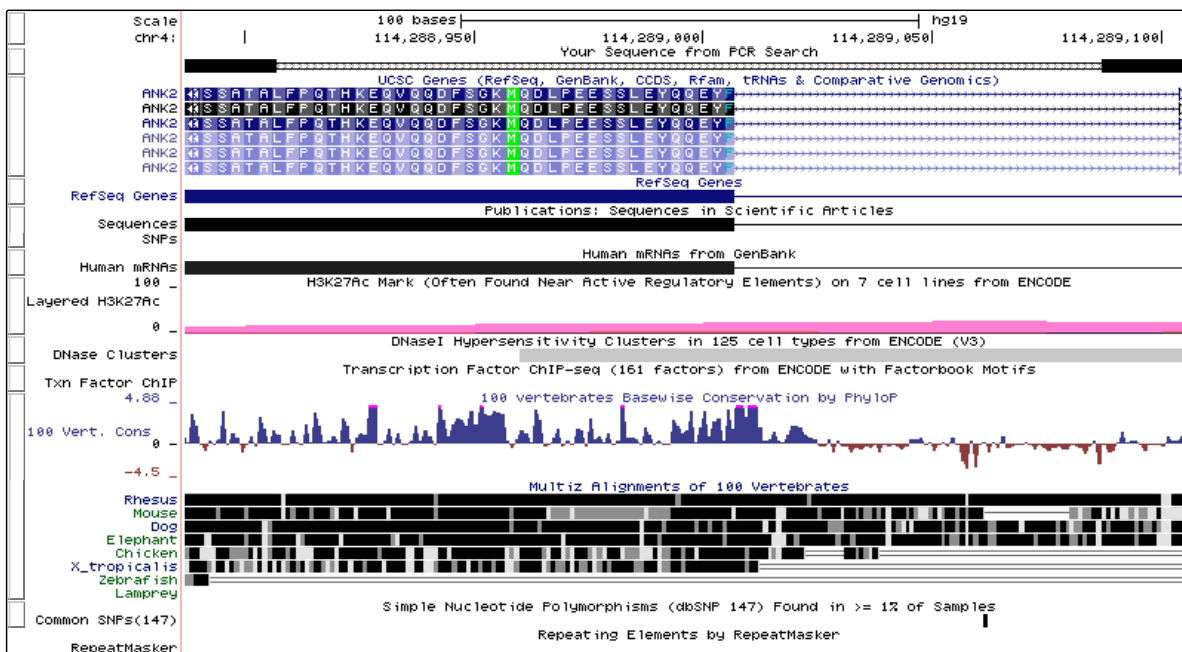


UCSC Genome Browser on Human Feb. 2009 (GRCh37/hg19) Assembly

move <<< << < > >> >>> zoom in 1.5x 3x 10x base zoom out 1.5x 3x 10x 100x

chr4:114,288,888-114,289,107 220 bp. enter position, gene symbol or search terms go



Click on a feature for details. Click or drag in the base position track to zoom in. Click side bars for track options. Drag side bars or labels up or down to reorder tracks. Drag tracks left or right to new position.

move start < 2.0 > move end < 2.0 >

track search default tracks default order hide all add custom tracks track hubs configure multi-region reverse resize refresh

Use drop-down controls below and press refresh to alter tracks displayed. Tracks with lots of items will automatically be displayed in more compact modes.

collapse all expand all

+ Mapping and Sequencing refresh

- Genes and Gene Predictions refresh

- UCSC Genes: pack
- RefSeq Genes: dense
- AceView Genes: hide
- Augustus: hide
- CCDS: hide
- CRISPR...: hide
- Ensembl Genes: hide
- EvoFold: 17
- Exoniphy: hide
- Gencode...: hide
- Geneid Genes: hide
- Genscan Genes: hide
- H-Inv 7.0: hide
- IKMC Genes Mapped: hide
- lincRNAs...: hide
- LRG Transcripts: hide
- MGC Genes: hide
- N-SCAN: hide
- Old UCSC Genes: hide
- ORFeome Clones: hide
- Other RefSeq: hide
- Pfam in UCSC Gene: hide
- Retroposed Genes: hide
- SGP Genes: hide
- SIB Genes: hide
- sno/miRNA: hide
- TransMap...: hide
- tRNA Genes: hide
- UCSC Alt Events: hide
- UniProt: hide
- Vega Genes: hide
- Yale Pseudo60: hide

- Phenotype and Literature refresh

- Publications: dense
- ClinGen CNVs: hide
- ClinVar Variants: hide
- Coriell CNVs: hide
- COSMIC: hide
- DECIPHER: hide
- Development Delay: hide
- GAD View: hide
- GeneReviews: hide
- GWAS Catalog: hide
- HGMD Variants: hide
- Lens Patents: hide
- LOVD Variants: hide
- MGI Mouse QTL: 18
- OMIM Alleles: hide
- OMIM Genes: hide
- OMIM Pheno Loci: hide
- OMIM Variants: hide
- OMIM QTL: 18
- RGD Rat QTL: 18
- UniProt Variants: hide
- Web Sequences: hide

hide hide hide

-

mRNA and EST

refresh

[Human mRNAs](#) [Spliced ESTs](#) [18 CGAP SAGE](#) [Gene Bounds](#) [18 H-Inv](#) [Human ESTs](#)
 dense hide hide hide hide hide

[Human RNA Editing](#) [Other ESTs](#) [Other mRNAs](#) [18 Poly\(A\)](#) [PolyA-Seq](#) [SIB Alt-Splicing](#)
 hide hide hide hide hide hide

[UniGene](#)
 hide

-

Expression

refresh

[GTEx](#) [Affy Exon Array](#) [Affy GNF1H](#) [X Affy RNA Loc](#) [Affy U133](#) [Affy U133Plus2](#)
 hide hide hide hide hide hide

[Affy U95](#) [Allen Brain](#) [Burge RNA-seq](#) [X CSHL Small RNA-seq](#) [X ENC Exon Array...](#) [X ENC ProtGeno...](#)
 hide hide hide hide hide hide

[X ENC RNA-seq...](#) [X GIS RNA PET](#) [GNF Atlas 2](#) [GWIPS-viz Riboseq](#) [18 Illumina WG-6](#) [PeptideAtlas](#)
 hide hide hide hide hide hide

[qPCR Primers](#) [X RIKEN CAGE Loc](#) [18 Sestan Brain](#)
 hide hide hide

-

Regulation

refresh

[X ENCODE Regulation...](#) [18 CD34 DnaseI](#) [CpG Islands...](#) [X ENC Chromatin...](#) [X ENC DNA Methyl...](#) [X ENC DNase/FAIRE...](#)
 show hide hide hide hide hide

[X ENC Histone...](#) [X ENC RNA Binding...](#) [X ENC TF Binding...](#) [X FSU Repli-chip](#) [X Genome Segments](#) [18 NKI Nuc Lamina...](#)
 hide hide hide hide hide hide

[ORegAnno](#) [X Stanf Nucleosome](#) [X SUNY SwitchGear](#) [17 SwitchGear TSS](#) [TFBS Conserved](#) [TS miRNA sites](#)
 hide hide hide hide hide hide

[UCSF Brain Methyl](#) [UMMS Brain Hist](#) [X UW Repli-seq](#) [Vista Enhancers](#)
 hide hide hide hide

-

Comparative Genomics

refresh

[Conservation](#) [Cons 46-Way](#) [18 Cons Indels MmCf](#) [18 Evo Cpg](#) [GERP](#) [phastBias gBGC](#)
 full hide hide hide hide hide

[Primate Chain/Net](#) [Placental Chain/Net](#) [Vertebrate Chain/Net](#) [Gorilla Chain/Net](#)
 hide hide hide hide

+
 +
 -

Neandertal Assembly and Analysis

refresh

Denisova Assembly and Analysis

refresh

Variation

refresh

[Common SNPs\(147\)](#) [1000G Ph1 Accsbl](#) [1000G Ph1 Vars](#) [1000G Ph3 Accsbl](#) [1000G Ph3 Vars](#) [All SNPs\(138\)](#)
 dense hide hide hide hide hide

[All SNPs\(141\)](#) [All SNPs\(142\)](#) [All SNPs\(144\)](#) [All SNPs\(146\)](#) [All SNPs\(147\)](#) [Common SNPs\(138\)](#)
 hide hide hide hide hide hide

[Common SNPs\(141\)](#) [Common SNPs\(142\)](#) [Common SNPs\(144\)](#) [Common SNPs\(146\)](#) [DGV Struct Var](#) [EVS Variants](#)
 hide hide hide hide hide hide

[ExAC](#) [Flagged SNPs\(138\)](#) [Flagged SNPs\(141\)](#) [Flagged SNPs\(142\)](#) [Flagged SNPs\(144\)](#) [Flagged SNPs\(146\)](#)
 hide hide hide hide hide hide

[Flagged SNPs\(147\)](#) [18 Genome Variants](#) [X GIS DNA PET](#) [X HAIB Genotype](#) [18 HapMap SNPs](#) [HGDP Allele Freq](#)
 hide hide hide hide hide hide

[Mult. SNPs\(138\)](#) [Mult. SNPs\(142\)](#) [Mult. SNPs\(144\)](#) [Mult. SNPs\(146\)](#) [Mult. SNPs\(147\)](#) [SNP/CNV Arrays](#)
 hide hide hide hide hide hide

hide ▾

-

hide ▾

refresh

Repeats

[RepeatMasker](#)

[Interrupted Rpts](#)

[Microsatellite](#)

[NumtS Sequence](#)

[Segmental Dups](#)

[Self Chain](#)

dense ▾

hide ▾

hide ▾

hide ▾

hide ▾

hide ▾

[Simple Repeats](#)

hide ▾

refresh