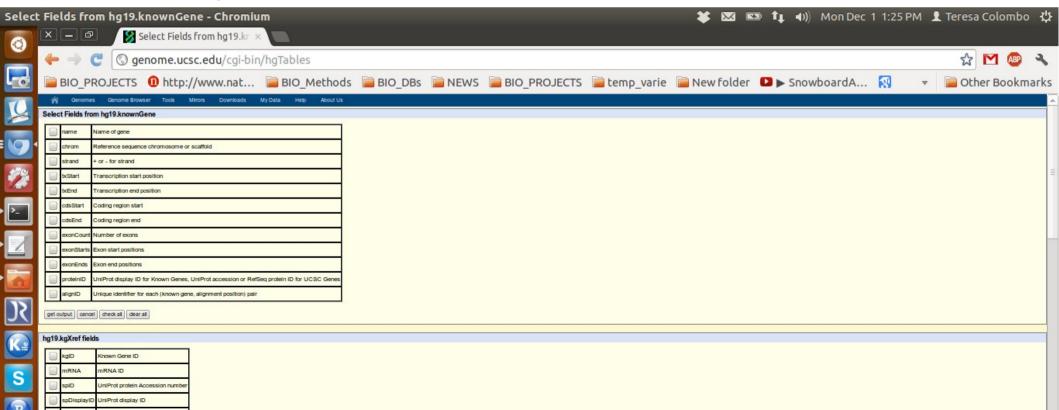
output format:selected fields from primary and related tables

output file:gene_ids_map__ucsc.hg19.txt

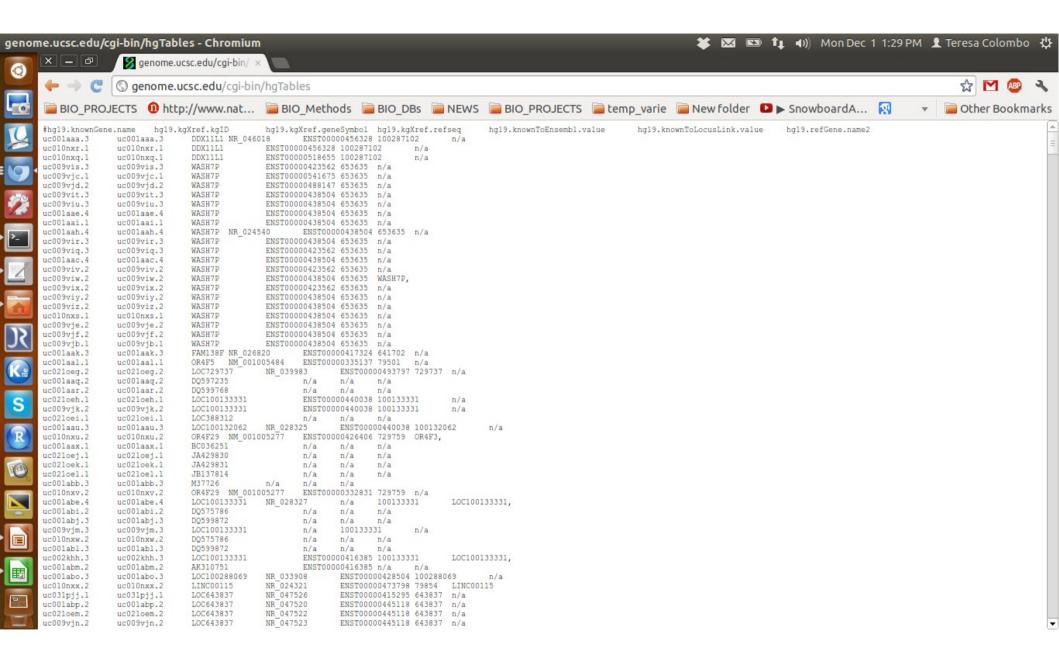


- 4. premi "get output" --> verrai indirizzato ad una nuova pagina con la possibilità di selezionare vari campi -sia dalla tabella "knownGene" che da altre tabelle correlate da riportare nel file di output;
- 4.a spunta le tabelle correlate elencate qui di seguito e poi premi il pulsante "allow selection from checked tables" che si trova in fondo alla pagina:
 - "hg19 knownToEnsembl", "hg19 ensGene", "hg19 kgXref", "hg19 knownToLocusLink"
 - 4.b seleziona i seguenti campi dalla tabella "knownGene" e dalle tabelle correlate: [dalla tabella "hg19.knownGene"] name; [dalla tabella "hg19.ensGene"] name2; [dalla tabella "hg19.kgXref"] geneSymbol e refseq; [dalla tabella "hg19.knownToEnsembl"] value;

[dalla tabella "hg19.knownToLocusLink"] value;



4.c premi il pulsante "get output".



Nota: l'output verrà scaricato in un file con il nome specificato al punto 3, oppure visualizzato a schermo (come nell'esempio mostrato) nel caso in cui nessun nome sia stato indicato.

parte II:
importare e visualizzare il risultato ottenuto dal Table Browser in un foglio di calcolo

Nota: Per questi passaggi il dettaglio dipenderà dal tipo di software (Office EXCEL, libreOffice, etc), versione e sistema operativo (Windows, Mac, linux) utilizzati. Ma i passaggi concettuali da fare sono:

- 1. apri un nuovo foglio di lavoro
- 2. dal menù seleziona la opzione: inserisci nuovo foglio da un file
- 3. caricare il file "gene_ids_map__ucsc.hg19.txt" (output scaricato dal UCSC genome browser) specificando dal menù di importazione il separatore di testo è il tab ("\t")
- 4. salva il foglio di calcolo appena creato con il nome "gene_ids_map__ucsc.hg19.xls"

