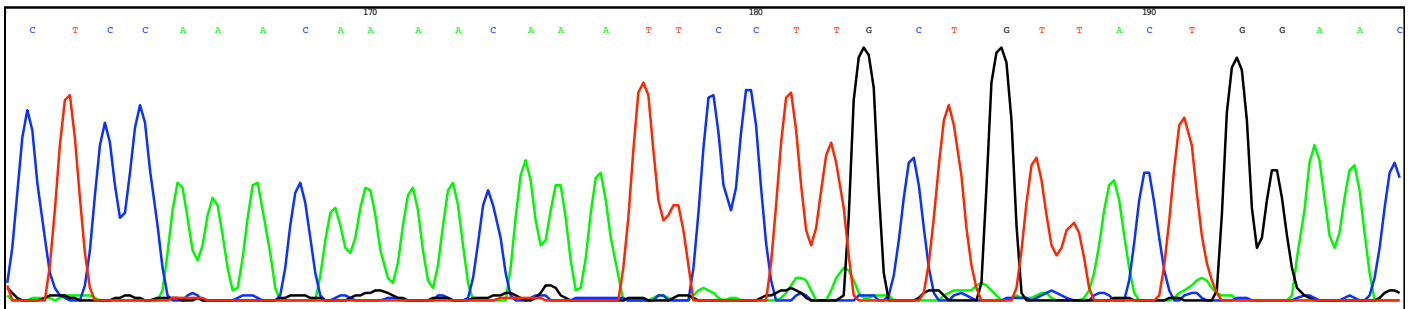
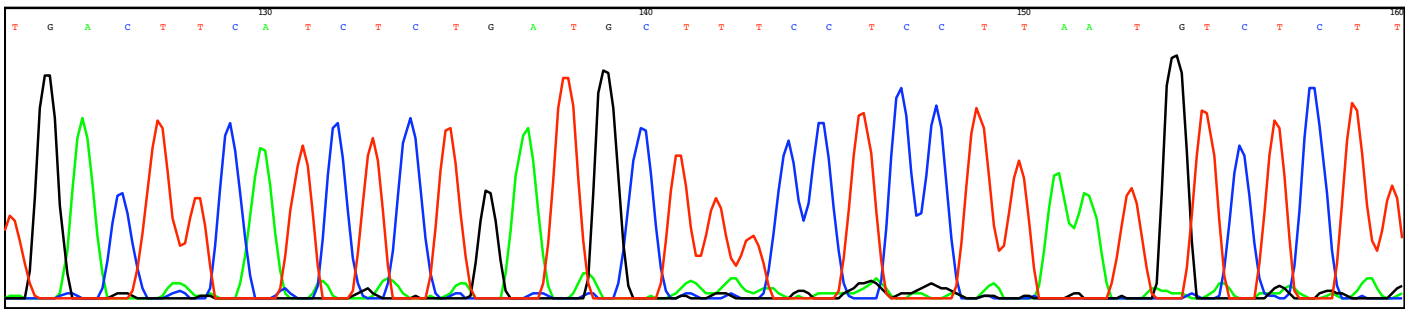
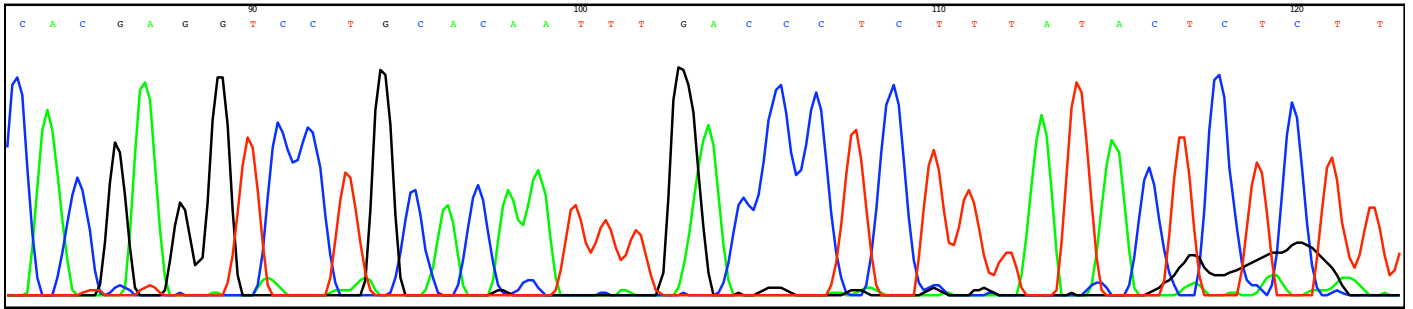
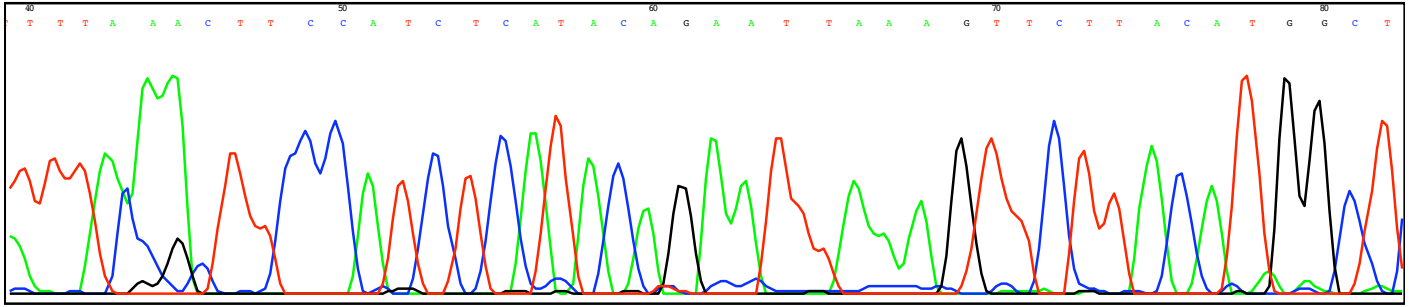
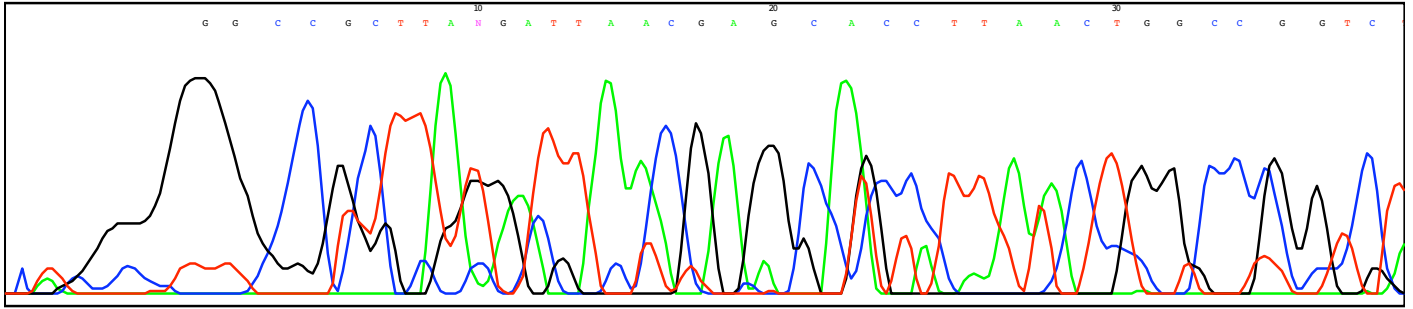
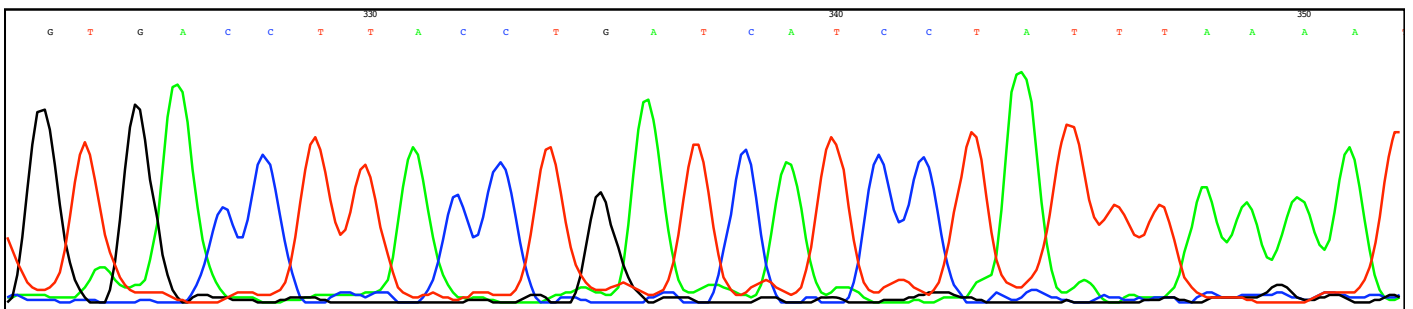
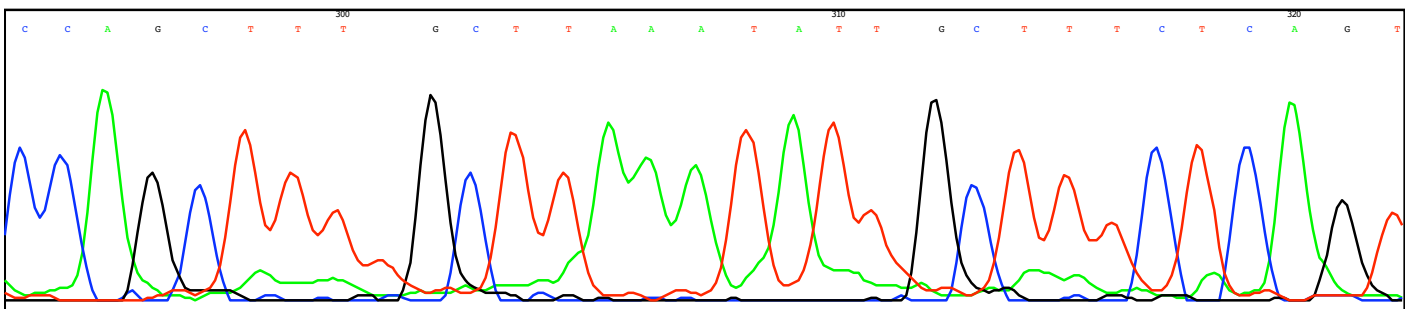
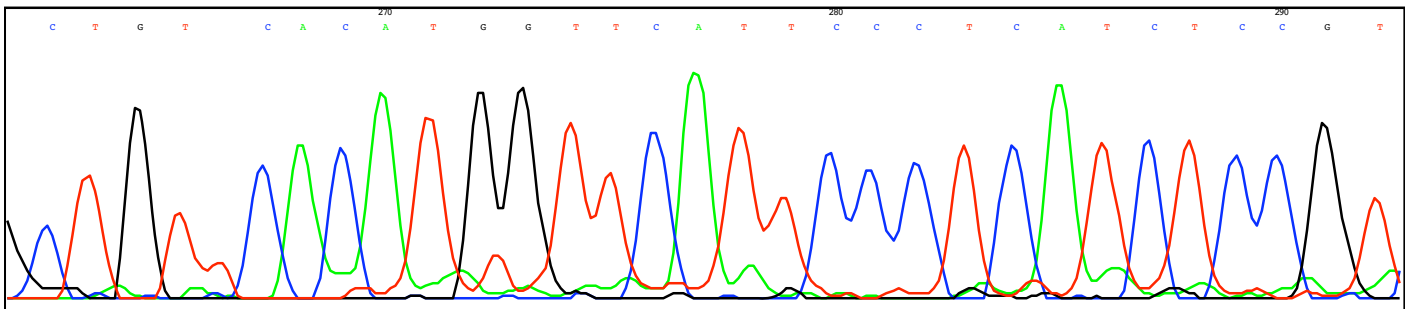
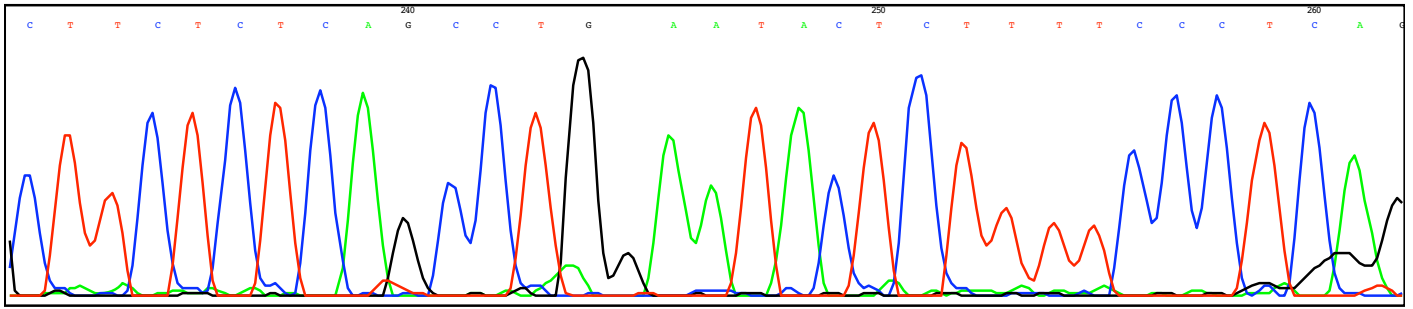
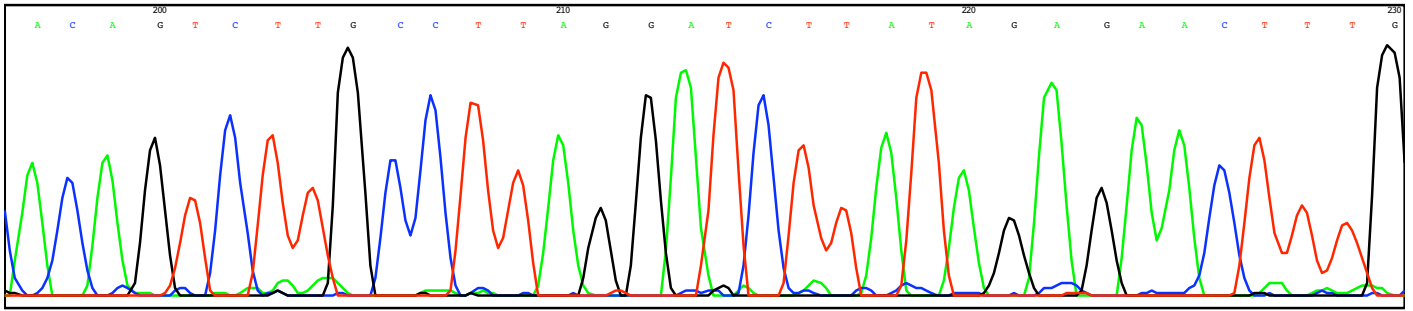


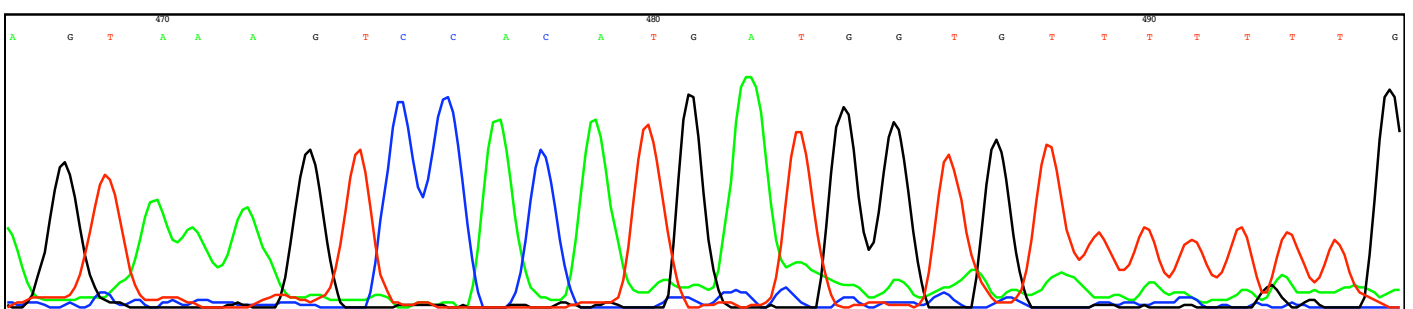
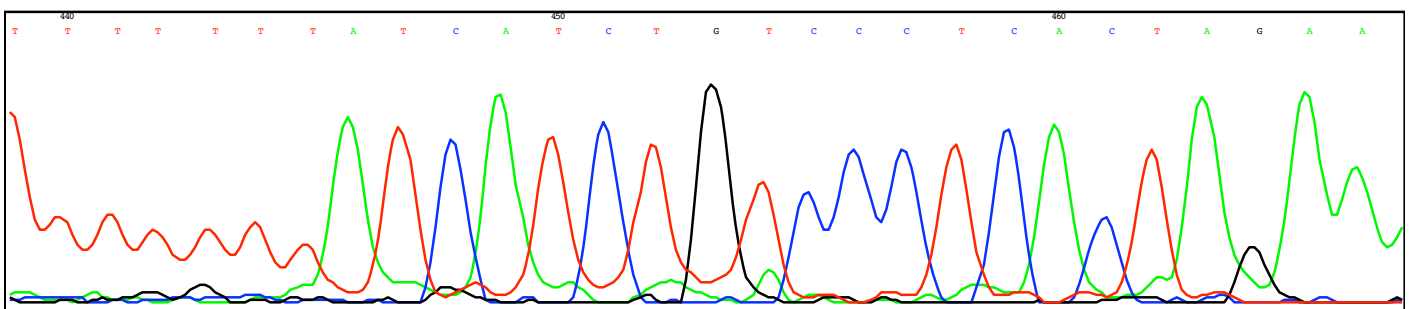
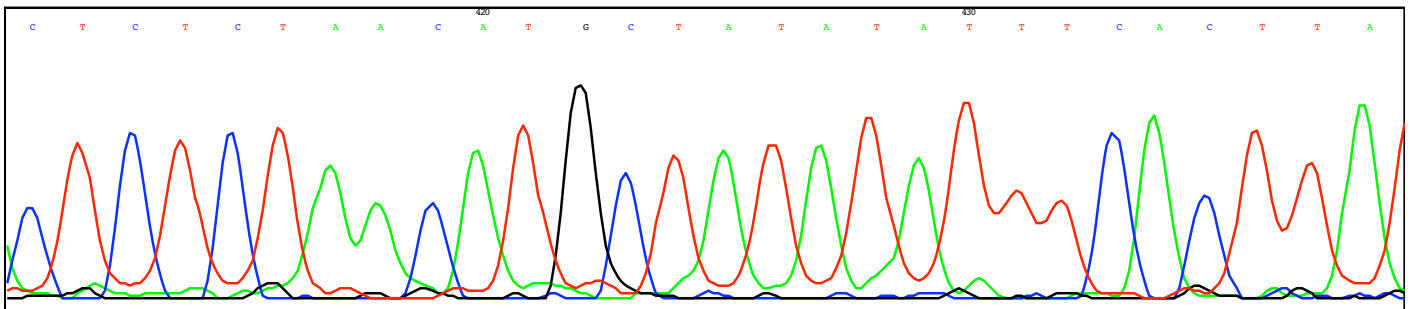
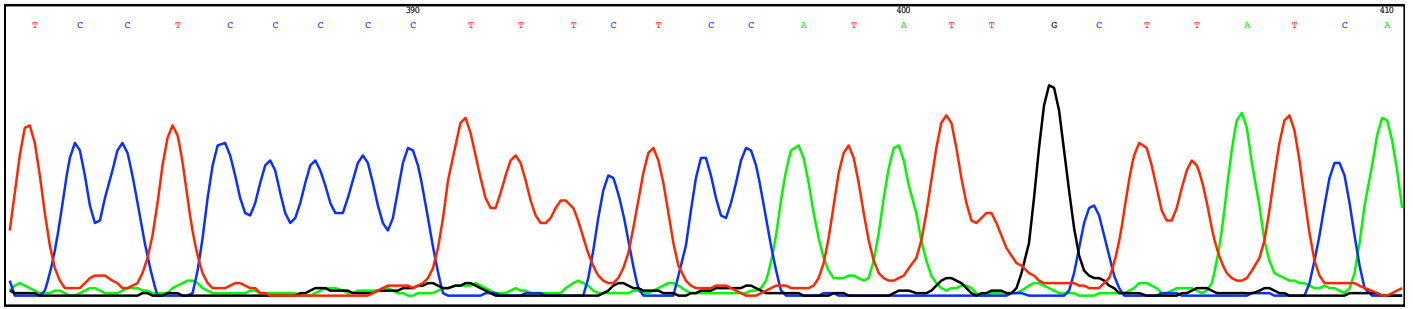
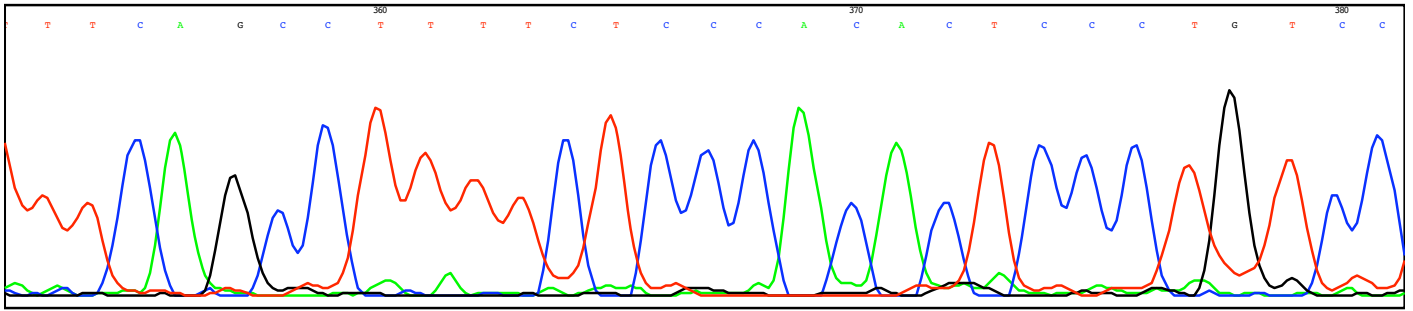
Øvelse: "Base calling"

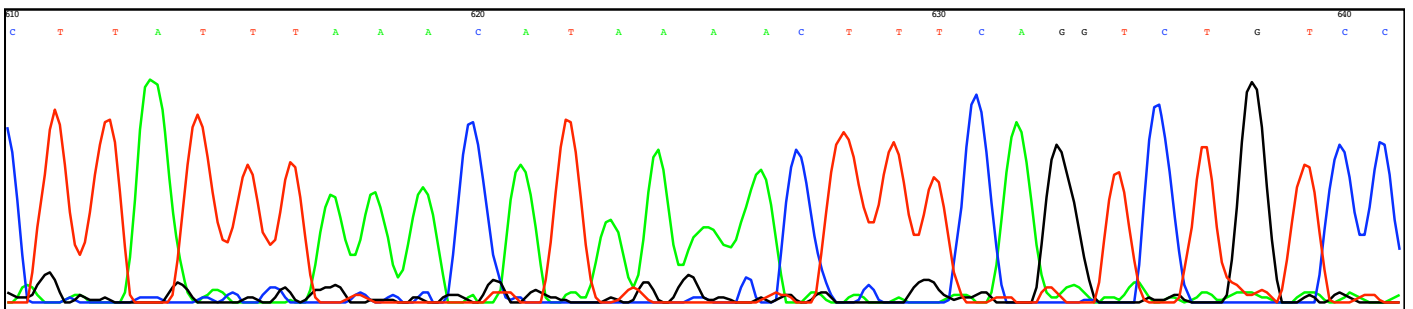
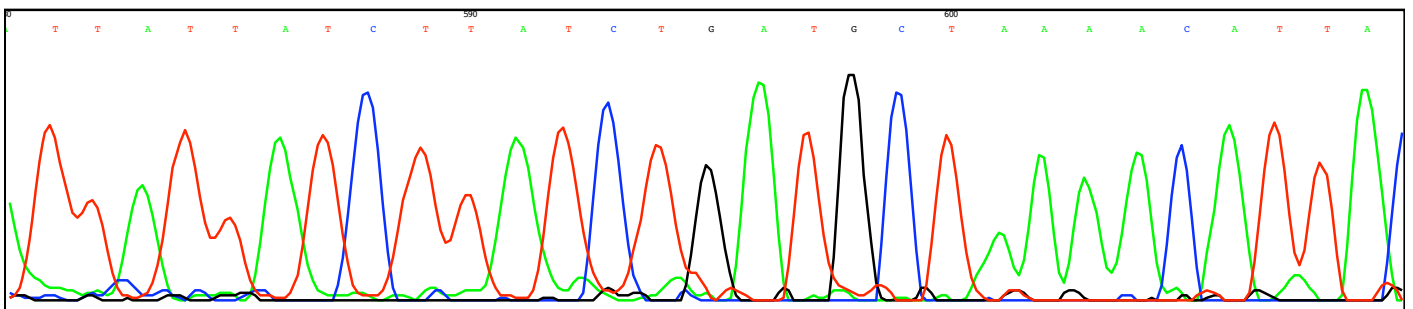
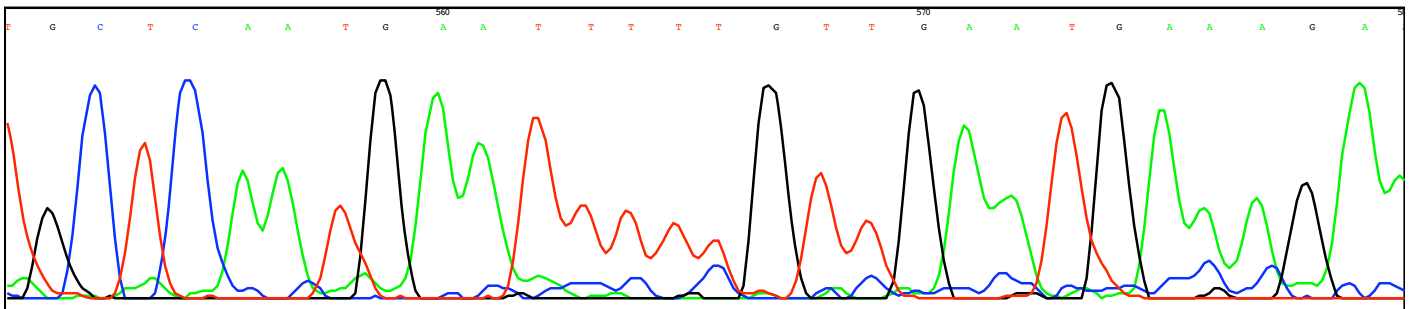
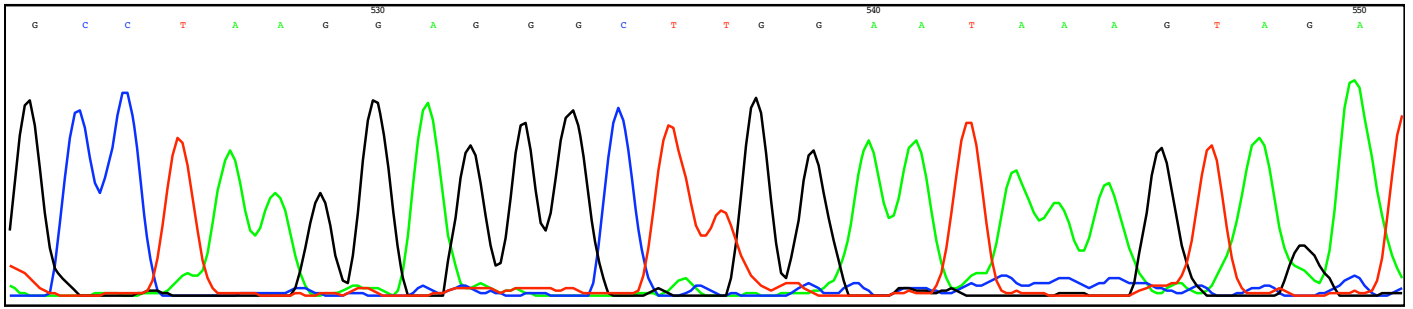
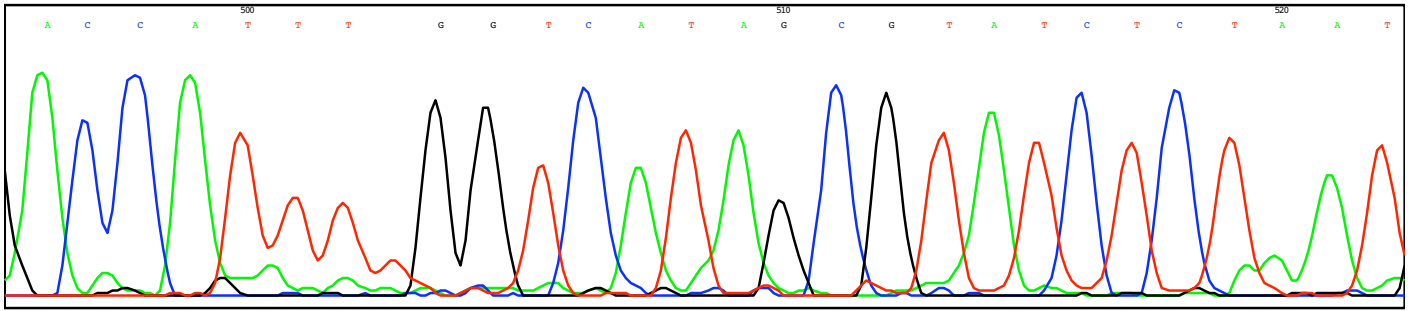
- Denne øvelse går ud på manuelt at bestemme hvor meget af den vedhæftede trace-file, som er af tilstrækkelig kvalitet til på at kunne oversætte til DNA sekvens.
- Som følge af selve teknikken (kapilær, laserbaseret aflæsning osv.) er der en tendens til at sekvensen i enderne er svært at aflæse korrekt.
- Læg mærke til følgende:
 - Hvordan ser graferne ud når der er flere ens baser i træk (fx. TTTT)?
 - Kig efter sådanne områder (TTTT osv.) langs hele sekvensen. Ser graferne forskellige ud, alt afhængigt af hvor i plottet det er?
 - Er toppe altid lige høje?
- Opgave:
 - Find det længst mulige interval som efter jeres bedste overbevisning er egnet at oversætte til DNA sekvens.
- Efter øvelsen vil jeres forslag blive samlet ind og analyseret.

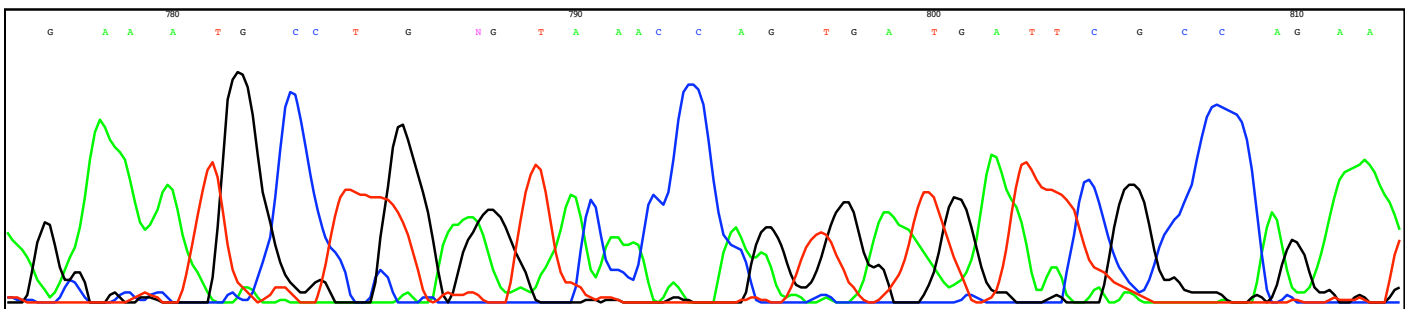
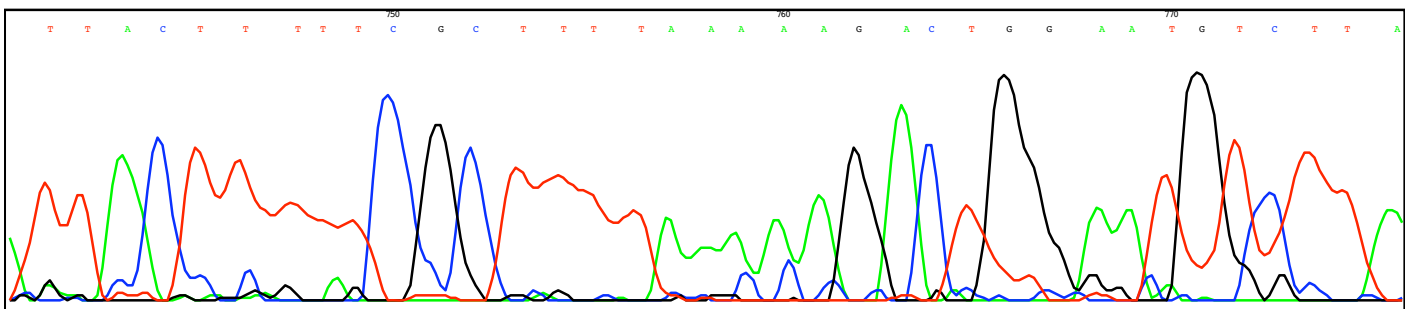
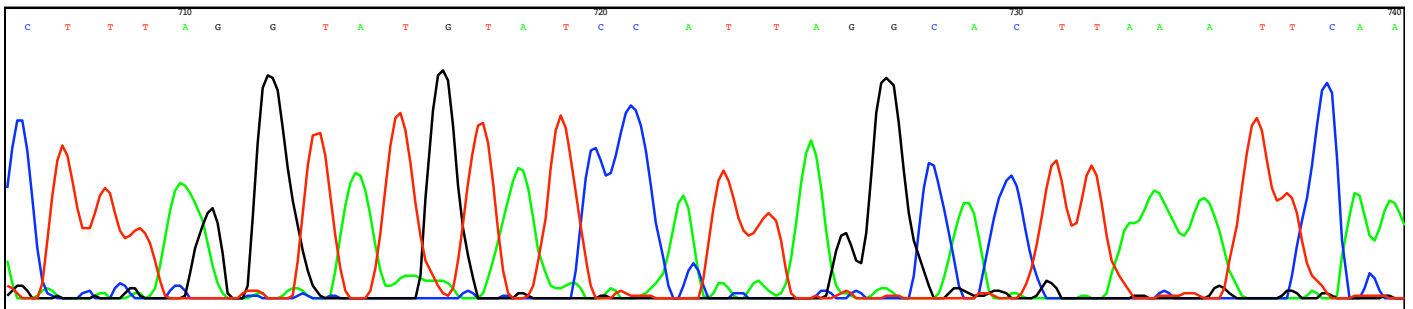
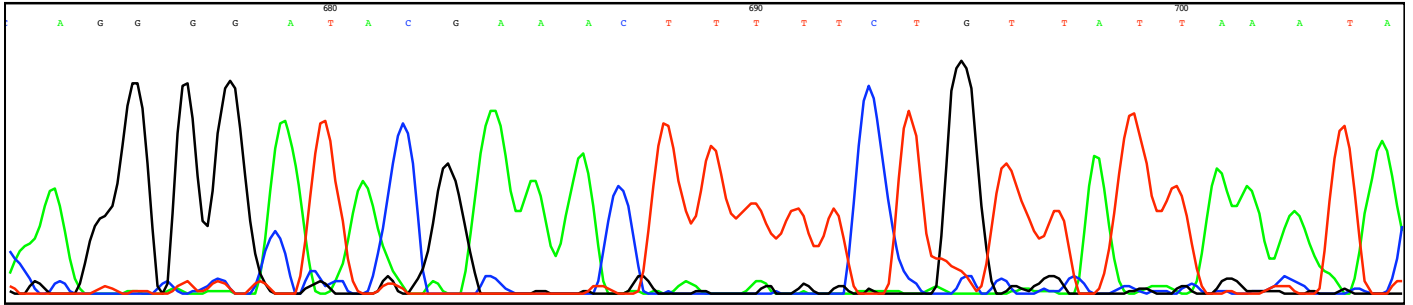
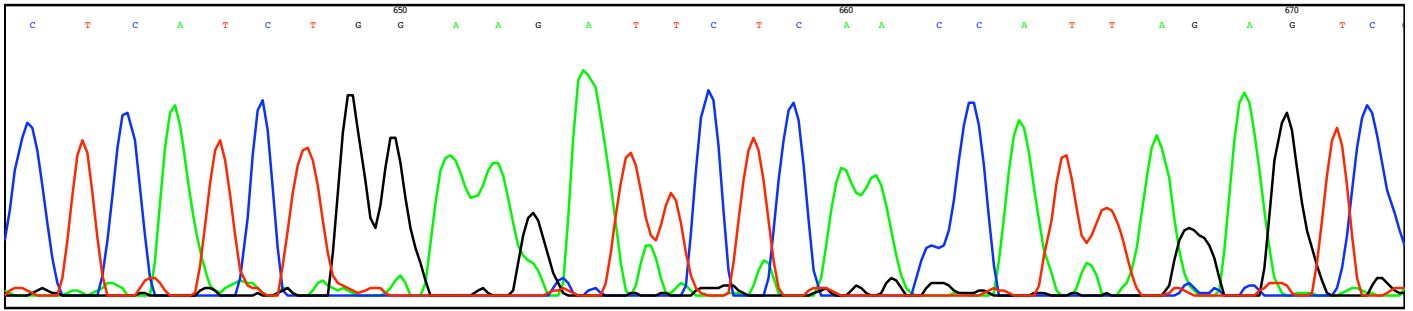
start	slut



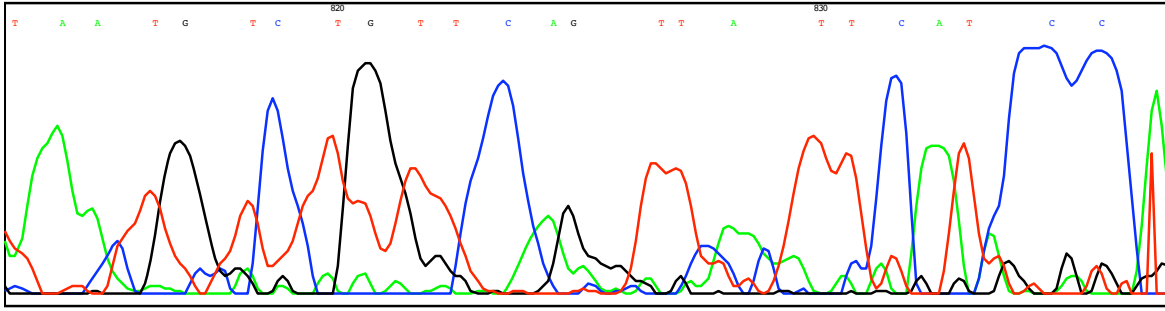






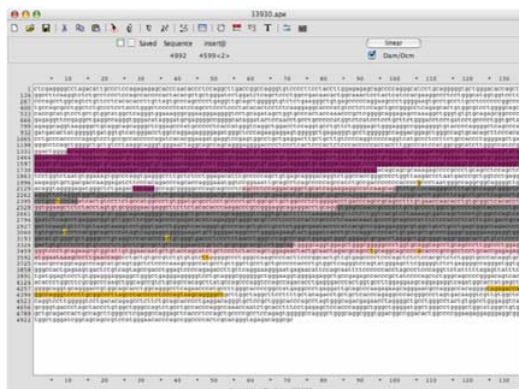


File: /Users/raz/Download/byc_97801.z1.abd.txt
Run ended: 9:05AM Thu, Jun 07, 2001
(page 6)



Detaljer om data og programmer

- **Data**
- Trace-filen stammer fra det Dansk-Kinesiske Grise-genom sekventerings projekt.
- Se <http://www.piggenome.org> for yderligere detaljer.
- **Software**
- Graferne er plottet med programmet "**ApE**".
- Udover at kunne arbejde med trace-files, er dette program glimrende til at arbejde med DNA data i fx. FASTA og GenBank format. Der er mulighed for generering af restriktions-maps, visualisering og meget mere.
- Findes til Linux, Windows og MacOS X.



<http://www.biology.utah.edu/jorgensen/wayned/ape/>