

Počítačové vyhledávání genů a funkčních oblastí na DNA

Hodnota genomových sekvencí záleží na kvalitě anotace

- Anotace – Charakterizace genomových vlastností s použitím výpočetních a experimentálních metod
- Hledání genů:
 - Predikce – Kde jsou geny lokalizovány?
 - Podobnost – Jak geny vypadají?
 - Domény – Jakou funkci mají proteiny?
 - Funkce – V jakých metabolických drahách?
 - Evidence – Experimentální důkaz genu

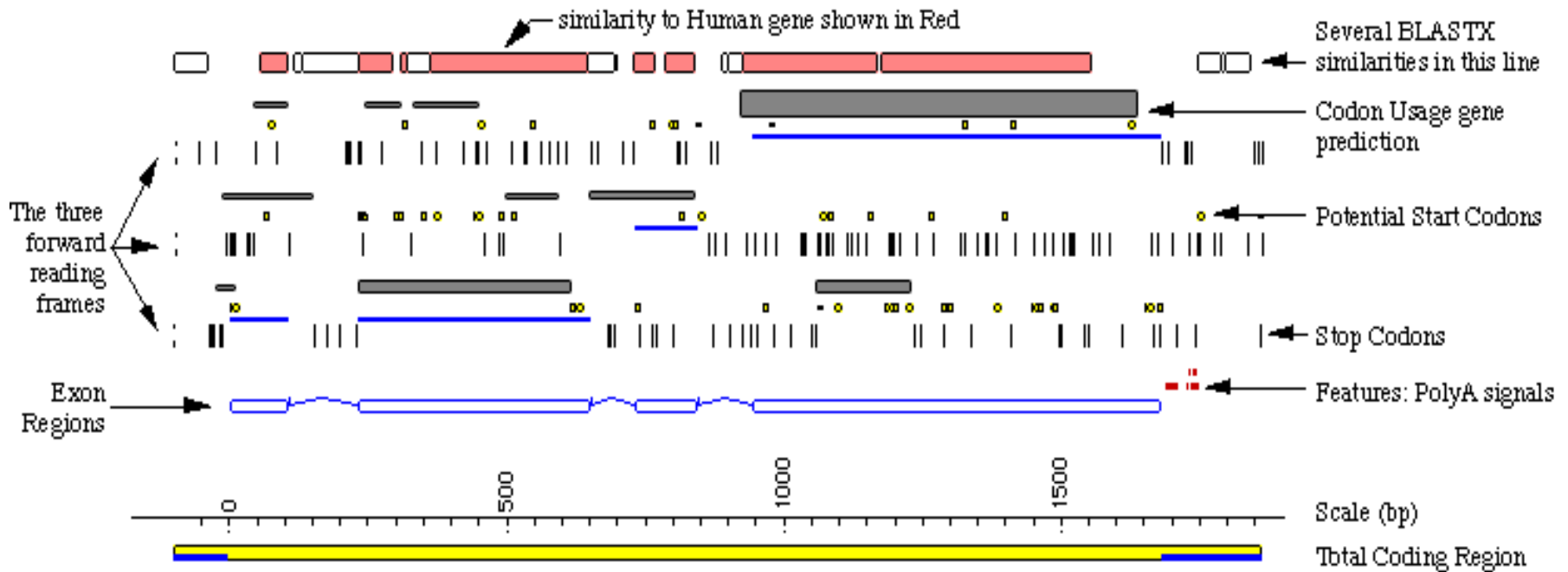
Hledání genů

- Geny tvoří **obsahovou složku** genomu
 - Jedinečné sekvence odpovědné za funkční produkt
 - Variabilní délka
 - Strukturní geny
 - jednoduché
 - složené z exonů a intronů
 - Geny pro funkční RNA
 - RNAi (interfering RNA)
 - rRNA (ribosomal RNA)
 - tRNA (transfer RNA)
 - snRNA (small nuclear)
 - snoRNA (small nucleolar)
- Jakým způsobem vyhledávat geny?

Přístupy pro hledání genů

1. Metody založené na hledání podobností s již popsányými geny
2. Metody srovnávací genomiky
 - Srovnání více dokončených genomů
 - Hledání konzervativních oblastí
3. Využití algoritmů a statistických metod pro analýzu sekvence
 - Hledání signálů
4. Integrované přístupy

Integrovaný přístup predikce genu



Prokaryotický versus eukaryotický gen vyžadují odlišné přístupy

- Prokaryota
 - malé genomy $0.5 - 10 \cdot 10^6$ bp
 - Vysoká hustota kódujících sekvencí (>90%)
 - Žádné introny (vyjímky Archea, fágy)
 - Hledání otevřených čtecích rámců
 - Doplněno např. hledáním signálů pro vazebná místa ribozómu
 - Operony: jeden transkript, mnoho genů
 - Úspěšnost cca 99 %
 - Problémy: překrývající se ORFs, krátké geny, místa TSS a promotory
- Eukaryota
 - Velké genomy $10^7 - 10^{10}$ bp
 - Nízká hustota kódujících sekvencí (<50%)
 - UTRs
 - Struktura intron/exon
 - Statistické modely frekvencí nukleotidů
 - Sledování závislostí přítomných ve struktuře kodonů
 - Obsah GC
 - Přesnost dosahuje cca 50 %
 - Problémy: mnoho!
 - postranskripční modifikace
 - alternativní sestřih

Příklady velikostí genomů

Druh	Velikost	Genů	Genů na Mb
<i>H. sapiens</i>	3 200 Mb	22 000	7
<i>D. melanogaster</i>	137 Mb	13 338	97
<i>C. elegans</i>	85,5 Mb	18 266	214
<i>A. thaliana</i>	115 Mb	25 800	224
<i>S. cerevisiae</i>	15 Mb	6 144	410
<i>E. coli</i>	4,6 Mb	4 300	934

1. Metody založené na hledání podobností s již popsányými geny

- Založené na konzervativním charakteru sekvencí s určitou funkcí
- Využívají nástroje pro lokální nebo globální přiložení sekvencí (BLAST, FASTA, LAGAN, AVID, atd.)
- Nemohou identifikovat geny, které nejsou v databázi (~50% genů)
- Omezení u sekvencí s nízkou podobností

Metody založené na hledání podobností

- Databáze
 - Proteiny
 - cDNA (evidence RNA)
 - EST, UniGene
- Nástroje pro párové přiložení sekvencí umožňující analýzu genů
 - Hledání genů na základě podobnosti sekvencí proteinů
 - **blastx**
 - **tblastn**
 - **fastX**
 - **genomové prohlížeče**

2. Srovnávací genomika – hledání na základě homologie

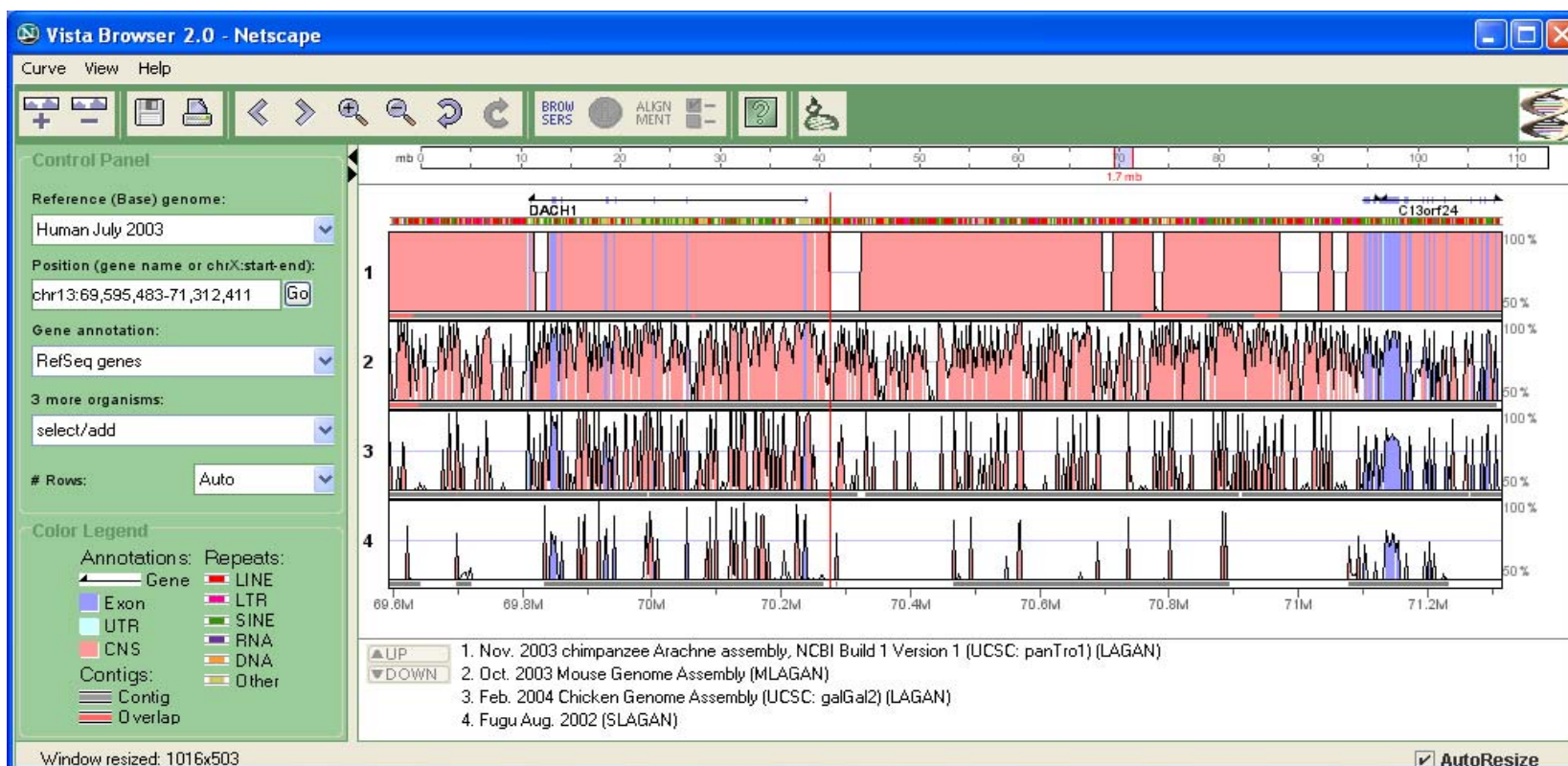
- Hledání založené na předpokladu, že kódující sekvence jsou více konzervativní než nekódující
- Dva přístupy:
 - intra-genomický (genové rodiny)
 - inter-genomický (mezi druhy)
- Mnohonásobné přiložení homologických oblastí
 - exony
 - regulační oblasti
- Obtížné stanovení limitů podobnosti a optimální evoluční vzdálenosti

Co je srovnáváno?

- **Lokalizace genů v genomu**
- **Struktura genů**
 - Počet exonů
 - Délky exonů
 - Délky intronů
 - Podobnost sekvencí
- **Vlastnosti genů**
 - Místa sestřihu
 - Využití kodonů
 - Konzervované sekvence

Proč používat přístupy srovnávací genomiky ?

- Konzervovanost sekvencí v průběhu značných evolučních vzdáleností značí specifickou funkci (geny, funkční-regulační oblasti)
- Ztráta konzervovanosti během krátkých evolučních vzdáleností značí adaptivní evoluci



- šimpanz
- myš
- kuře
- Fugu

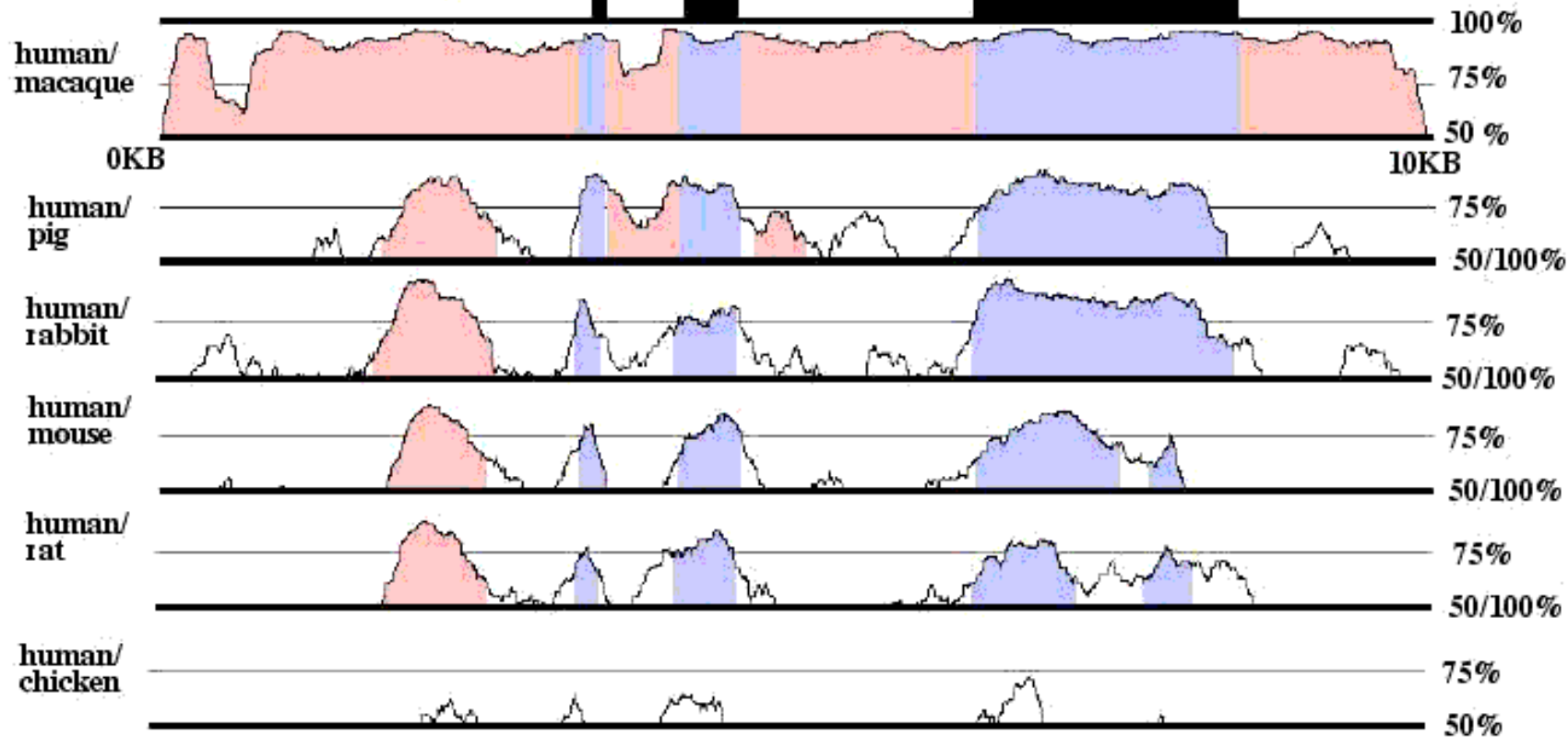
Konzervativní charakter regulačních oblastí a exonů

Multi-Species Comparative Analysis

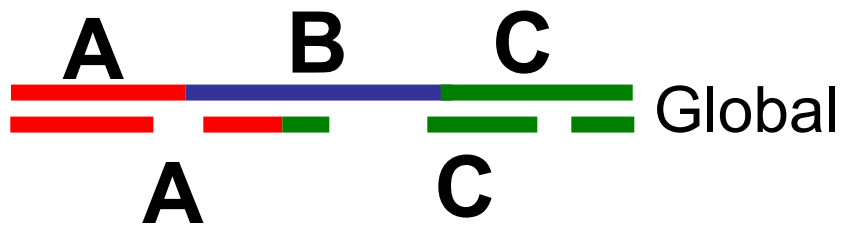
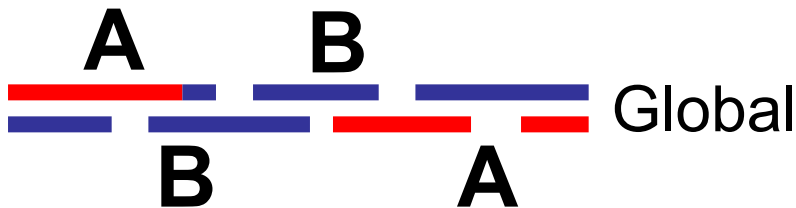
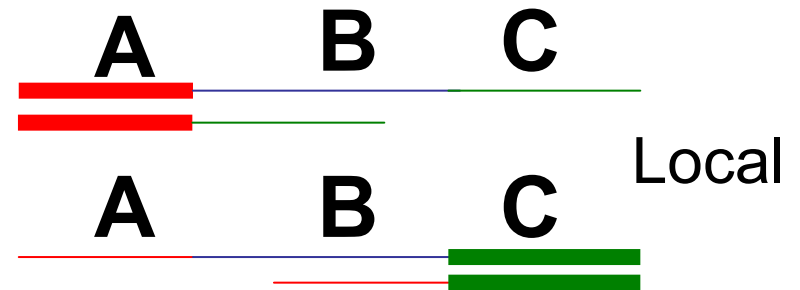
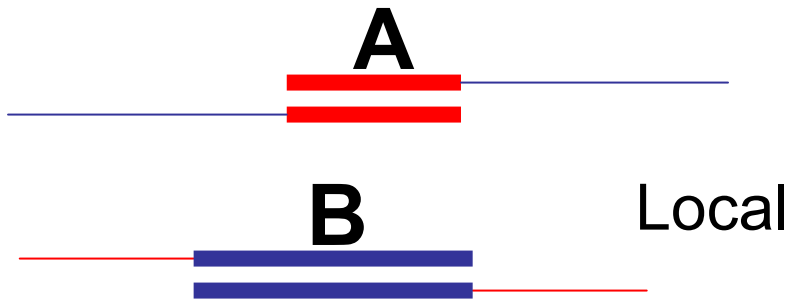
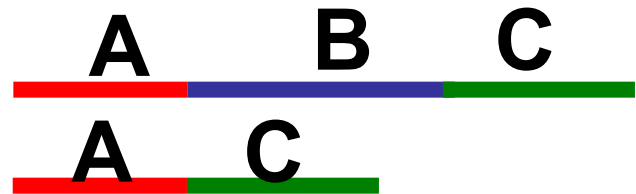
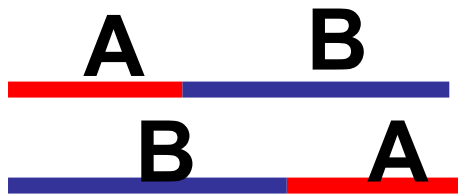
Liver
Enhancer



Apolipoprotein AI gene

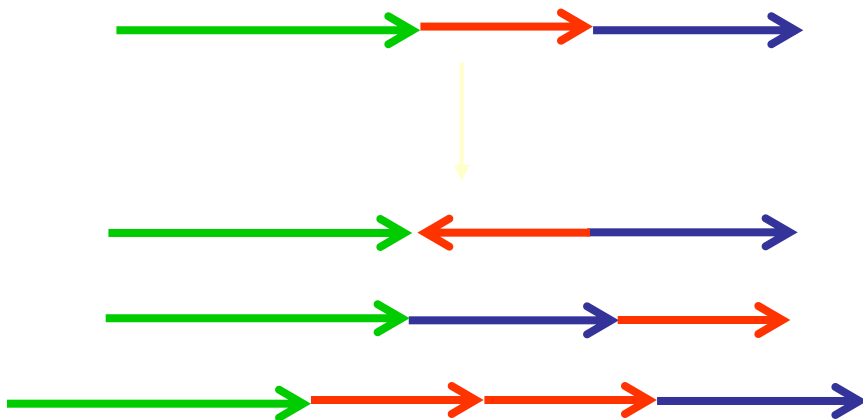


Lokální versus globalizované sekvenční příložení



Problém globálního přiložení

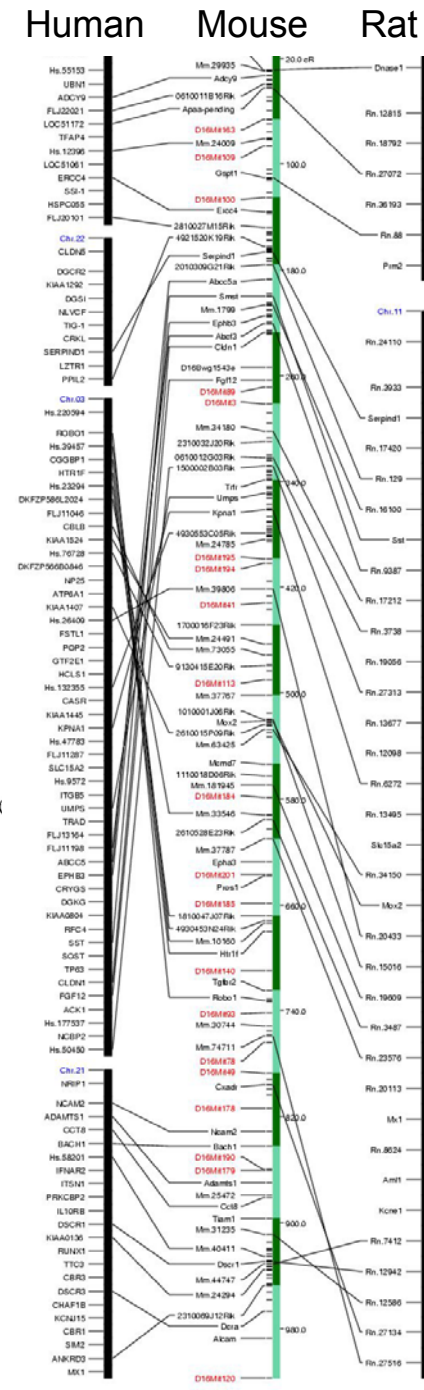
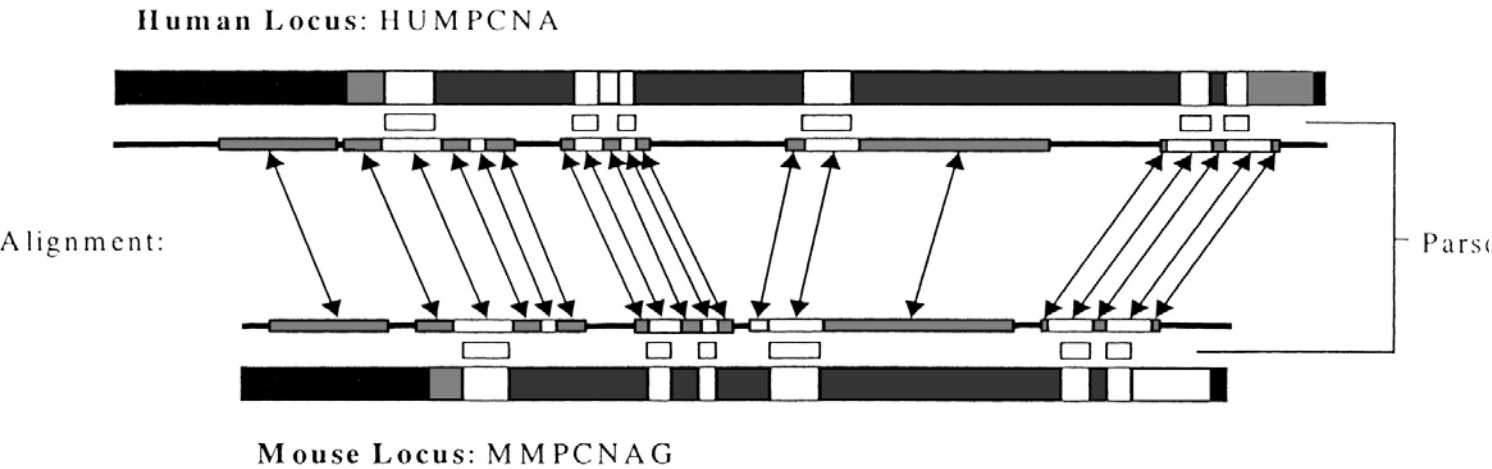
Nalezení nejefektivnější transformace jedné sekvence do druhé vyžaduje využití přístupů pro identifikaci přestaveb



- Bodové změny, delece
- Inverze
- Translokace
- Duplikace
- Kombinace uvedených změn

Příklad srovnání lokusů a chromozómů

Charakterizace rozdílů umožňuje odhalit mechanismy změn



Základní zdroje a přístupy

- Databáze
 - NCBI: Genomy, Geny, Proteiny, SNPs, ESTs, Taxonomie, atd.
 - databáze genomových center
- Analytický software
 - Databázové dotazy (nalezení podobných sekvencí), algoritmy pro přiložení, shluková analýza, vyhledávání repetice, predikce genů
- Algoritmy pro dlouhá globální přiložení
 - lokální přiložení s rozšířeným vkládáním mezer – citlivé, ale málo specifické pro dlouhé sekvence
 - BLASTZ
 - BLAT
 - globální přiložení
 - AVID
 - LAGAN
 - S-LAGAN
 - MAVID, MLAGAN

AVID

- Umožňuje srovnání pouze homologních sekvencí bez duplikací, inverzí nebo translokací
- Pokud je aplikován na celé genomy, vyžaduje předem přípravu a identifikaci vzájemně si odpovídajících regionů

LAGAN

(Limited Area Global Alignment)

- Umožňuje srovnat mnohem delší sekvence než AVID v důsledku jiného algoritmu pro identifikaci vzájemně odpovídajících si úseků
- Používá se společně s následným lokálním přiložením dlouhých sekvencí (BLAT)
 - rat – mouse
 - rat - human

Multi-LAGAN (MLAGAN)

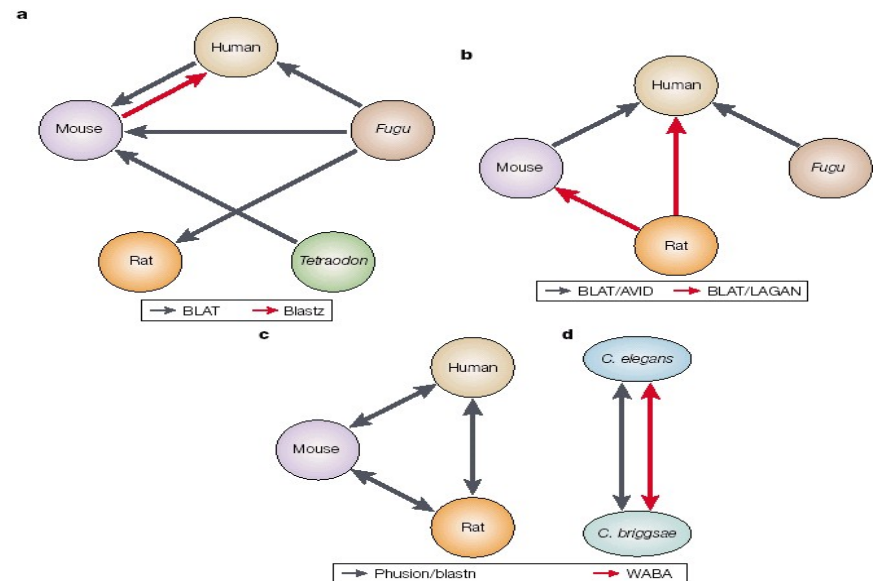
- V porovnání s LAGAN provádí navíc mnohonásobná globální přiložení
- Nejprve provede přiřazení více příbuzných genomů a následně přiřazuje genomy více fylogeneticky vzdálené
- Umožňuje konstrukci fylogenetických stromů na základě globálního přiložení genomů

Shuffle-LAGAN (S-LAGAN)

- Slouží pro globální přiložení kompletních sekvencí genomů
- Detekuje genomová přeskupení a inverze
- Poskytuje přiřazení všech kombinací vložených sekvencí

Precomputed alignments

- U významných skupin organismů jsou k dispozici rozsáhlá mezidruhová srovnání
 - UC Santa Cruz/PennState (translated BLAT or BLASTZ)
 - Berkeley Genome Pipeline (BLAT/AVID)
 - Ensembl (Phusion/Blastn)
 - Vista Genome Server (LAGAN/SLAGAN/AVID)
 - NMPDR (National Microbial Pathogen Data Resource)



Genome Browsers

Address: <http://www.wormbase.org/db/seq/gbrowse>

H. Sapiens (via NCBI-annotation April 2002)

Instructions [Hide] Search using a sequence name, gene name, locus, or other landmark. The wildcard character * is allowed. Examples: Chr20, Chr9 80,000..180,000, NM_032757.1, AL117347.10, D15271.1, BRC2, cyclm, [Help]

To center on a location, click the ruler. Use the Scroll/zoom buttons to change magnification and position. To save this view, bookmark this link.

Landmark or Region

Data Source [H. Sapiens (via NCBI-annotation April 2002)] [Annotate Restriction Sites] [About] [Configure...] [Go]

Tracks [Hide]

- [] UniSTS Markers
- [] reSNPs
- [] Clones
- [] LocusLink genes
- [] Assembly components
- [] plugin Restriction Sites
- [] RefSeq Transcripts
- [] NT contigs

Image Width
 450 640 800 1024 Between Beneath

Upload your own annotations. [Help]

Add remote annotations. [Help]

Generic Genome Browser (CSHL)

www.wormbase.org/db/seq/gbrowse

Address: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/mapview/static/MVstart.html>

NCBI **NCBI Map Viewer**

Search: Selected Organism [] for [] [Go]

Click the [] to BLAST a genome. Click the organism to view the genome.

- Other Vertebrates**
 - Danio rerio* (zebrafish)
- Invertebrates**
 - Anopheles gambiae* (mosquito)
 - Caenorhabditis elegans* (nematode)
 - Drosophila melanogaster* (fruit fly)
 - Saccharomyces cerevisiae* (baker's yeast)
 - Schizosaccharomyces pombe* (Bioss yeast)
- Fungi**
- Protocera**
 - Plasmodium falciparum*
- Mammals**
 - Homo sapiens* (human)
 - Mus musculus* (mouse)
 - Rattus norvegicus* (rat)
- Plants**
 - Arabidopsis thaliana* (thale cress)
 - Azorella spira* (rat)
 - Hordeum vulgare* (barley)
 - Oryza sativa* (rice)
 - Triticum aestivum* (wheat)
 - Zea mays* (corn)
 - Glycine max* (soybean)

See more about **Bacteria**, **Organelles**, **Viruses**

NCBI Map Viewer

www.ncbi.nlm.nih.gov/mapview/

Address: <http://www.ensembl.org/>

Ensembl Genome Browser

About Ensembl

Ensembl is a joint project between EMBL, EBI and the Sanger Institute to develop a software system which produces and maintains automatic annotation on eukaryotic genomes. Ensembl is primarily funded by the Wellcome Trust. Access to all the data produced by the project, and to the software used to analyse and present it, is provided free and without constraints.

Ensembl presents up-to-date sequence data and the best possible automatic annotation for eukaryotic genomes. Available now are **human**, **mouse**, **zebrafish**, and **mosquito**. Others will be added soon.

For an introduction to the Ensembl project, take the **Ensembl tour**, and then go through a **step-by-step worked example** which introduces Ensembl's main functions. For more information read this **short paper** in Nucleic Acids Research.

For all enquiries, please contact the Ensembl **HelpDesk** (helpdesk@ensembl.org).

Ensembl Species

Species	Version	Date
Human	v. 9.30a.1	2 Dec 2002
Mouse	v. 9.3a.1	2 Dec 2002
Rat	v. 9.1.1	25 Nov 2002
Zebrafish	v. 9.08.1	18 Nov 2002
Fugu	v. 9.1.1	18 Nov 2002
Mosquito	v. 9.1a.1	2 Dec 2002

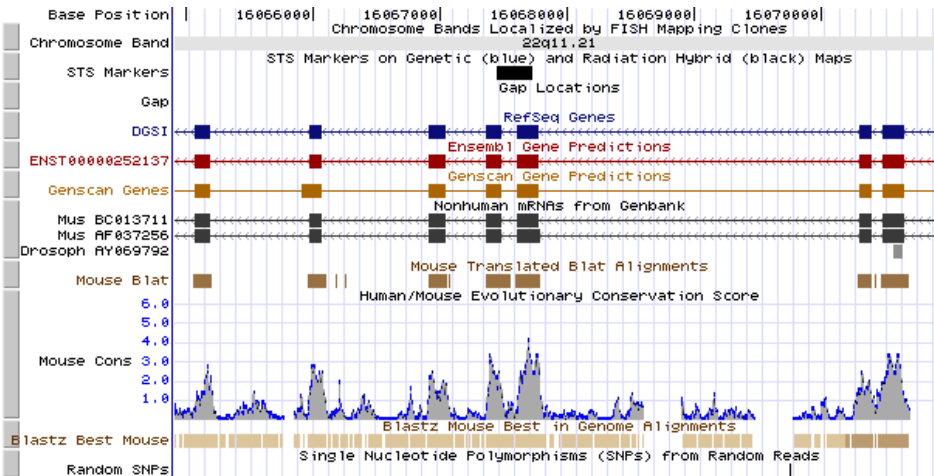
Access to whole genome shotgun data (includes additional species)

Help and documentation

- Species-specific documentation is available via the species home pages above.
- Take the **Ensembl tour**, go through a **step-by-step worked example**, or read this **short paper** in Nucleic Acids Research.
- For context-sensitive help on any web page click:
- There is also an **index** of context-sensitive help pages, and a set of guided **How do I...?** trails.

Ensembl Genome Browser

www.ensembl.org/



UCSC Genome Browser

genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway?org=human

Address: <http://www.bdgp.org/annot/apollo/>

Apollo Genome Annotation and Curation Tool



Apollo Genome Browser

www.bdgp.org/annot/apollo/

Vista Tools

<http://genome.lbl.gov/vista/index.shtml>



Tools for Comparative Genomics



About Us



Cite Us



Contact Us

[VISTA Home](#)

[Custom Alignment](#)

[Browser](#)

[Enhancer DB](#)

[Downloads](#)

[Publications](#)

[Help](#)

This web site will be down for maintenance on Tuesday Nov. 11, 2014. Sorry for the inconvenience.

VISTA is a comprehensive suite of programs and databases for comparative analysis of genomic sequences. There are two ways of using VISTA - you can submit your own sequences and alignments for analysis (VISTA servers) or examine pre-computed whole-genome alignments of different species.

Submit Your Sequences

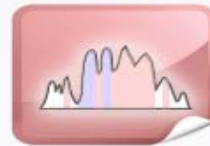
mVISTA



- » [mVISTA](#)
Align and compare your sequences from multiple species
- » [rVISTA](#)
Locate regulatory sequences in your data using comparative sequence analysis and transcription factor binding site search.
- » [gVISTA](#)
Compare your sequences against whole-genome assemblies.
- » [wgVISTA](#)
Align pair of sequences up to 10Mb long (finished or draft) including microbial whole-genome assemblies.

Precomputed Alignments

VISTA Browser



- » [VISTA-Point](#)
Access complete data and visual presentation of pairwise and multiple alignments of whole genome assemblies.
- » [VISTA Browser](#)
Examine pre-computed pairwise and multiple alignments of whole genome assemblies.
- » [Whole Genome rVISTA](#)
Identify transcription factor binding sites that are conserved between species and over-represented in upstream regions of groups of genes.
- » [Microbial Genomes](#)
Access pre-computed full scaffold alignments for microbial genomes through the VISTA component of [IMG](#).

New tool from VISTA family!



VISTA Region Viewer (RViewer) is an interactive on-line tool for comparing and prioritizing genomic intervals.

Updates

April 2014

Updated the [Sorghum](#), [Monkey flower](#), [Moss](#), [Maize](#), [Medicago](#), [Switchgrass](#), and [Soybean](#) assemblies, and added 5 new plants: [C. grandiflora](#), [Drummond's rockcress](#), [Turnip mustard](#), [A. halleri](#), and [Hall's partridgegrass](#).

180 New whole-genome plant alignments are added to [VISTA Browser](#).

August 2013

Updated the [C. elegans](#) and [C. briggsae](#) assemblies, and added 5 new worms: [C. brenneri](#), [C. remanei](#), [C. japonica](#), [C. sp. 11](#), and [C. angaria](#).

» [Vista News Archive](#)

» [Enhancer DB](#)



Experimentally validated human noncoding fragments with gene enhancer activity as assessed in transgenic mice.
<http://enhancer.lbl.gov/>

» [JGI Genome Portal](#)



Find VISTA alignments for a number of genomes sequenced in the Department of Energy Joint Genome Institute <http://genome.jgi-psf.org/>

» [Other Projects](#)



[Phylo-VISTA](#)
[TreeQ-Vista](#)
[PGA](#)

Odhalení genů s použitím ESTs

- Expressed Sequence Tags (ESTs) reprezentují sekvence exprimovaných genů (cDNA).
- Jestliže se oblast shoduje s EST s vysokou stringencí, pravděpodobně se jedná o gen
 - EST podává přesnou predikci hranic exonů.

3. Predikce kódující oblasti na základě hledání signálů

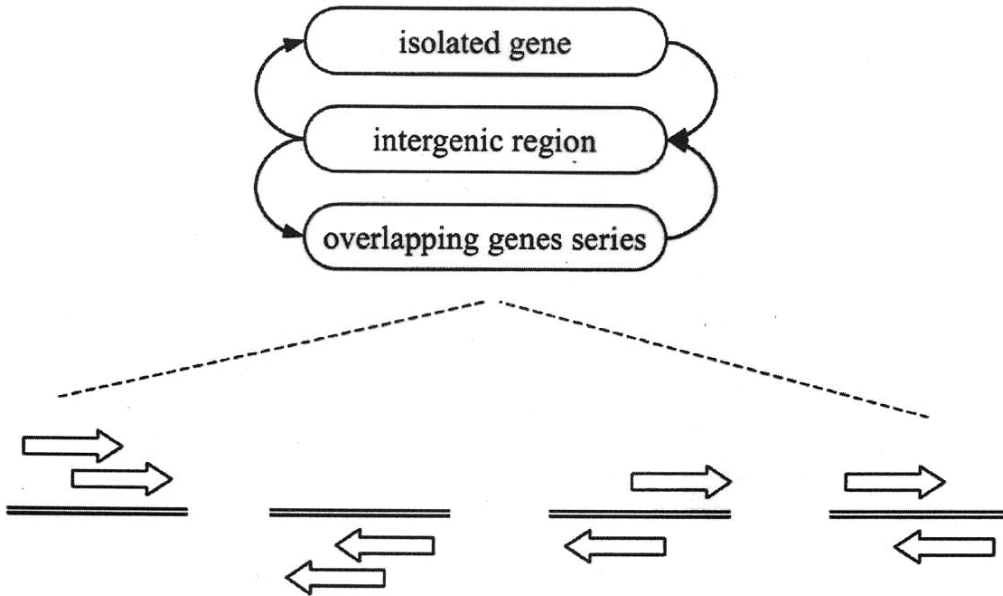
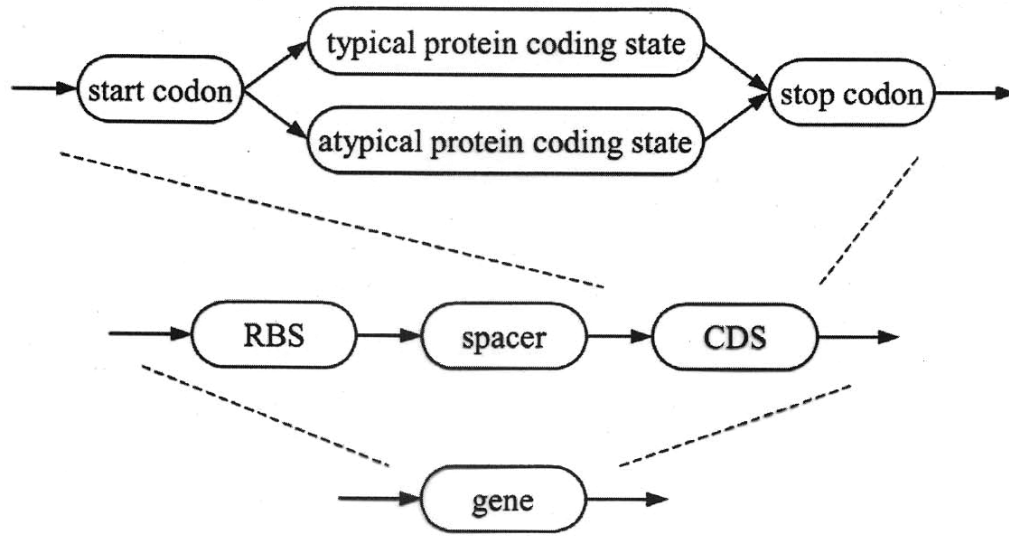
- Prokaryota
 - Hledání otevřených čtecích rámců doplněné hledáním konzervativních signálů v transkripčních jednotkách
 - **ORF Finder (Open Reading Frame Finder)**
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gorf/gorf.html>
- Eukaryota
 - Predikce promotorů
 - Predikce polyA-signálů
 - Predikce míst sestřihu a start/stop kodonů

Výpočetní přístupy

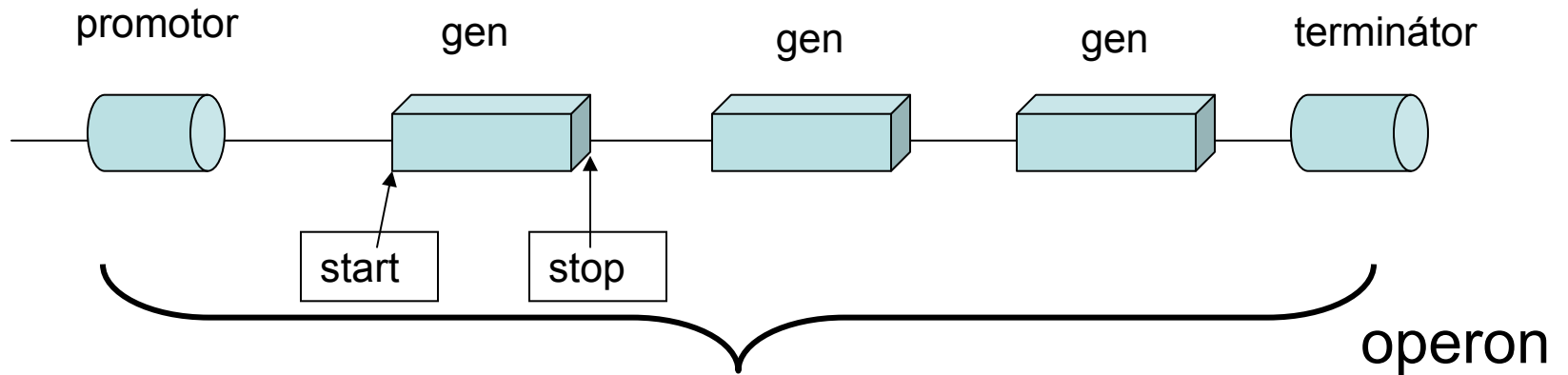
*Klíčové jsou **signály** pro odhalení genů*

- iniciační a terminační kodony
- promotory
- vazebná místa pro ribozómy (RBS)
- místa sestřihu
- terminátory transkripce
- polyadenylační místa
- vazebná místa pro transkripční faktory

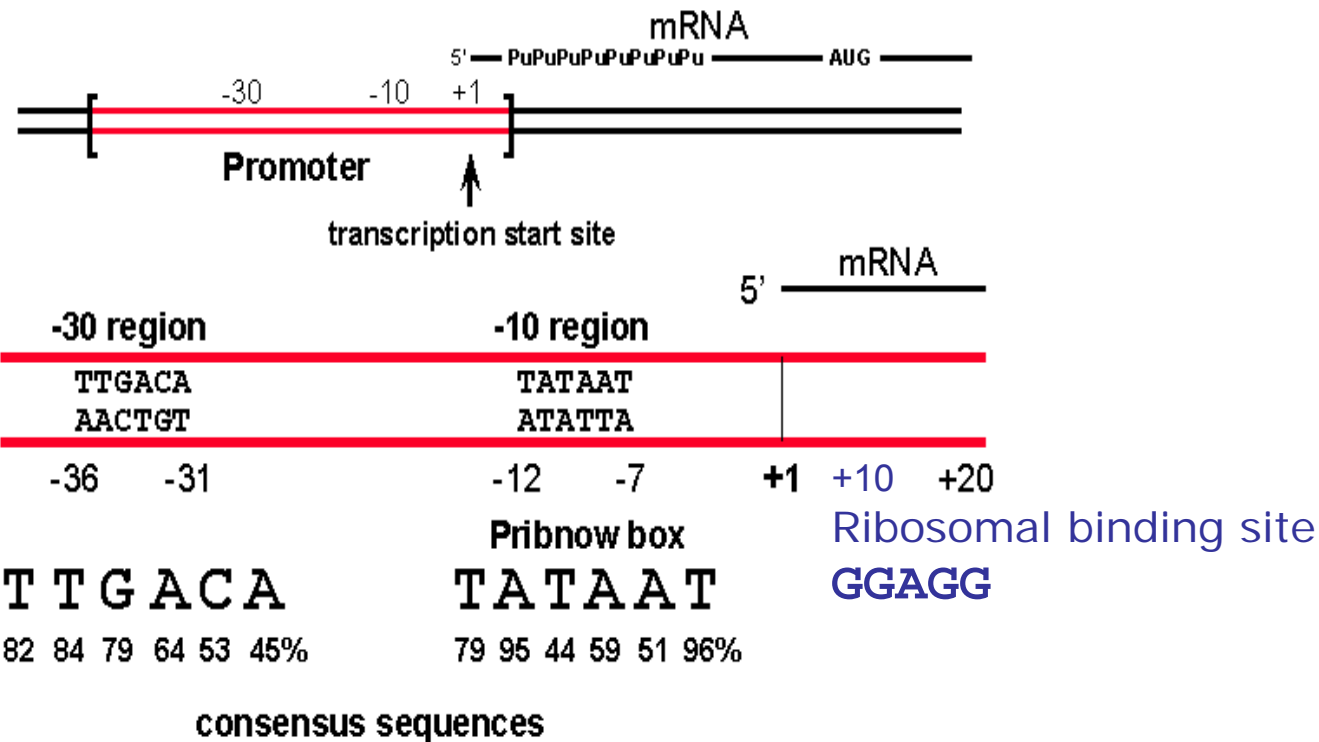
Model pro hledání jednoduchých genů



Struktura prokaryotické transkripční jednotky



Konzervativní struktury v promotoru prokaryot



Signály v jednoduchém strukturním genu

fem gene

```
1 ATATGGTCAGTGCATATAAAAATTTGTTATCATTAGAGTAATTAAGGTCATTTAATAACTTTTGGGAATCA 70
71 ATTGGAGGTTCTCATATGTTATCTTTTAGTCAAATAGAAGTCATAGCTTAGAACAACTTTTAAAAGAAG 140
141 GATATTCACAAATGGCTGATTTAAATCTCTCCCTAGCGAACGAAGCTTTTCCGATAGAGTGTGAAGCATG 210
211 CGATTGCAACGAAACATATTTATCTTCTAATTCAACGAATGAATCATTAGACGAGGAGATGTTTATTTAG 280
281 CAGATTTATCACCAGTACAGGGATCTGAACAAGGGGGAGTCAGACCTGTAGTCATAATTCAAATGATAC 350
351 TGGTAATAAATATAGTCTACAGTTATTGTTGCGGCAATAACTGGTAGGATTAATAAAGCGAAAATACCG 420
421 ACACATGTAGAGATTGAAAAGAAAAAGTATAAGTTGGATAAAGACTCAGTTATATTATTAGAACAAATTC 490
491 GTACACTTGATAAAAAACGATTGAAAGAAAAACTGACGTA CTTATCCGATGATAAAATGAAAGAAGTAGA 560
561 TAATGCACTAATGATTAGTTTAGGGCTGAATGCAGTAGCTCACCAGAAAAATTAGGCGGTCTATTATATGT 630
631 ATTTTTTCAGAGATAAATAAAATATTGATATAAAAGACAATAACTTTATAATAATTATAACTATTTCTAAA 700
701 TTCTGTACGAAGAATTTTCTTATAAACAAAGATTTTAGCAAATACCAGTTATGATATTCATATTTTTTAT 770
771 TATAAAAGGATGTCTTAAGTTTTTTTAGGCTTTAGGTATTCCATCCTAAAGTTTTTTTTTAGCTTAAAAGTA 840
841 TCATCTACAGCAAATTTGCAAACGACAAAATTTGATAAGTGCAATTAATAAATGTTAGTAAGTGAATCAT 910
911 AATTATCCTTGCTTAAGCATTGCTTTGTAAGGGAAGTGAGGAGGCAACTAATCG 965
```

rsbU gene

putative promotor

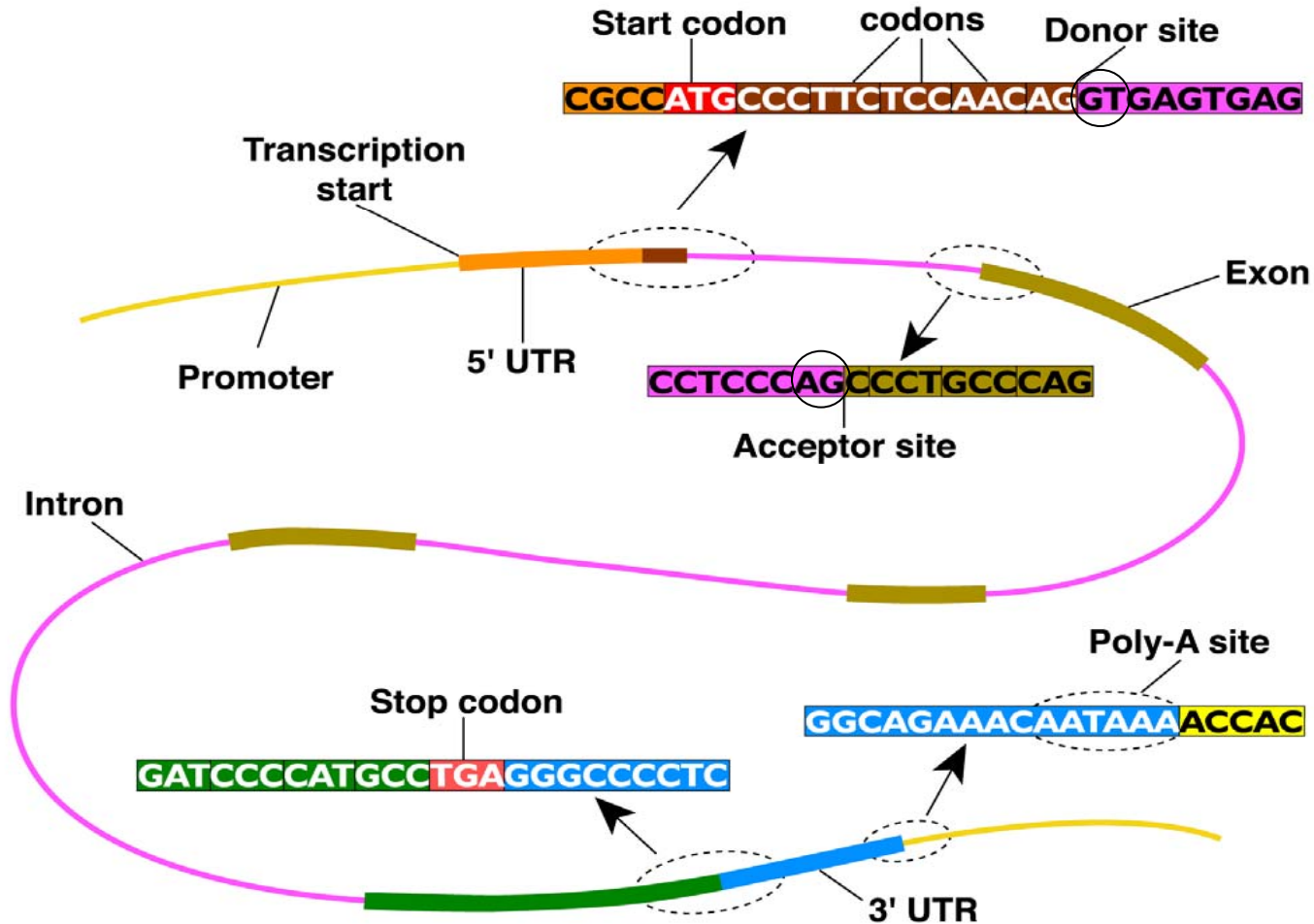
putative RBS

start

stop

terminator

Signály – senzory ve struktuře eukaryotického genu



Metody pro vyhledávání signálů

- hledání konvenční sekvence spolu s možnostmi přípustných odchylek
- použití vážených matic
 - každá pozice vzoru signálu připouští shodu s jakýmkoli zbytkem
 - různé zbytky mají v každé pozici přiřazenou jinou významnost

Příklad konsenzní sekvence signálu

- Získána výběrem nejčastěji se vyskytující báze v každé pozici mnohonásobného přiložení příslušné subsekvence našeho zájmu

TACGAT

TATAAT

TATAAT

GATACT

TATGAT

TATGTT

konsensus sequence **TATAAT**

konsensus (IUPAC) **TATRNT**

- Vede ke ztrátě informací a získání mnoha falešně pozitivních i negativních výsledků

Příklad poziční vážené matice

- Vyjadřuje frekvenci každé báze v každé pozici příslušné sekvence

TACGAT		1	2	3	4	5	6
TATAAT	A	0	6	0	3	4	0
TATAAT	C	0	0	1	0	1	0
GATACT	G	1	0	0	3	0	0
TATGAT	T	5	0	5	0	1	6
TATGTT							

- Skóre každého předpokládaného místa je vyjádřeno součtem hodnot z matice (převáděno na pravděpodobnosti)
- Nevýhody:
 - Je vyžadována hraniční hodnota
 - Předpokládá nezávislost sousedících bází

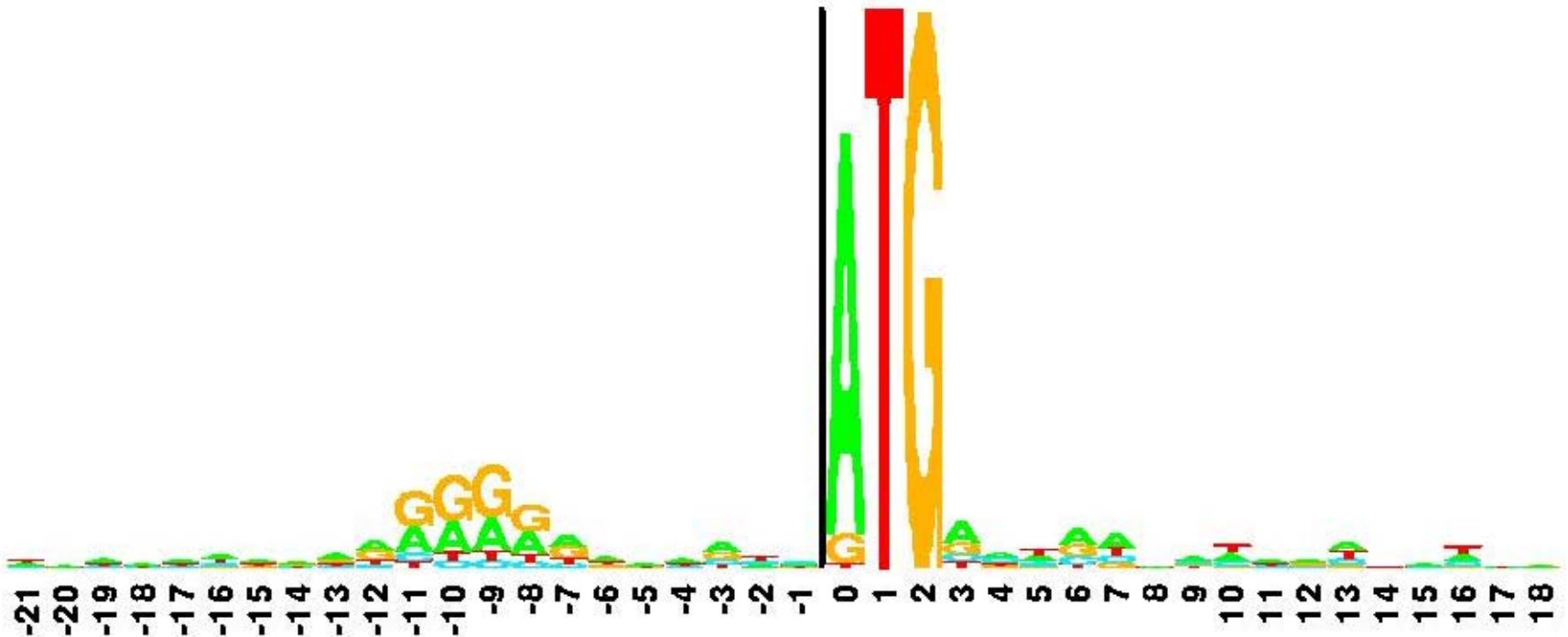
A



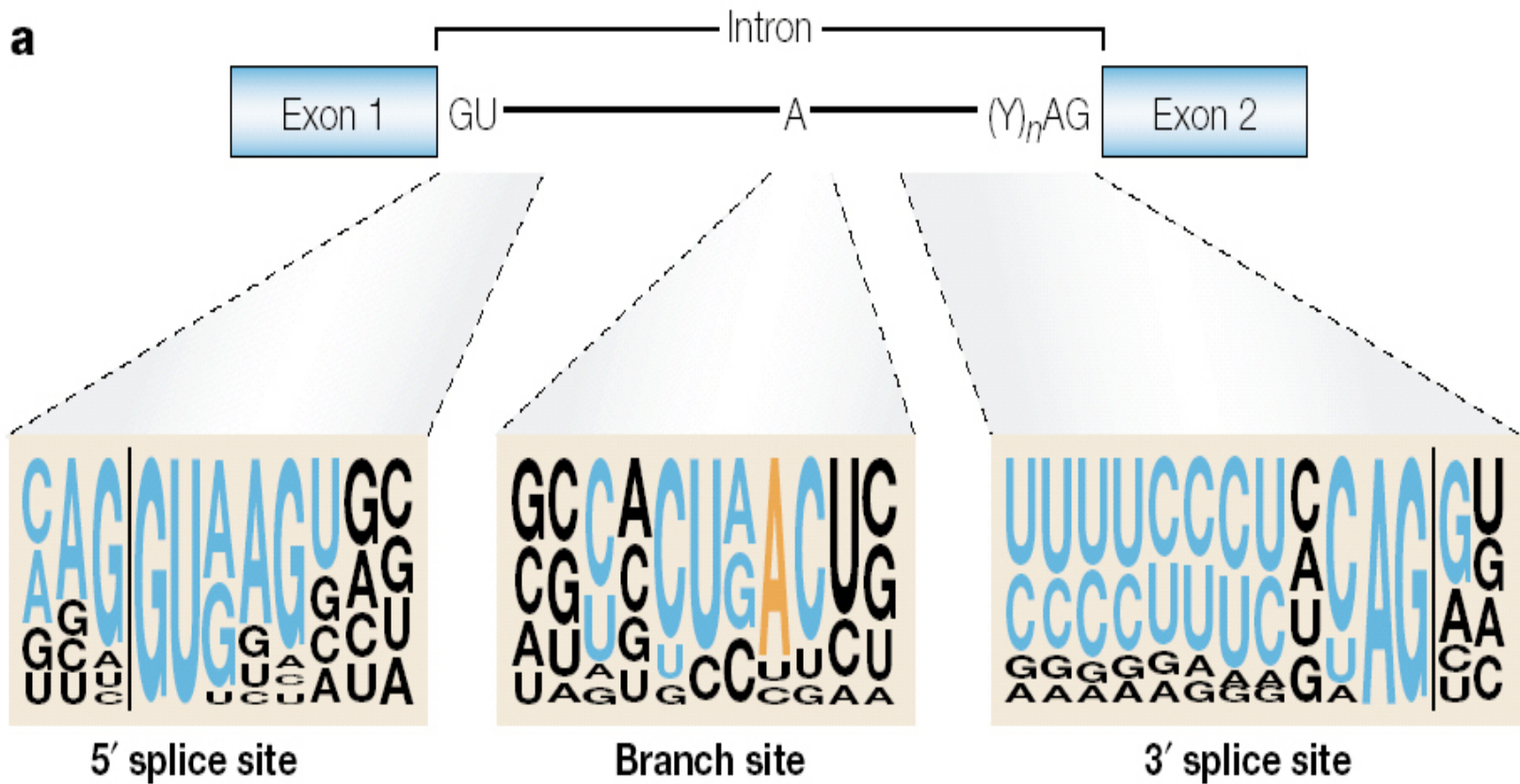
Příklad signálu

RBS (vazebné
místo pro ribozóm)

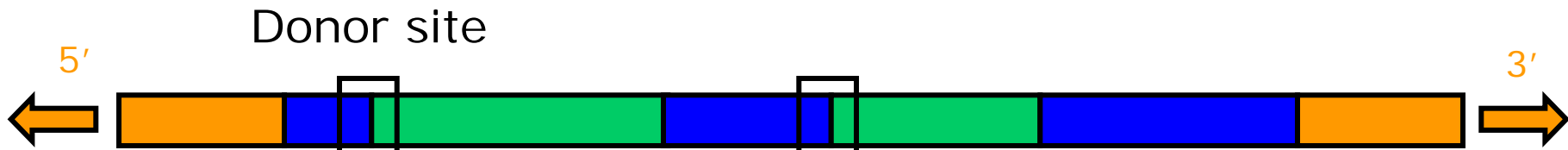
Vazebné místo pro ribozóm (RBS) a iniciační kodon ATG u *E. coli*



Predikce míst sestřihu

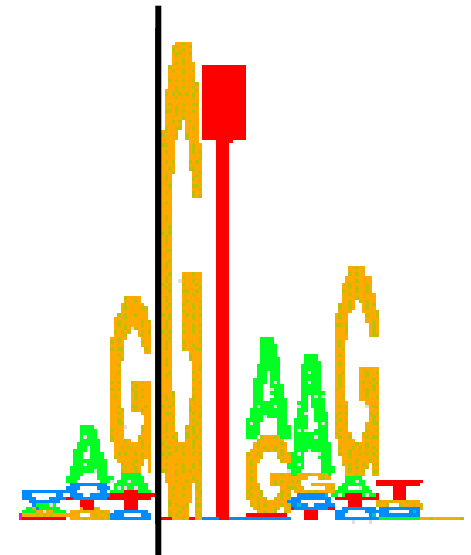


Pozičně vážená matice pro odvození donorového místa sestřihu

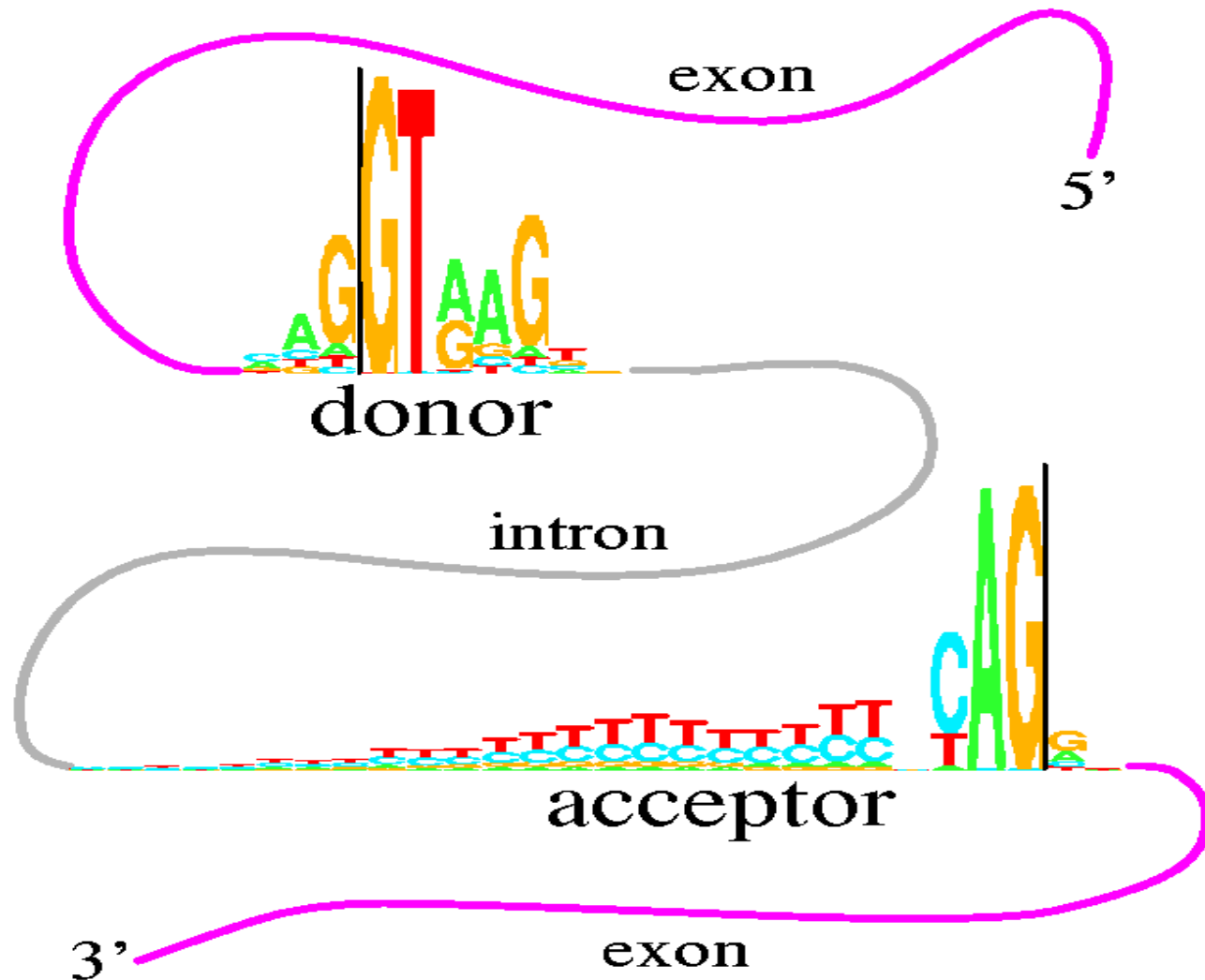


Position

%	-8	...	-2	-1	0	1	2	...	17
A	26	...	60	9	0	1	54	...	21
C	26	...	15	5	0	1	2	...	27
G	25	...	12	78	99	0	41	...	27
T	23	...	13	8	1	98	3	...	25



Příklad signálů: místa sestřihu (myš)



Statistická analýza sekvence predikovaného genu

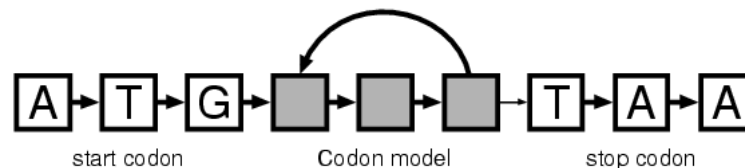
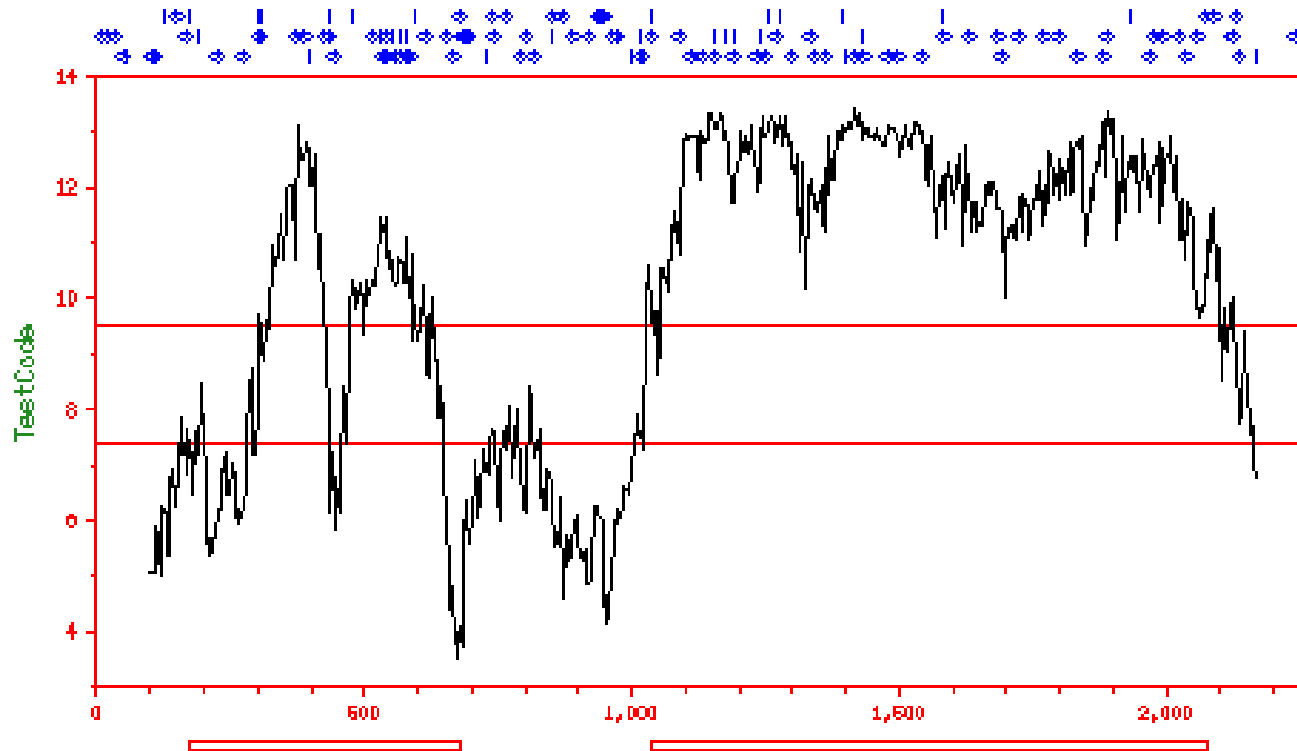
- Důležité je posouzení charakteru sekvence
 - délka
 - obsah GC
 - statistické modely modely frekvencí nukleotidů
 - frekvence využití kodonů

Testování ORF – využití kodonů

Gly	GGG	17.08	0.23	Arg	AGG	12.09	0.22	Trp	TGG	14.74	1.00	Arg	CGG	10.40	0.19
Gly	GGA	19.31	0.26	Arg	AGA	11.73	0.21	End	TGA	2.64	0.61	Arg	CGA	5.63	0.10
Gly	GGT	13.66	0.18	Ser	AGT	10.18	0.14	Cys	TGT	9.99	0.42	Arg	CGT	5.16	0.09
Gly	GGC	24.94	0.33	Ser	AGC	18.54	0.25	Cys	TGC	13.86	0.58	Arg	CGC	10.82	0.19
Glu	GAG	38.82	0.59	Lys	AAG	33.79	0.60	End	TAG	0.73	0.17	Gln	CAG	32.95	0.73
Glu	GAA	27.51	0.41	Lys	AAA	22.32	0.40	End	TAA	0.95	0.22	Gln	CAA	11.94	0.27
Asp	GAT	21.45	0.44	Asn	AAT	16.43	0.44	Tyr	TAT	11.80	0.42	His	CAT	9.56	0.41
Asp	GAC	27.06	0.56	Asn	AAC	21.30	0.56	Tyr	TAC	16.48	0.58	His	CAC	14.00	0.59
Val	GTG	28.60	0.48	Met	ATG	21.86	1.00	Leu	TTG	11.43	0.12	Leu	CTG	39.93	0.43
Val	GTA	6.09	0.10	Ile	ATA	6.05	0.14	Leu	TTA	5.55	0.06	Leu	CTA	6.42	0.07
Val	GTT	10.30	0.17	Ile	ATT	15.03	0.35	Phe	TTT	15.36	0.43	Leu	CTT	11.24	0.12
Val	GTC	15.01	0.25	Ile	ATC	22.47	0.52	Phe	TTC	20.72	0.57	Leu	CTC	19.14	0.20
Ala	GCG	7.27	0.10	Thr	ACG	6.80	0.12	Ser	TCG	4.38	0.06	Pro	CCG	7.02	0.11
Ala	GCA	15.50	0.22	Thr	ACA	15.04	0.27	Ser	TCA	10.96	0.15	Pro	CCA	17.11	0.27
Ala	GCT	20.23	0.28	Thr	ACT	13.24	0.23	Ser	TCT	13.51	0.18	Pro	CCT	18.03	0.29
Ala	GCC	28.43	0.40	Thr	ACC	21.52	0.38	Ser	TCC	17.37	0.23	Pro	CCC	20.51	0.33

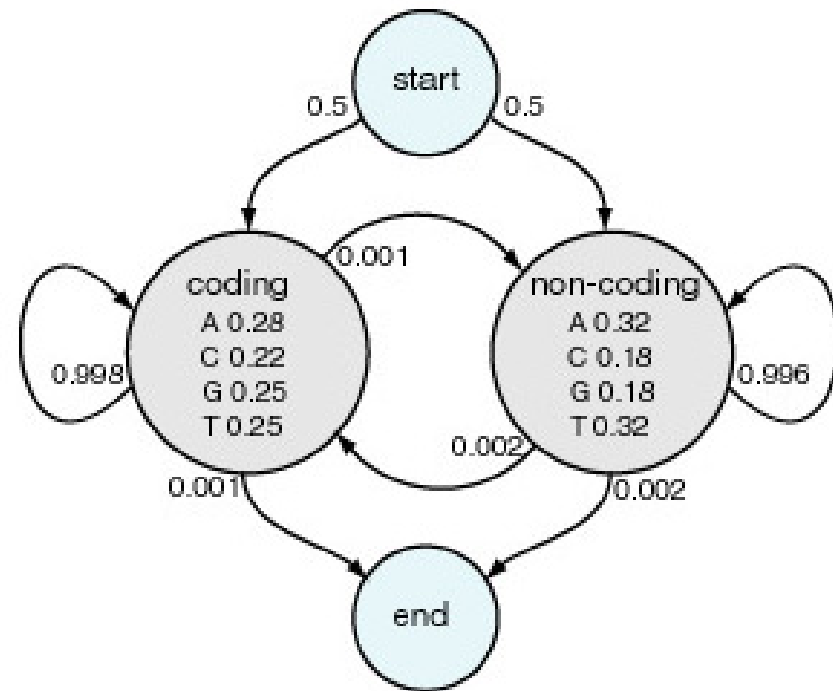
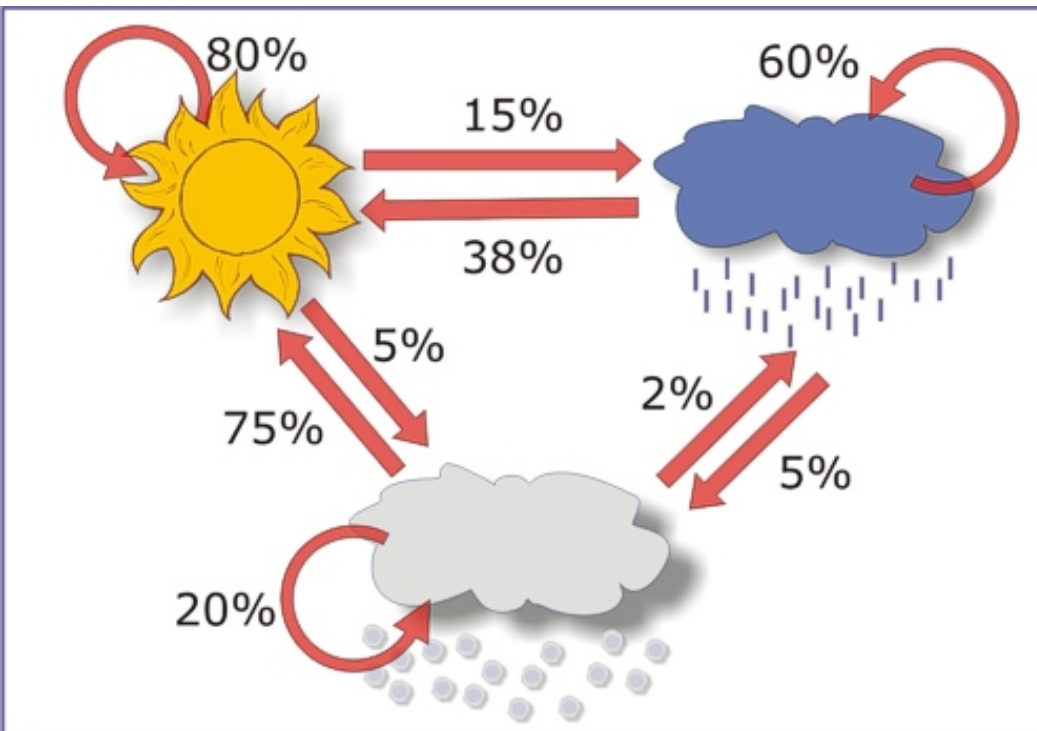
Testování ORF – frekvence nukleotidů

TESTCODE of: gb_ba:Ecoompak: 778, 1 to: 2270
Window: 200 bp October 6, 1998 10:54

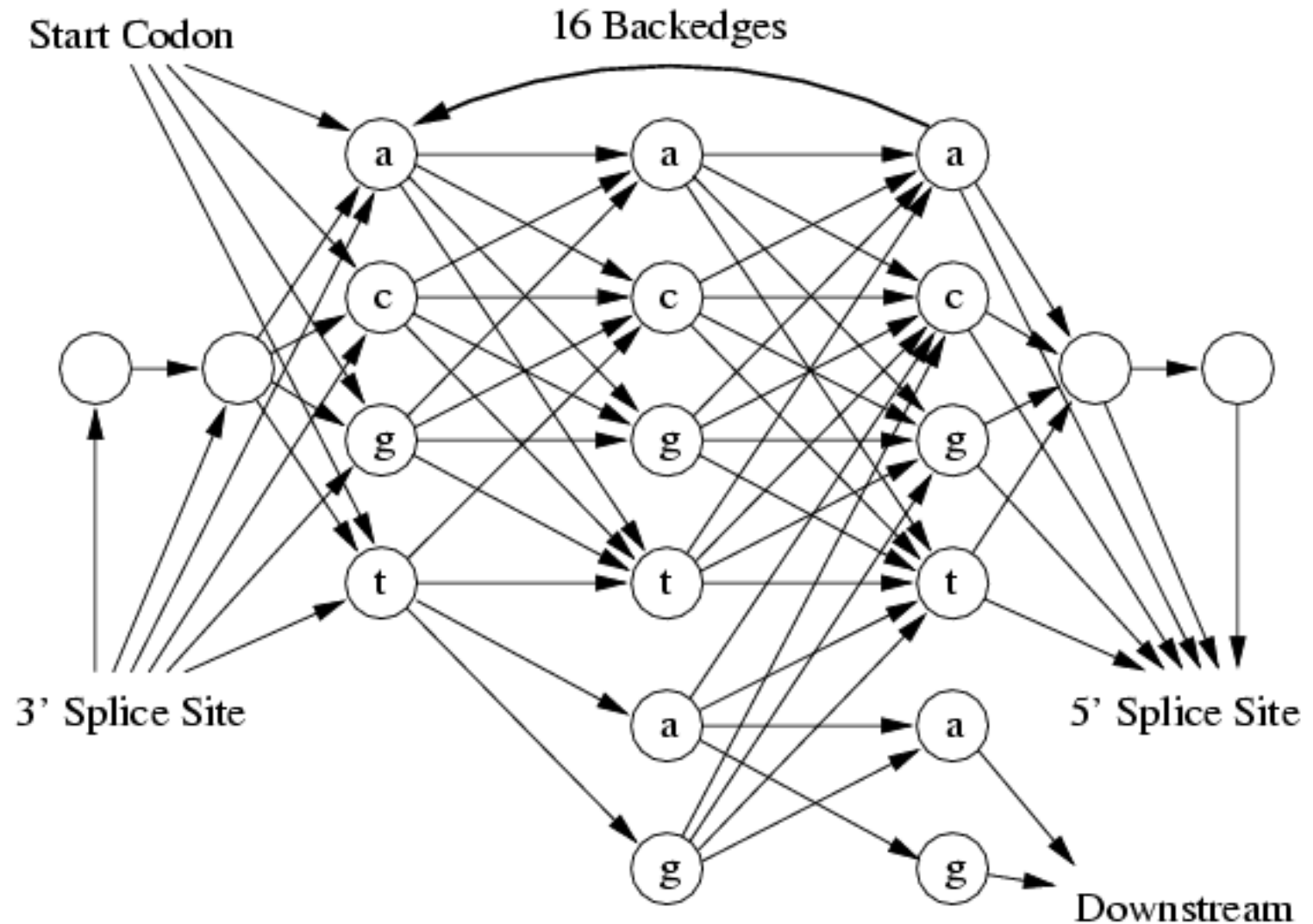


Markovovy modely

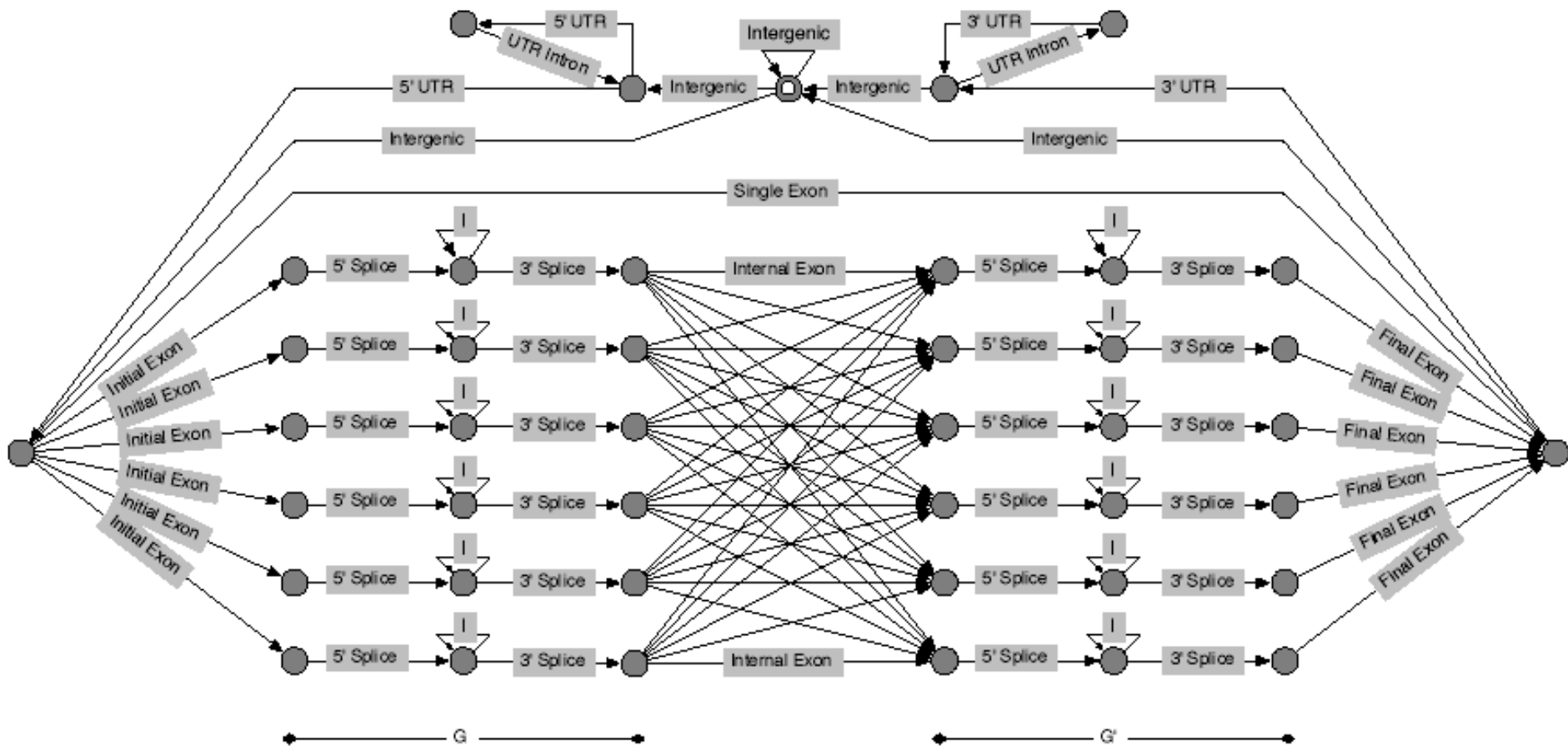
- Vyjadřují pravděpodobnost sekvenčních událostí
- Nejčastěji používané statistické modely pro hledání genů



Příklad komplexního algoritmu se skrytými Markovovými modely (HMM)



Příklad komplexního algoritmu se skrytými Markovovými modely (HMM)



Populární programy pro predikci genů

- Programy využívající explicitní pravidla
 - GeneFinder
- Programy založené na „Hidden Markov Models“
 - GeneMark
 - Glimmer
 - GenScan
 - TwinScan
- Programy využívající neuronové sítě
 - Grail,
 - GrailEXP

GeneMark

<http://opal.biology.gatech.edu/GeneMark/>

GeneMark

A family of gene prediction programs developed by Mark Borodovsky's [Bioinformatics Group](#) at the [Georgia Institute of Technology](#), Atlanta, Georgia, USA.

What's New:

Gene identification in novel eukaryotic genomes by self-training algorithm:
[GeneMark.hmm-ES](#)

Supported
by NIH



Gene Prediction in Bacteria, Archaea and Metagenomes



For bacterial and archaeal gene prediction you can use the parallel combination of [GeneMark-P](#) and [GeneMark.hmm-P](#). For a novel genome you can use either the [Heuristic models](#) option (if the sequence is shorter than 200 kb) or the self-training program [GeneMarkS](#) (aka [GeneMark.hmm-PS](#)).

Gene Prediction in Eukaryotes



For eukaryotic gene prediction you can use the parallel combination of [GeneMark-E](#) and [GeneMark.hmm-E](#). For a novel genome (the one whose name is not in the list of available models) you can run [GeneMark.hmm-ES](#), the self-training program (just 10MB sequence is needed for training).

Gene Prediction in Viruses



For gene prediction in novel viruses and phages you can use [GeneMark.hmm](#). Viral genome annotations are accessible via [VIOLIN](#) database.

Gene Prediction in EST and cDNA



To analyze ESTs and cDNAs you can use [GeneMark-E](#).

Powered by IBM



Borodovsky Group

Gene Prediction Programs

- [GeneMark](#)
- [GeneMark.hmm](#)
- [GeneMarkS](#)
- [Heuristic models](#)
- [Frame-by-Frame](#)

Information

- [Background](#)
- [References](#)
- [In GenBank](#)
- [FAQ](#)
- [Contact](#)

Databases of predicted genes

- Prokaryotes [Closed, Updating](#)
- [Viruses/Phages \(VIOLIN\)](#)

Models for Gene Prediction

- [Download](#)

Glimmer

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/MICROBES/glimmer_3.cgi



Microbial Genomes



HOME | SEARCH | SITE MAP | Genome Project | Genome | Prokaryotic Projects | Collaborators | gMap | ProtMap | TaxPlot | BLAST | FTP | Contact us

Microbial Genome Annotation Tools

GLIMMER is a system for finding genes in microbial DNA, especially the genomes of bacteria and archaea. GLIMMER (Gene Locator and Interpolated Markov ModelER) uses interpolated Markov models to identify coding regions.

- Delcher AL, Harmon D, Kasif S, White O, Salzberg SL. Improved microbial gene identification with GLIMMER, *Nucleic Acids Research* 27:23 (1999), 4636-4641.
- Salzberg S, Delcher A, Kasif S, White O. Microbial gene identification using interpolated Markov models, *Nucleic Acids Research* 26:2 (1998), 544-548.

Download [GLIMMER](#) from the Center for Bioinformatics and Computational Biology.

Genomes
Genome Projects
Prokaryotic Projects
Microbial Genomes
Home
Complete Genomes
Draft Assemblies
Registered
Entrez Genome
Submit a Genome
Sequin
Submission Guide
Register a Project
Submit a Genome
Submit Traces
Tools
Resources
Sequencing Centers
Collaborators
Statistics

Upload your sequence from file:

Or copy/paste your sequence FASTA here:

Genscan

<http://genes.mit.edu/GENSCAN.html>

The GENSCAN Web Server at MIT

Identification of complete gene structures in genomic DNA



[For information about Genscan, click here](#)

Server update, November, 2009: We've been recently upgrading the GENSCAN webserver hardware, which resulted in some problems in the output of GENSCAN. We apologize for the inconvenience. These output errors were resolved.

This server provides access to the program Genscan for predicting the locations and exon-intron structures of genes in genomic sequences from a variety of organisms.

This server can accept sequences up to 1 million base pairs (1 Mbp) in length. If you have trouble with the web server or if you have a large number of sequences to process, request a local copy of the program (see instructions at the bottom of this page).

Organism: Suboptimal exon cutoff (optional):

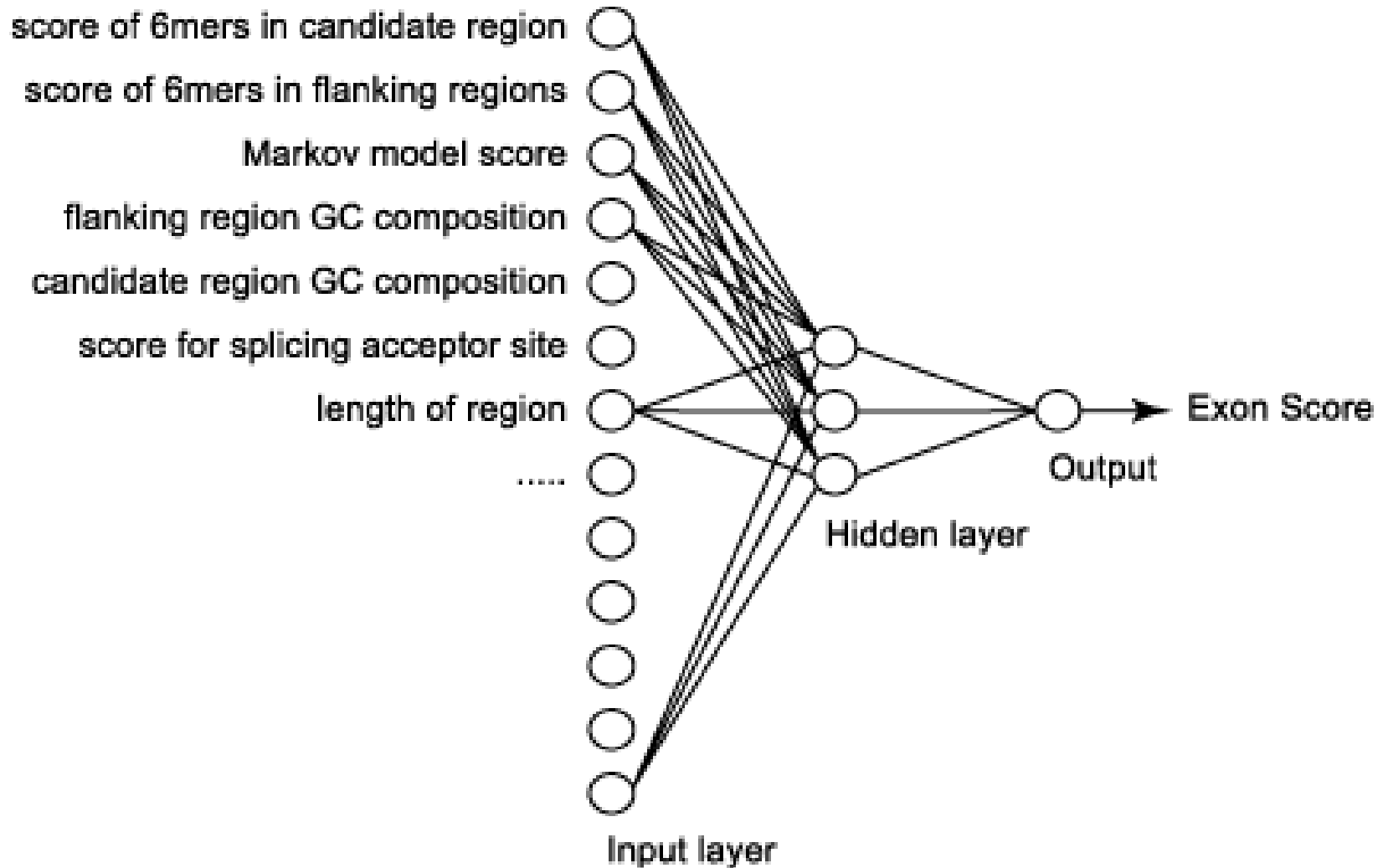
Sequence name (optional):

Print options:

Upload your DNA sequence file (upper or lower case, spaces/numbers ignored):

Or paste your DNA sequence here (upper or lower case, spaces/numbers ignored):

Predikce eukaryotických genů: GRAIL II: využívá neuronové sítě



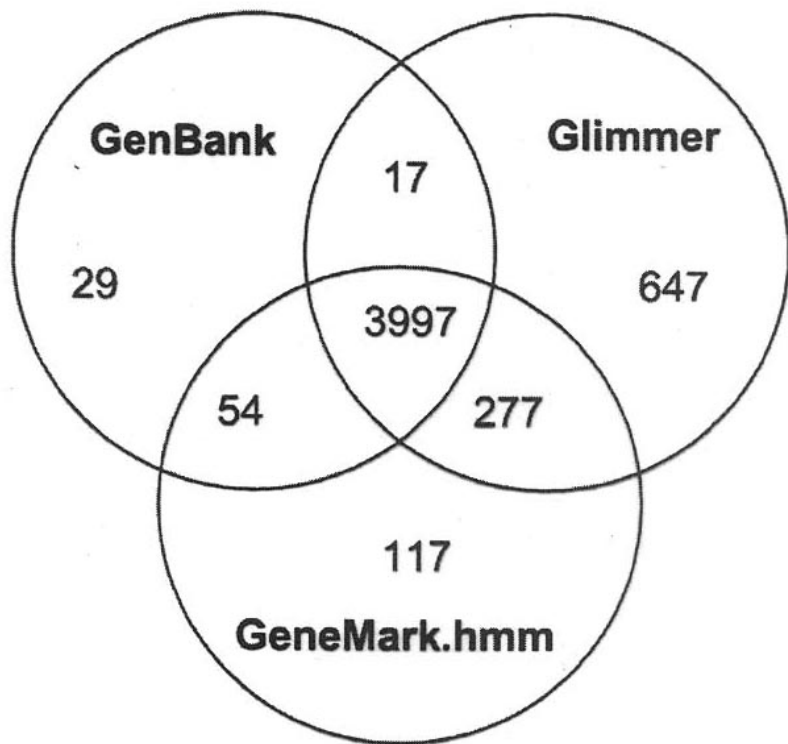
Užitečné nástroje

- Vyhledávače ORF
 - NCBI: <http://www.ncbi.nih.gov/gorf/gorf.html>
- Predikce promotoru
 - CSHL: <http://rulai.cshl.org/software/index1.htm>
 - BDGP: fruitfly.org/seq_tools/promoter.html
 - ICG: [TATA-Box predictor](#)
- Predikce polyA signálu
 - CSHL: argon.cshl.org/tabaska/polyadq_form.html
- Predikce míst sestřihu
 - BDGP: http://www.fruitfly.org/seq_tools/splice.html
- Identifikace start/stop kodonu
 - DNALC: [Translator/ORF-Finder](#)
 - BCM: [Searchlauncher](#)

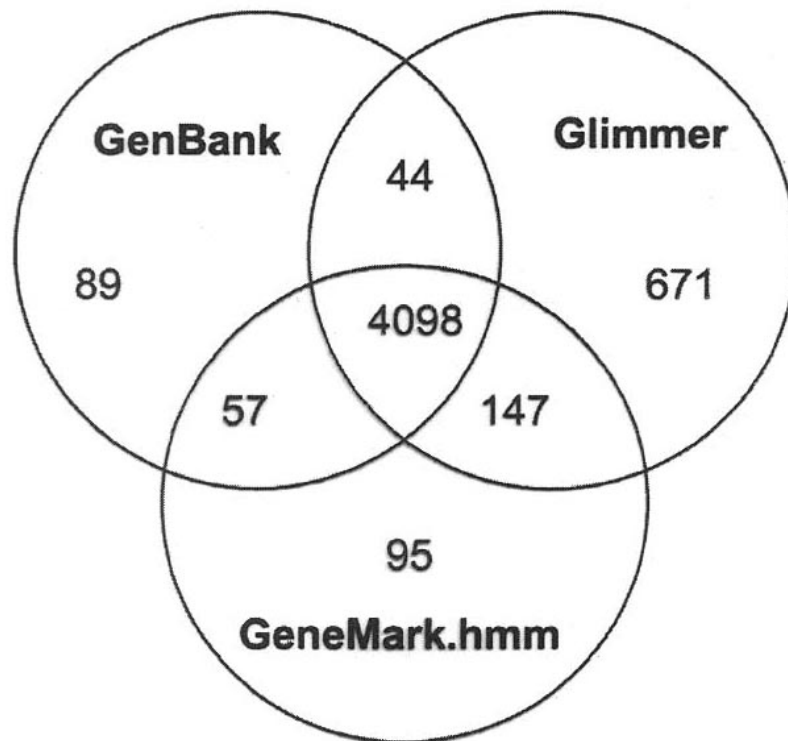
Evaluace vyhledávačů genů

- Citlivost versus specificita
- Citlivost
 - Kolik genů bylo nalezeno?
- Specificita
 - Kolik predikovaných genů představuje skutečné geny?

Srovnání různých přístupů pro vyhledávání genů



B. subtilis



E. coli

Nomenklatura používaná při anotacích genomů

- **Known Gene** – Predikovaný gen shodující se v celé délce se známým experimentálně dokázaným genem.
- **Putative Gene** – Predikovaný gen obsahující region homologický s konzervovaným regionem známého genu. *Also referred to as “like” or “similar to”.*
- **Unknown Gene** – Predikovaný gen vykazující shodu s genem nebo EST, jejichž funkci neznáme.
- **Hypothetical Gene** – Predikovaný gen nevykazující významnou podobnost k žádnému známému genu nebo EST.