

7. Beregn hvor mange gange generne er over- eller underudtrykte, i prøve 1 i forhold til prøve 2. Det gøres ved at beregne \log_2 til forholdet mellem rød og grøn og skrive resultatet i kolonne 4. Det kaldes også hvor mange fold de over- eller underudtrykkes med.
8. Skriv en konklusion: Hvilke forskelle kan du se i genekspression mellem de to faser?
9. Diskuter hvad resultatet af en sådan undersøgelse ville kunne anvendes til.
10. Du kan nu gå videre til at prøve metoden på et rigtigt datasæt, hvor man automatiserer proceduren. Det gør du i opgaven: *Databehandling af genekspression ved diauxisk skift*, som du finder på hjemmesiden.
11. Du kan også læse uddybningen af chippens farver og anvendelsen af \log_2 i boksene nedenfor.

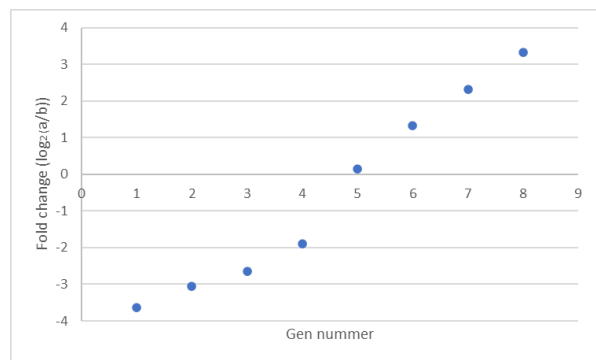
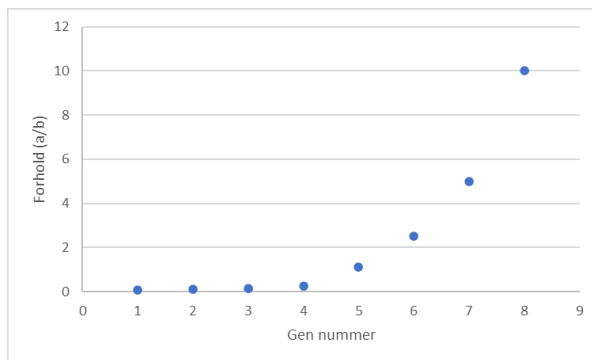
Resultatskema

Kolonne	1	2	3	4
Felt (allel)	R Antal røde sekvenser	G Antal grønne sekvenser	R/G Forhold mellem rød og grøn	\log_2 (R/G)
A				
B				
C				
D				
E				
F				
G				
H				
I				

Boks 1: Hvorfor beregner man $\log_2(a/b)$?

Ved at beregne \log_2 af forholdet mellem intensiteten af de to farver, beregner man *hvor mange gange* intensiteten fordobles eller formindskes. Det kaldes på engelsk "fold change", et udtryk man møder, når man læser om emnet.

Fold change gør det lettere at sammenligne gener, der udtrykkes meget forskelligt. I de to grafer nedenfor er generne 1-8 sorteret efter forholdet mellem hvor meget de udtrykkes i situation a og i situation b. De to grafer viser henholdsvis forholdet mellem hvor meget de udtrykkes (a/b), og fold change, $\log_2(a/b)$.



Hvis enkelte gener har en meget høj ekspression, vil man let overse de gener, som kun udtrykkes svagt, når man behandler data. Kan du fx i grafen til venstre skelne mellem hvor meget generne 1-4 udtrykkes? Gener der kun udtrykkes svagt kan imidlertid have stor betydning. Ved at anvende fold change opnår man, at de der kun udtrykkes svagt, vægtes mere, og træder de tydeligere frem.

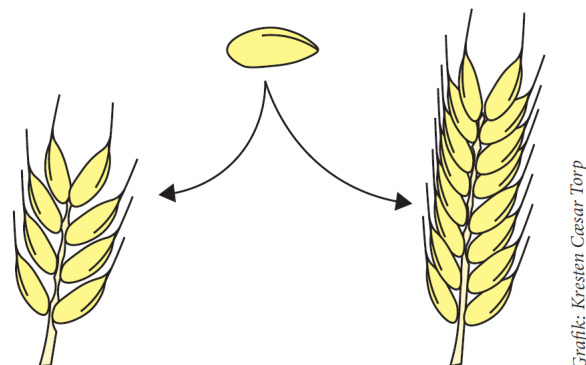
- Forklar ud fra graferne ovenfor, hvorfor gener der kun udtrykkes svagt, vægtes mere ved en \log_2 -transformation.
- Forklar, hvorfor man nemt kan overse gener, der kun udtrykkes svagt i diagrammet til venstre.

Fold og fold change

Fold change kan forveksles med ordet fold på danske, men er ikke det samme.

Fold er en gammel betegnelse for høstudbytte. Det betegner, hvor mange gange man får den såede mængde igen. I de to tilfælde i figuren, vil høsten være henholdsvis 8 og 16 fold, men den vil være henholdsvis 3 og 4 fold change.

- Forklar, hvorfor udbyttet i de to tilfælde vil være henholdsvis 8 og 16 fold, men 3 og 4 fold change.



Klippeark 1

Klip hver af DNA-sekvenserne fra de to prøver ud:

RNA i celler der udnytter glucose		RNA i celler der udnytter ethanol	
5' TATTCC 3'	5' GAGTTA 3'	5' GGAGGC 3'	5' TATTCC 3'
5' TTAGAC 3'	5' AAAGCG 3'	5' CGCCGG 3'	5' AAAGCG 3'
5' TATTCC 3'	5' GAGTTA 3'	5' GGAGGC 3'	5' TATTCC 3'
5' TTAGAC 3'	5' AAAGCG 3'	5' CGCCGG 3'	5' AAAGCG 3'
5' TATTCC 3'	5' GAGTTA 3'	5' GGAGGC 3'	5' TATTCC 3'
5' TTAGAC 3'	5' AAAGCG 3'	5' CGCCGG 3'	5' AAAGCG 3'
5' GCGGCC 3'	5' CCTCCG 3'	5' CTCAAT 3'	5' ATAAGG 3'
5' TTAGAC 3'	5' TTAGAC 3'	5' GGAGGC 3'	5' GGAGGC 3'
5' TTAGAC 3'	5' TTAGAC 3'	5' GGAGGC 3'	5' TATTCC 3'
5' GAGTTA 3'	5' GAGTTA 3'	5' AATCTG 3'	5' AATCTG 3'
		5' CCTCCG 3'	5' CCTCCG 3'

Klippearke 2

Klip DNA-chippen ud, og læg sekvenserne på, hvor de matcher: