

# CUB818 Vorlesung Genetik und Genomforschung

Freie Universität Berlin, Institut für Informatik

Peter Robinson

Wintersemester 2015/2016 Übungsblatt: mikroRNAs (Vorlesung vom 05.01.2016)

---

## Aufgabe 1.

MikroRNA-Nomenklatur. Ergänzen Sie die folgende Tabelle mit den korrekten Bezeichnungen für die angegebenen mikroRNAs. In allen Fragen handelt es sich um reife Formen (~ 22 nt).

a) Die 17. mikroRNA in der Spezies Homo sapiens (hsa):	
b) Eine MikroRNA, die vom selben Vorläufer (Prä-miRNA) kommt als die mmu-mir-19, aber eine geringere Konzentration aufweist	
c) Eine MikroRNA, die vom 5' Arm der Prä-miRNA für hsa-mir-142 kommt.	
d) Eine allelische MikroRNA, welche dieselbe reife Sequenz aufweist wie hsa-mir-29-1	

## Aufgabe 2.

Unter der Annahme, dass jedes der 20.000 proteinkodierende Gene des Menschen eine 3'UTR-Sequenz von 1000 bp aufweist und alle vier Nukleotide gleich häufig und in einer "zufälligen" Reihenfolge vorkommen, berechnen Sie die erwartete Zahl an MikroRNA-Bindungsstellen (microRNA recognition elements, MREs) für m8, 7mer-m8, 7mer-A1, 6mer MREs für eine beliebige mikroRNA. Wieviele MREs erwarten wir pro mRNA?

## Aufgabe 3.

Erklären Sie den Unterschied zwischen miRNAs und siRNAs.

## Aufgabe 4.

Besuchen Sie die targetscan Webseite: <http://www.targetscan.org>. Untersuchen die vorhergesagten mikroRNA-Bindungsstellen Ihres Lieblingsgenes. Beschreiben Sie die Kategorien der MREs die

Sie beobachten (m8, 7mer-m8, 7mer-A1, 6mer). Sie Sie MREs mit 3' Bindungen? Sind die Bindungsstellen konserviert? Entspricht die Anzahl der Bindungsstellen in targetscan Ihren Ergebnissen in Aufgabe 2?

*Aufgabe 5.*

(Bonusaufgabe: Praktische Übung). Führen Sie eine nicht parametrische Analyse eines Expressions-Datensatzes durch (wie in der Vorlesung beschrieben oder wie mit der GSEA Applikation des Broad-Institutes. Können Sie eine mirna-Signatur identifizieren?