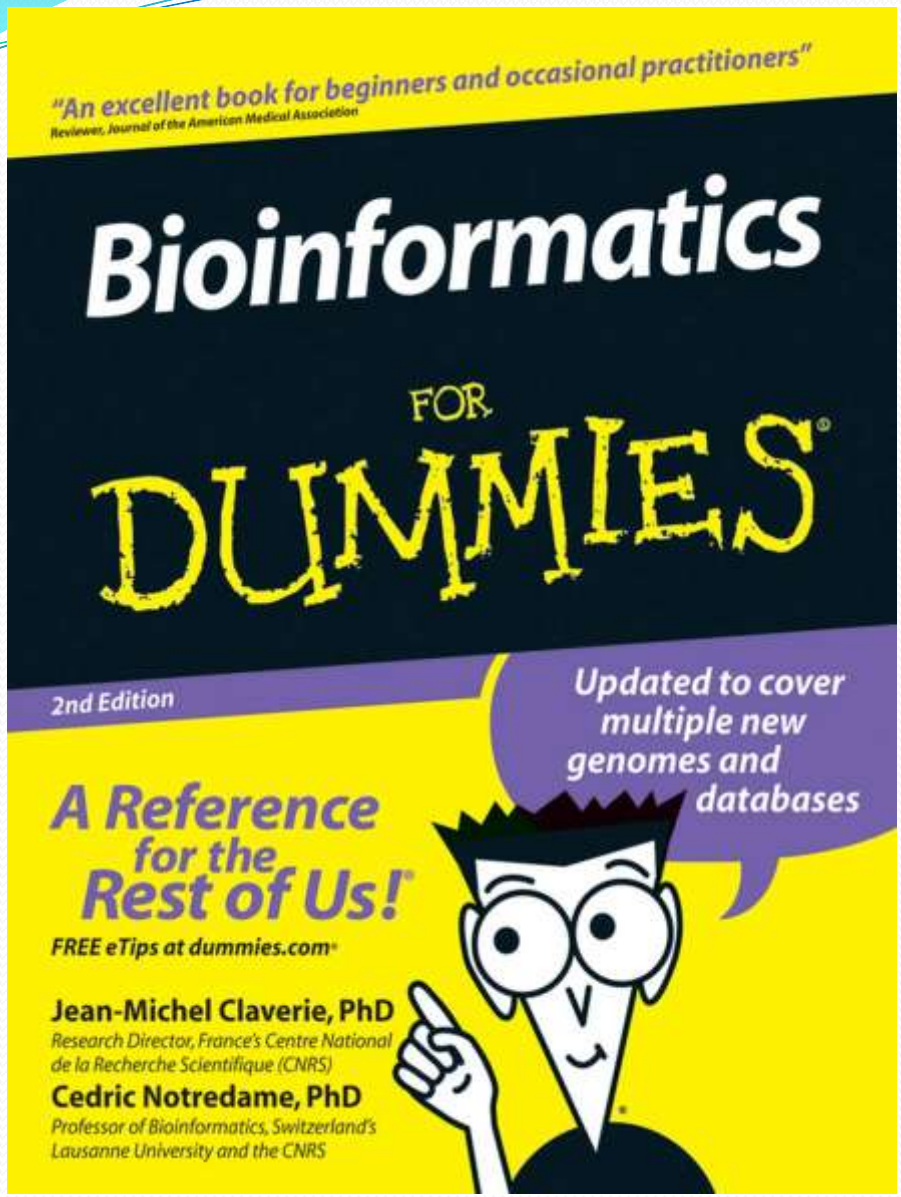
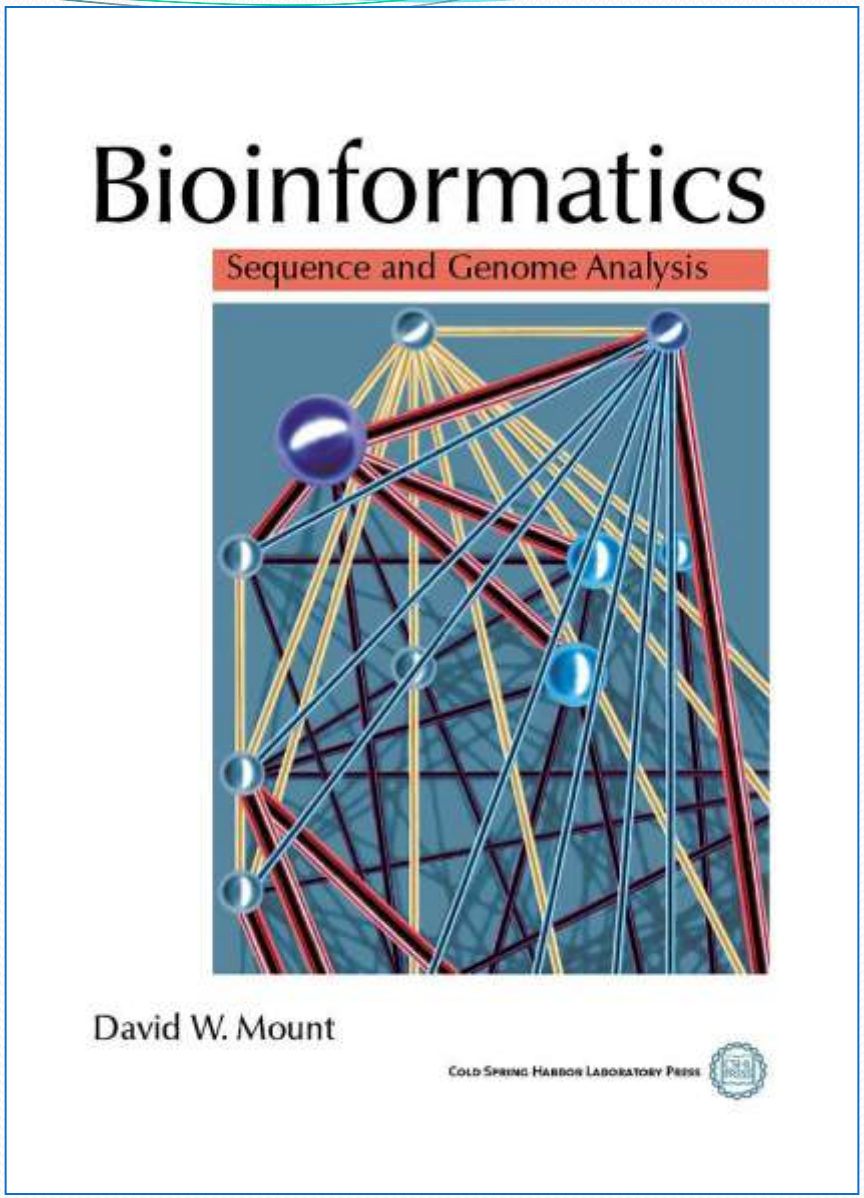
Компьютерные технологии в науке

Базы данных.
Инструменты поиска информации.


"An excellent book for beginners and occasional practitioners"
Reviewer, Journal of the American Medical Association
Bioinformatics
FOR
DUMMIES
2nd Edition
Updated to cover multiple new genomes and databases
A Reference for the Rest of Us!
FREE eTips at dummies.com
Jean-Michel Claverie, PhD
Research Director, France's Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS)
Cedric Notredame, PhD
Professor of Bioinformatics, Switzerland's Lausanne University and the CNRS


Bioinformatics
Sequence and Genome Analysis
David W. Mount
Cold Spring Harbor Laboratory Press

- Все больше биологических данных, которые не публикуются обычным путем, а помещаются в базы данных с присвоением уникального идентификатора для ссылки при публикации.

- Данные от проектов по сиквенированию геномов могут даже и не иметь ссылок в журнальных публикациях. Тем не менее, такие базы данных являются очень важным инструментов для биологических исследований.

Биологические базы данных

- Биологические базы данных – это архивы согласованных данных, хранящихся в единой форме. Эти базы содержат данные широкого спектра разных областей молекулярной биологии.
-
- Очень важно, что они, как правило, доступны через интернет и оснащены интуитивно понятно интерфейсом для поиска информации.

Типы баз данных

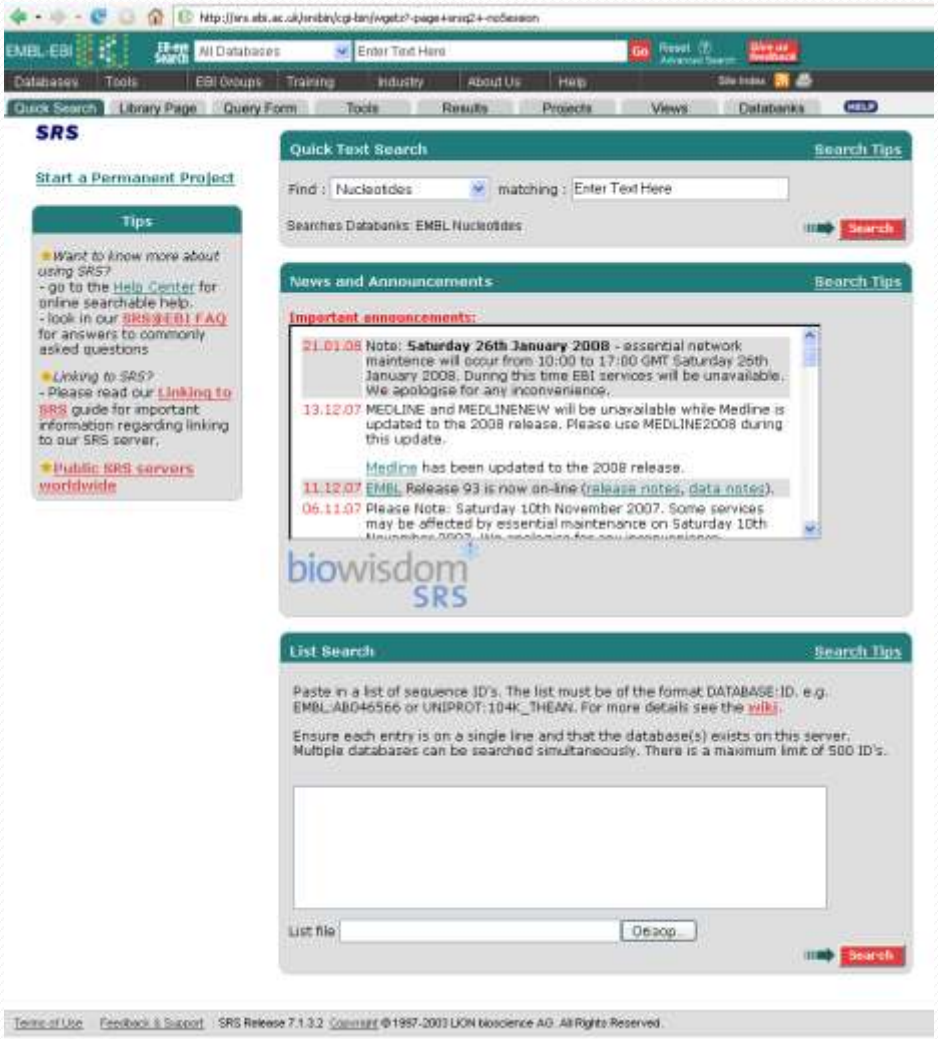
- Библиографические (MEDLINE)
- Таксономические
- Нуклеотидные
  - Нуклеотидные последовательности
  - Геномные
  - Microarray Databases
- Белковые
  - Аминокислотные последовательности
  - «Вторичные» базы
- Пространственных структур макромолекул

- Первичные или архивные базы данных содержат аннотированные первичные структуры ДНК и белков, пространственные структуры нуклеиновых кислот и белков, а также protein expression profiles – профили экспрессии генов белков клеток.

- Вторичные (derived) базы данных содержат результаты анализов первичных источников, включая информацию о специфичных мотивах в последовательностях (sequence patterns and motifs), вариантах и мутациях, а также эволюционных связях. К этим же базам данных можно причислить и библиографические базы данных, такие как Medline.

Существуют интегрированные системы для получения всей необходимой информации относительно объекта исследования

- SRS (Sequence Retrieval System) http://srs.ebi.ac.uk/ является достаточно мощной системой запросов, существующей при Европейском Биоинформационном Институте EBI.
- Обеспечивает информацией из более чем 150 гетерогенных источников.



Таксономические базы данных

Таксономическая база – классификация всех организмов

- http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/ - самая популярная база данных. Расположена при NCBI. Иерархическая и основанная на нуклеотидных последовательностях генов.
- Цель – централизовать классификацию всех организмов, представленных в базе хотя бы одной последовательностью гена или белка.
- Может быть использована для определения положения исследуемого организма в иерархии или для получения последовательностей генов данного организма или группы организмов.

Taxonomy browser
Archaea
Bacteria
Eukaryota
Viroids
Viruses

Taxonomy common tree

Taxonomy information

Taxonomy resources

Taxonomic advisors

Genetic codes

Taxonomy Statistics

Taxonomy Name/Id Status Report

Taxonomy FTP site

FAQs

How to reference the NCBI taxonomy database

How to create links to the NCBI taxonomy

How to create LinkOut links from the NCBI taxonomy

The NCBI Taxonomy Homepage

Taxonomy Tip of the Day

Did you know

that a small number of sequences extracted from extinct organisms have been deposited at GenBank? These include DNA from the Neanderthal man, the woolly mammoth, the saber-toothed cat, and several giant New Zealand birds (moas) among others. A more complete list of extinct organisms that are represented in the public sequence database can be found here.

These are direct links to some of the organisms commonly used in molecular research projects:

Arabidopsis thaliana	Escherichia coli	Pneumocystis carinii
Bos taurus	Hepatitis C virus	Rattus norvegicus
Caenorhabditis elegans	Homo sapiens	Saccharomyces cerevisiae
Chlamydomonas reinhardtii	Mus musculus	Schizosaccharomyces pombe
Danio rerio (zebrafish)	Mycoplasma pneumoniae	Takifugu rubripes
Dictyostelium discoideum	Oryza sativa	Xenopus laevis
Drosophila melanogaster	Plasmodium falciparum	Zea mays

Comments and questions to info@ncbi.nlm.nih.gov
Credits: Joe Bischoff, Mikhail Domrachev, Scott Federhen, Carol Hotton, Detlef Leipe, Vladimir Soussov, Richard Sternberg, Sean Turner.

Другие примеры таксономических баз данных:

- NEWT http://www.ebi.ac.uk/newt/
- The Tree of Life project http://tolweb.org/tree/phylogeny.html
- Species 2000 http://www.sp2000.org/
- International Organization for Plant Information http://iopi.csu.edu.au/iopi/
- Integrated Taxonomic Information System http://www.itis.usda.gov/itis/
- Таксономические базы достаточно противоречивы из-за различных взглядов на классификацию организмов

Нуклеотидные базы данных

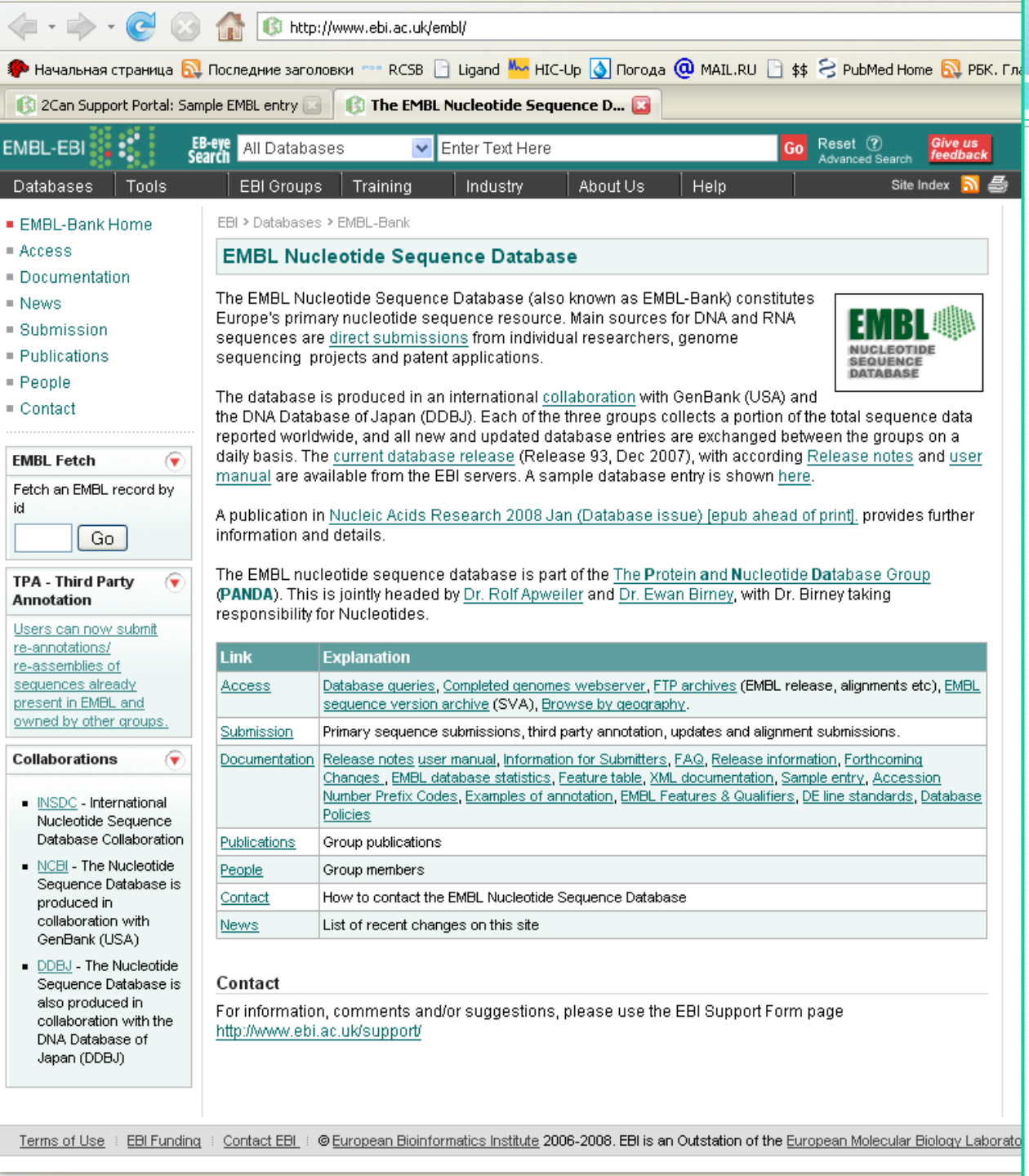
The International Nucleotide Sequence Database Collaboration

http://www.insdc.org/

1. EMBL-Bank at the European Bioinformatics Institute (EBI) http://www.ebi.ac.uk/embl/index.html
2. The DNA Data Bank of Japan (DDBJ) at the Center for Information Biology (CIB) http://www.ddbj.nig.ac.jp/
3. GenBank at the National Center for Biotechnology Information (NCBI) http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/

EMBL-Bank at the European Bioinformatics Institute (EBI) http://www.ebi.ac.uk/embl/index.html

- В Европе большая часть нуклеотидных последовательностей помещается в EMBL Nucleotide Sequence Database располагаемый при Европейском Биоинформационном Институте в Кембридже (Великобритания)



Каждая запись в банке имеет уникальных идентификатор (***accession number***), который может указываться при публикации статей. Кроме того, запись может иметь номер версии, в случае если обнаружена ошибка.

Поскольку за каждую запись отвечает свой собственный автор, то достаточно часто встречаются ошибки в наименовании, могут быть загрязнены, неполны, неправильно аннотированы, содержать ошибки чтения.

GenBank at the National Center for Biotechnology Information (NCBI) http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/

- Наиболее известная база данных GenBank при Национальном центре Биотехнологической Информации (США)

NCBI

National Center for Biotechnology Information

National Library of Medicine National Institutes of Health

PubMed All Databases BLAST OMIM Books TaxBrowser Structure

Search All Databases for Go

SITE MAP
Alphabetical List
Resource Guide

About NCBI
An introduction to NCBI

GenBank
Sequence submission support and software

Literature databases
PubMed, OMIM, Books, and PubMed Central

Molecular databases
Sequences, structures, and taxonomy

Genomic biology
The human genome, whole genomes, and related resources

Tools
Data mining

Research at NCBI
People, projects, and seminars

What does NCBI do?

Established in 1988 as a national resource for molecular biology information, NCBI creates public databases, conducts research in computational biology, develops software tools for analyzing genome data, and disseminates biomedical information - all for the better understanding of molecular processes affecting human health and disease.
More...

1 Billion Live Traces

The Trace Archive of sequencing traces has reached 1 billion live traces from over 480 organisms. For more information about the Trace Archive database click here.

NCBI Bookshelf

Five new medical textbooks are available on the NCBI Bookshelf. Topics include epilepsy, Parkinson's disease, alternative medicine, rehabilitation, and spinal cord medicine. Search these books and many more in the Entrez Books database here.

PubMed Central

An archive of life sciences journals

- Free fulltext
- Over 500,000 articles from over 200 journals
- Linked to PubMed and fully searchable

Use of PubMed Central requires no registration or fee. Access it from any computer with an Internet connection.

Hot Spots

- Assembly Archive
- Clusters of orthologous groups
- Coffee Break, Genes & Disease, NCBI Handbook
- Electronic PCR
- Entrez Home
- Entrez Tools
- Gene expression omnibus (GEO)
- Human genome resources
- Malaria genetics & genomics
- Map Viewer
- dbMHC
- Mouse genome resources
- My NCBI
- ORF finder
- Rat genome resources
- Reference

GenBank Overview

What is GenBank?

GenBank® is the NIH genetic sequence database, an annotated collection of all publicly available DNA sequences (*Nucleic Acids Research* 2004 Jan 1;32(1):23-6). There are approximately 37,893,844,733 bases in 32,549,400 sequence records as of February 2004 (see GenBank growth statistics). GenBank records are annotated using a standard set of biological terms and show these annotations in a Feature Table. As an example, you may view the record for a *Saccharomyces cerevisiae* gene. The complete release notes for the current version of GenBank are available. A new release is made every two months. GenBank is part of the International Nucleotide Sequence Database Collaboration, which comprises the DNA DataBank of Japan (DDBJ), the European Molecular Biology Laboratory (EMBL), and GenBank at NCBI. These three organizations exchange data on a daily basis.

Submissions to GenBank

Many journals require submission of sequence information to a database prior to publication so that an accession number may appear in the paper. NCBI has a WWW form, called BankIt, for convenient and quick submission of sequence data. Sequin, NCBI's stand-alone submission software for MAC, PC, and UNIX platforms, is also available by FTP. When using Sequin, the output files for direct submission should be sent to GenBank by electronic mail.

GenBank Flat File Format

Click on any link in this sample record to see a detailed description of that data element or field. All of the descriptions are included on this page, so it can be printed as a single document. You can also return to the Alphabetical Quicklinks Table or Resource Guide

```
LOCUS       SCU49845     5028 bp    DNA             PLN       21-JUN-1999
DEFINITION  Saccharomyces cerevisiae TCP1-beta gene, partial cds, and Axl2p
            (AXL2) and Rev7p (REV7) genes, complete cds.
ACCESSION   U49845
VERSION     U49845.1  GI:1293613
KEYWORDS    .
SOURCE      Saccharomyces cerevisiae (baker's yeast)
  ORGANISM  Saccharomyces cerevisiae
            Eukaryota; Fungi; Ascomycota; Saccharomycotina; Saccharomycetes;
            Saccharomycetales; Saccharomycetaceae; Saccharomyces.
REFERENCE   1  (bases 1 to 5028)
  AUTHORS   Torpey,L.E., Gibbs,P.E., Nelson,J. and Lawrence,C.W.
  TITLE     Cloning and sequence of REV7, a gene whose function is required for
            DNA damage-induced mutagenesis in Saccharomyces cerevisiae
  JOURNAL   Yeast 10 (11), 1503-1509 (1994)
  PUBMED    7871890
REFERENCE   2  (bases 1 to 5028)
  AUTHORS   Roemer,T., Madden,K., Chang,J. and Snyder,M.
  TITLE     Selection of axial growth sites in yeast requires Axl2p, a novel
            plasma membrane glycoprotein
  JOURNAL   Genes Dev. 10 (7), 777-793 (1996)
  PUBMED    8846915
REFERENCE   3  (bases 1 to 5028)
  AUTHORS   Roemer,T.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (22-FEB-1996) Terry Roemer, Biology, Yale University, New
            Haven, CT, USA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..5028
                     /organism="Saccharomyces cerevisiae"
                     /db_xref="taxon:4932"
                     /chromosome="IX"
                     /map="9"
     CDS             <1..206
                     /codon_start=3
                     /product="TCP1-beta"
                     /protein_id="AAA98665.1"
                     /db_xref="GI:1293614"
                     /translation="SSIYNGISTSGLDLNNGTIADMRQLGIVESYKLKRAVVSSASEA
                     AEVLLRVDNIIRARPRTANRQHM"
     gene            687..3158
                     /gene="AXL2"
     CDS             687..3158
```

Submissions to GenBank

Many journals require submission of sequence information to a database prior to publication so that an accession number may appear in the paper. NCBI has a WWW form, called BankIt, for convenient and quick submission of sequence data. Sequin, NCBI's stand-alone submission software for MAC, PC, and UNIX platforms, is also available by FTP. When using Sequin, the output files for direct submission should be sent to GenBank by electronic mail.

There are specialized, streamlined procedures for batch submissions of sequences, such as EST, STS, and HTG sequences.

Updating or Revising a Sequence

Revisions or updates to GenBank entries can be made at any time and can be accepted as BankIt or Sequin files or as the text of an e-mail message. Click on the link for more information about updating information on GenBank records.

Access to GenBank

GenBank is available for searching at NCBI via several methods.

The GenBank database is designed to provide and encourage access within the scientific community to the most up to date and comprehensive DNA sequence information. Therefore, NCBI places no restrictions on the use or distribution of the GenBank data. However, some submitters may claim patent, copyright, or other intellectual property rights in all or a portion of the data they have submitted. NCBI is not in a position to assess

Searching GenBank

Text and Similarity Searching

Entrez Browser
GenBank (nucleotides and proteins), PubMed (MEDLINE), 3D structures, genomes, and PopSet databases. GenBank nucleotide records are found in the divisions CoreNucleotide, dbEST or dbGSS. Entrez queries can search these three databases together or separately.

BLAST Sequence Similarity Searching
Nucleotide or protein query sequences against the specified database using the BLAST suite of algorithms. GenBank nucleotide records are located in separate databases that must be searched independently. These include dbEST and dbGSS, plus multiple databases for the CoreNucleotide division, including nr, htgs, wgs and env_nt. See the BLAST info page for more information about the numerous BLAST databases.

dbEST Searching
dbEST (Database of Expressed Sequence Tags).

dbSTS Searching
dbSTS (Database of Sequence Tagged Sites).

dbGSS Searching
dbGSS (Database of Genome Survey Sequences).

Information about Access to GenBank

Network Client/Server Applications
Network BLAST

NCBI

Entrez, The Life Sciences Search Engine

HOME | SEARCH | SITE MAP | PubMed | All Databases | Human Genome | GenBank | Map Viewer | BLAST

Search across databases [ ] GO CLEAR Help

Welcome to the Entrez cross-database search page

- **PubMed:** biomedical literature citations and abstracts
- **PubMed Central:** free, full text journal articles
- **Site Search:** NCBI web and FTP sites
- **Books:** online books
- **OMIM:** online Mendelian Inheritance in Man
- **OMIA:** online Mendelian Inheritance in Animals

- **Nucleotide:** sequence database (GenBank)
- **Protein:** sequence database
- **Genome:** whole genome sequences
- **Structure:** three-dimensional macromolecular structures
- **Taxonomy:** organisms in GenBank
- **SNP:** single nucleotide polymorphism
- **Gene:** gene-centered information
- **HomoloGene:** eukaryotic homology groups
- **PubChem Compound:** unique small molecule chemical structures
- **PubChem Substance:** deposited chemical substance records
- **Genome Project:** genome project information
- **UniGene:** gene-oriented clusters of transcript sequences
- **CDD:** conserved protein domain database
- **3D Domains:** domains from Entrez Structure
- **UniSTS:** markers and mapping data
- **PopSet:** population study data sets
- **GEO Profiles:** expression and molecular abundance profiles
- **GEO DataSets:** experimental sets of GEO data
- **Cancer Chromosomes:** cytogenetic databases
- **PubChem BioAssay:** bioactivity screens of chemical substances
- **GENSAT:** gene expression atlas of mouse central nervous system
- **Probe:** sequence-specific reagents

- **Journals:** detailed information *about* the journals indexed in PubMed and other Entrez databases
- **NLM Catalog:** catalog of books, journals, and audiovisuals in the NLM collections
- **MeSH:** detailed information about NLM's controlled vocabulary

Enter terms and click 'GO' to run the search against ALL the databases, OR
Click Database Name or Icon to go directly to the Search Page for that database, OR
Click Question Mark for a short explanation of that database.

Entrez Nucleotide - Mozilla Firefox

Файл Правка Вид Переход Закладки Инструменты Справка

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?db=Nucleotide

Перейти sincris

Acta Ferra iXBT.com USN MAIL HIC-Up PubMed THG ОЛДИ Прогноз РБК

NCBI

Entrez Nucleotide

My NCBI [Sign In] [Register]

All Databases | PubMed | Nucleotide | Protein | Genome | Structure | PMC | Taxonomy | Books

Search Nucleotide

16S rRNA Thermus thermophilus

About Entrez

Entrez Nucleotide

Help | FAQ

Entrez Tools

Check sequence revision history

LinkOut

My NCBI

Related resources

BLAST

Reference sequence project

Search for Genes

Submit to GenBank

Search for full length cDNAs

The Entrez Nucleotides database is a collection of sequences from several sources, including GenBank, RefSeq, and PDB. The number of bases in these databases continues to grow at an exponential rate. As of June 2005, there are over 89 billion bases in GenBank and RefSeq alone.

Human Genome

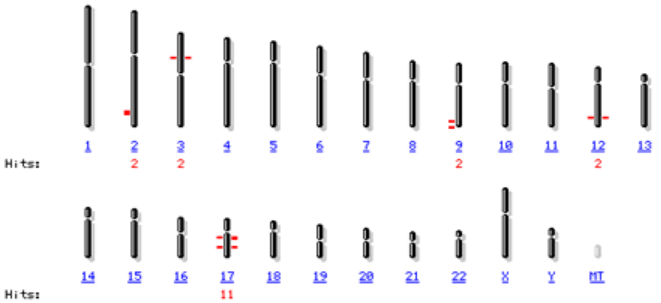
Explore human genome resources or browse the human genome sequence using the Map Viewer.

Building the human genome

The Human Genome Reference DNA Sequence was completed in April 2003. The current version is listed as a build number on the Genome View page and includes an accompanying set of statistics and release notes.

Homo sapiens genome view

build 35 version 1 statistics



The chromosomal locations of several genes believed to be associated with the human BRCA1 gene implicated in breast cancer, highlighted using the Map Viewer query "BRCA1" (build 35).

Disclaimer | Write to the Help Desk

NCBI | NLM | NIH

Готово

NCBI

Nucleotide

About Entrez

Entrez Nucleotide
Help | FAQ

Entrez Tools

Check sequence revision history

LinkOut

My NCBI

Related resources
BLAST

Reference sequence project

Search for Genes

Submit to GenBank

Search for full length cDNAs

Items 41 - 59 of 59

Previous Page 3 of 3

41: AY554280 Reports Links
Thermus thermophilus 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
gi|45385854|gb|AY554280.1|[45385854]

42: AY497773 Reports Links
Thermus thermophilus 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
gi|40744587|gb|AY497773.1|[40744587]

43: 1KUQB Reports Links
Chain B, Crystal Structure Of T3c Mutant S15 Ribosomal Protein In Complex With 16s Rrna
gi|33357250|pdb|1KUQ|B[33357250]

44: X58342 Reports Links
T.thermophilus 16S ribosomal RNA, part
gi|48243|emb|X58342.1|TTHE16S[48243]

45: X58341 Reports Links
T.flavus 16S ribosomal RNA, part
gi|48149|emb|X58341.1|TFLA16S[48149]

46: AJ251938 Reports Links
Thermus thermophilus 16S rRNA gene, strain CS
gi|6901428|emb|AJ251938.1|TTH251938[6901428]

47: 1EG0O Reports Links
Chain O, Fitting Of Components With Known Structure Into An 11.5 A Cryo-Em Map Of The E.Coli 70s Ribosome
gi|7245465|pdb|1EG0|O[7245465]

48: 1EG0M Reports Links
Chain M, Fitting Of Components With Known Structure Into An 11.5 A Cryo-Em Map Of The E.Coli 70s Ribosome
gi|7245464|pdb|1EG0|M[7245464]

49: 1EG0L Reports Links
Chain L, Fitting Of Components With Known Structure Into An 11.5 A Cryo-Em Map Of The E.Coli 70s Ribosome
gi|7245463|pdb|1EG0|L[7245463]

1: AJ251938. Reports Thermus thermophi...[gi:6901428] Links

Features Sequence

```
LOCUS       TTH251938               1477 bp    DNA     linear   BCT 19-APR-2002
DEFINITION  Thermus thermophilus 16S rRNA gene, strain CS.
ACCESSION   AJ251938
VERSION     AJ251938.1  GI:6901428
KEYWORDS    16S ribosomal RNA; 16S rRNA gene.
SOURCE      Thermus thermophilus
  ORGANISM  Thermus thermophilus
            Bacteria; Deinococcus-Thermus; Deinococci; Thermales; Thermaceae;
            Thermus.
REFERENCE   1
  AUTHORS   Lyon,P.F., Beffa,T., Blanc,M., Auling,G. and Aragno,M.
  TITLE     Isolation and characterization of highly thermophilic xylanolytic
            Thermus thermophilus strains from hot composts
  JOURNAL   Can. J. Microbiol. 46 (11), 1029-1035 (2000)
   PUBMED   11109491
REFERENCE   2  (bases 1 to 1477)
  AUTHORS   Lyon,P.F.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (16-DEC-1999) Lyon P.F., Microbiology Laboratory,
            University of Neuchatel, Case Postale 2, 2007 Neuchatel,
            SWITZERLAND
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..1477
                     /organism="Thermus thermophilus"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /strain="CS"
                     /db_xref="taxon:274"
                     /country="Switzerland"
                     /note="isolate from hot composts"
     gene            8..1477
                     /gene="16S rRNA"
     rRNA            8..1477
                     /gene="16S rRNA"
                     /product="16S ribosomal RNA"
ORIGIN
        1 agagtttgat catggctcag ggtgaacgct ggcggcgtgc ctaagacatg caagtcgtgc
       61 gggccgcggg gttttactcc gtggtcagcg gcggacgggt gaataacgcg tgggtgacct
      121 acccggaaga gggggacaac ccgggggaaac tcgggctaat cccccatgtg gacccgcccc
      181 ttggggtgtg tccaaagggc tttgcccgct tccggatggg cccgcgtccc atcagctagt
      241 tggtggggta atggcccacc aaggcgacga cgggtagccg gcctgagagg gtggccggcc
      301 acaggggcac tgagacacgg gccccactcc tacgggaggc agcagttagg aatcttccgc
      361 aatgggcgca agcctgacgg agcgacgccg cttggaggaa gaagcccttc ggggtgtaaa
      421 ctcctgaacc cgggacgaaa cccccgacga ggggactgac ggtaccgggg taatagcgcc
      481 ggccaactcc gtgccagcag ccgcggtaat acggagggcg cgagcgttac ccggattcac
      541 tgggcgtaaa gggcgtgtag gcggcctggg gcgtcccatg tgaaagacca cggctcaacc
      601 gtgggggagc gtgggatacg ctcaggctag acggtgggag agggtggtgg aattcccgga
      661 gtagcggtga aatgcgcaga taccgggagg aacgccgatg gcgaaggcag ccacctggtc
      721 cacccgtgac gctgaggcgc gaaagcgtgg ggagcaaacc ggattagata cccgggtagt
      781 ccacgcccta aacgatgcgc gctaggtctc tgggtctcct gggggccgaa gctaacgcgt
      841 taagcgcgcc gcctggggag tacggccgca aggctgaaac tcaaaggaat tgacgggggc
```

1: 1QD7A. Reports Chain A, Partial ...[gi:6137695] Links

Comment Features Sequence

```
LOCUS       1QD7_A                  271 bp    DNA     linear   BCT 09-JUL-1999
DEFINITION  Chain A, Partial Model For 30s Ribosomal Subunit.
ACCESSION   1QD7_A
VERSION     1QD7_A  GI:6137695
KEYWORDS    .
SOURCE      Thermus thermophilus
  ORGANISM  Thermus thermophilus
            Bacteria; Deinococcus-Thermus; Deinococci; Thermales; Thermaceae;
            Thermus.
REFERENCE   1  (bases 1 to 271)
  AUTHORS   Ramakrishnan,V. and White,S.W.
  TITLE     The structure of ribosomal protein S5 reveals sites of interaction
            with 16S rRNA
  JOURNAL   Nature 358 (6389), 768-771 (1992)
   PUBMED   1508272
REFERENCE   2  (bases 1 to 271)
  AUTHORS   Lindahl,M., Svensson,L.A., Liljas,A., Sedelnikova,I.A.,
            Eliseikina,I.A., Fomenkova,N.P., Nevskaya,N., Nikonov,S.V.,
            Garber,M.B., Muranova,T.A., Rykonova,A.I. and Amons,R.
  TITLE     Crystal structure of the ribosomal protein S6 from Thermus
            thermophilus
  JOURNAL   EMBO J. 13 (6), 1249-1254 (1994)
   PUBMED   8137808
REFERENCE   3  (bases 1 to 271)
  AUTHORS   Jaishree,T.N., Ramakrishnan,V. and White,S.W.
  TITLE     Solution structure of prokaryotic ribosomal protein S17 by
            high-resolution NMR spectroscopy
  JOURNAL   Biochemistry 35 (9), 2845-2853 (1996)
   PUBMED   8608120
REFERENCE   4  (bases 1 to 271)
  AUTHORS   Wimberly,B.T., White,S.W. and Ramakrishnan,V.
  TITLE     The structure of ribosomal protein S7 at 1.9 A resolution reveals a
            beta-hairpin motif that binds double-stranded nucleic acids
  JOURNAL   Structure 5 (9), 1187-1198 (1997)
   PUBMED   9331418
REFERENCE   5  (bases 1 to 271)
  AUTHORS   Clemons,W.M. Jr., Davies,C., White,S.W. and Ramakrishnan,V.
  TITLE     Conformational variability of the N-terminal helix in the structure
            of ribosomal protein S15
  JOURNAL   Structure 6 (4), 429-438 (1998)
   PUBMED   9562554
REFERENCE   6  (bases 1 to 271)
  AUTHORS   Nevskaya,N., Tishchenko,S., Nikulin,A., al-Karadaghi,S., Liljas,A.,
            Ehresmann,B., Ehresmann,C., Garber,M. and Nikonov,S.
  TITLE     Crystal structure of ribosomal protein S8 from Thermus thermophilus
            reveals a high degree of structural conservation of a specific RNA
            binding site
  JOURNAL   J. Mol. Biol. 279 (1), 233-244 (1998)
   PUBMED   9636713
REFERENCE   7  (bases 1 to 271)
```

NCBI

Entrez Nucleotide

My NCBI [Sign In] [Register]

All Databases | PubMed | Nucleotide | Protein | Genome | Structure | PMC | Taxonomy | Books

Search Nucleotide for Qbeta replicase Go Clear Save Search

Limits | Preview/Index | History | Clipboard | Details

Display Summary Show 20 Send to

All: 9 | bacteria: 3 | mRNA: 2 | RefSeq: 0

Show only records from: CoreNucleotide (9), EST (0), GSS (0). [What's this?]

Items 1 - 9 of 9 One page.

1: L07339 Reports Links
Synthetic RNA species SV7, replicated in vitro by QBeta replicase
gi|209413|gb|L07339.1|SYNSV7A[209413]

2: L07338 Reports Links
Synthetic RNA species SV5, replicated in vitro by Qbeta replicase
gi|209412|gb|L07338.1|SYNSV5A[209412]

3: E03191 Reports Links
DNA encoding HF-I(host factorI) of Q beta replicase
gi|2171408|dbj|E03191.1||pat|JP|1991255097|1[2171408]

4: X54505 Reports Links
E.coli RQ87-3 RNA
gi|297139|emb|X54505.1|ECRQ873[297139]

5: X54506 Reports Links
E.coli RQ223+1 RNA
gi|297138|emb|X54506.1|ECRQ2231[297138]

6: L07337 Reports Links
Synthetic RNA species SV11, replicated in vitro by Qbeta replicase
gi|209395|gb|L07337.1|SYNSV11A[209395]

7: M24871 Reports Links
Bacteriophage Q-beta nanovariant WSIII RNA
gi|215722|gb|M24871.1|PQBNVWSIC[215722]

8: M24870 Reports Links
Bacteriophage Q-beta nanovariant WSII RNA
gi|215721|gb|M24870.1|PQBNVWSIB[215721]

9: M24869 Reports Links
Bacteriophage Q-beta nanovariant WSI RNA

About Entrez
Entrez Nucleotide
Help | FAQ
Entrez Tools
Check sequence revision history
LinkOut
My NCBI
Related resources
BLAST
Reference sequence project
Search for Genes
Submit to GenBank
Search for full length cDNAs

1: E03191. Reports DNA encoding HF-I...[gi:2171408] Links

Comment Features Sequence

```
LOCUS       E03191                   309 bp    DNA     linear   PAT 29-SEP-1997
DEFINITION  DNA encoding HF-I(host factorI) of Q beta replicase.
ACCESSION   E03191
VERSION     E03191.1  GI:2171408
KEYWORDS    JP 1991255097-A/1.
SOURCE      Escherichia coli
  ORGANISM  Escherichia coli
            Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales;
            Enterobacteriaceae; Escherichia.
REFERENCE   1  (bases 1 to 309)
  AUTHORS   Kajitani,M., Ishihama,A. and Nakamura,H.
  TITLE     HOST FACTOR-I OF QBETA REPLICASE AND GENE CODING THE SAME
  JOURNAL   Patent: JP 1991255097-A 1 13-NOV-1991;
            TORAY IND INC
COMMENT     OS   Escherichia coli
            PN   JP 1991255097-A/1
            PD   13-NOV-1991
            PF   02-MAR-1990 JP 1990052273
            PI   KAJITANI MASAYUKI, ISHIHAMA AKIRA, NAKAMURA HARUJI PC
            C07K13/00,C12N15/31//C12P21/00,(C12N15/31,C12R1:19),(C12P21/00, PC
             C12R1:19);
            CC   strandedness: Double;
            CC   topology: Linear;
            CC   hypothetical: No;
            CC   anti-sense: No;
            CC   *source: clone=clone 3A1(625);
            FH   Key             Location/Qualifiers
            FH
            FT   CDS             1..309
            FT                   /product='HF-I(host factor I) of Q beta  FT
                                 replicase'.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1..309
                     /organism="Escherichia coli"
                     /mol_type="genomic DNA"
                     /db_xref="taxon:562"
ORIGIN
        1 atggctaagg ggcaatcttt acaagatccg ttcctgaacg cactgcgtcg ggaacgtgtt
       61 ccagtttcta tttatttggt gaatggtatt aagctgcaag ggcaaatcga gtcttttgat
      121 cagttcgtga tcctgttgaa aaacacggtc agccagatgg tttacaagca cgcgatttct
      181 actgttgtcc cgtctcgccc ggtttctcat cacagtaaca acgccggtgg cggtaccagc
      241 agtaactacc atcatggtag cagcgcgcag aatacttccg cgcaacagga cagcgaagaa
      301 accgaataa
//
```

- Нуклеотидные базы данных принимают информацию по последовательностям ДНК и предоставляют открытый доступ к ней.
- Доступ к приведенным базам данных бесплатный и возможен через интернет.
- DDBJ, GenBank и EMBL-Bank обмениваются информацией ежедневно, в результате чего содержат практически идентичную информацию.

Другие нуклеотидные базы

- Genomes Server (http://www.ebi.ac.uk/genomes/) – доступ к большому числу полных геномов
- UniGene (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/UniGene/) – база по кластерам генов, которая направлена на проблему избыточности последовательностей. Соединяет сиквенсы, которые достаточно близки .
- STACK (http://www.sanbi.ac.za/Dbases.html) - 'Sequence Tag Alignment and Consensus Knowledgebase' - схожая с предыдущей по задачам база
- EMBL-SVA (http://www.ebi.ac.uk/embl/sva/) - 'EMBL Sequence Version Archive' содержит ВСЕ записи с первого выпуска EMBL database. Содержит более чем 100 миллионов записей.

Специализированные

- RDP (http://rdp.cme.msu.edu/html/) - the 'Ribosomal Database Project' – обеспечивает информацией касательно рибосомы, включая анализ данных online, филогенетические деревья по рРНК, выравненные и аннотированные последовательности рРНК
- HIV-SD (http://hiv-web.lanl.gov/) - the 'HIV Sequence Database' собирает, курирует и аннотирует ДНК последовательности HIV и SIV; обеспечивает различными инструментами по анализу этих данных
- IMGT (http://www.ebi.ac.uk/imgt/) - the 'ImMunoGeneTics database' – специализируется на имуноглобулинах, Т-клеточных рецепторах и главном комплексе гистосовместимости (MHC) всех видов позвоночных

Специализированные

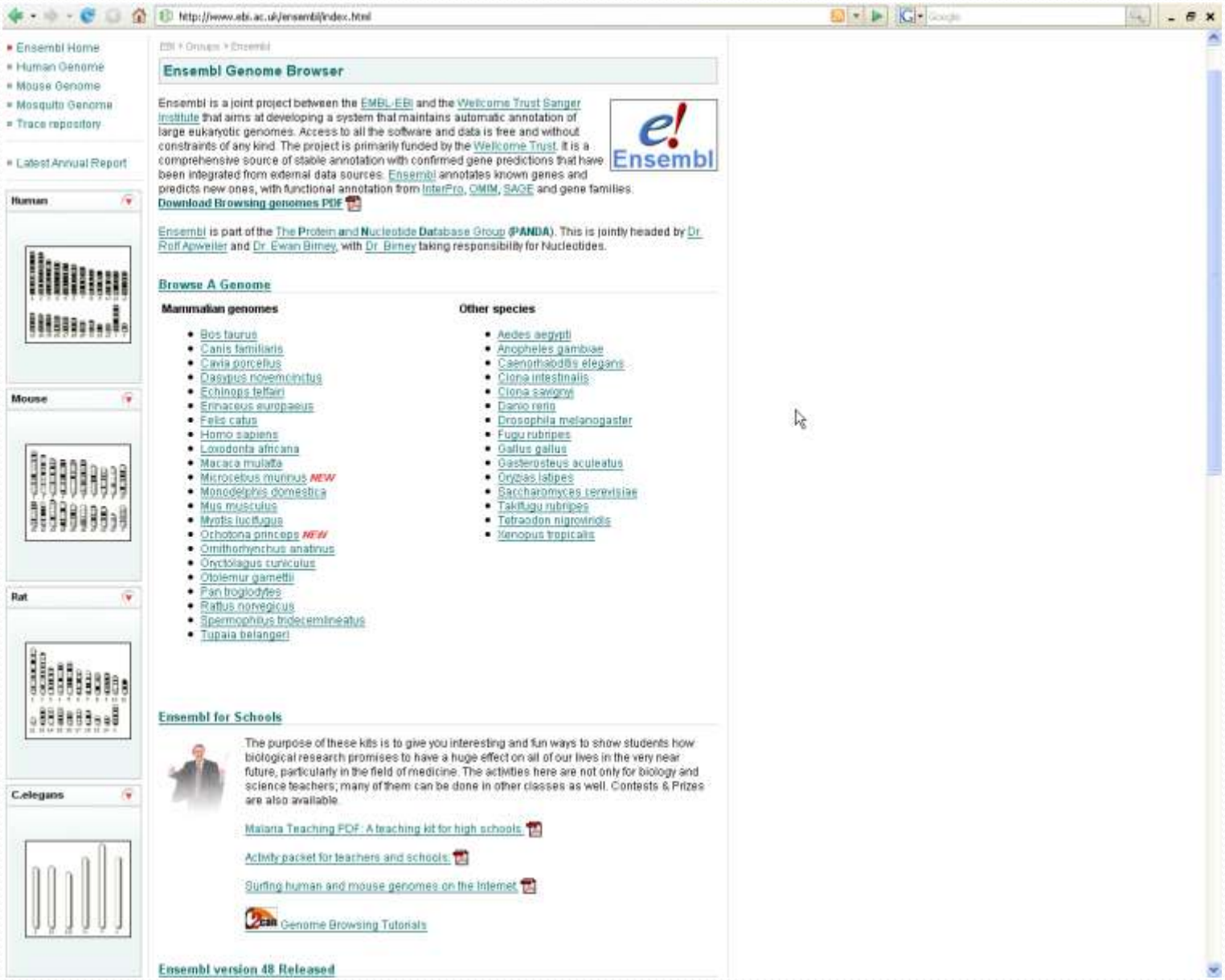
- TRANSFAC (http://transfac.gbf.de/TRANSFAC/) – содержит данные по ДНК транскрипционных факторов и связывающих их участков
- EPD (http://www.epd.isb-sib.ch/) - the 'Eukaryotic Promoter Database' - аннотированная коллекция эукариотических POL II промоторов, для которых экспериментально определен стартовый сайт транскрипции
- REBASE (http://rebase.neb.com/rebase/) – база по ферментам рестрикции и сайтам рестрикции
- GOBASE (http://megasun.bch.umontreal.ca/gobase/gobase.html) специализированная база по геномам органелл

Геномные базы данных

- Геномные базы значительно различаются по форме и содержанию.
- Для наиболее важных и интересных с точки зрения генетики организмов существуют опубликованные каталоги генов и мутаций в них. В последние годы многие каталоги переведены в электронную форму.
- Кроме того, создано много новых баз отличающихся по подборке генов и способе представления информации.

- Genomes Server http://www.ebi.ac.uk/genomes/ – доступ к геномам различных организмов
- Proteome Analysis http://www.ebi.ac.uk/proteome/index.html – база данных с упором на статистический и сравнительный анализ предсказанных протеомов полностью сиквенированных организмов
- Ensembl http://www.ebi.ac.uk/ensembl/index.html – совместный проект EBI и Wellcome Trust Sanger Institute, созданный с целью разработки системы, которая поддерживает автоматическое аннотирование больших эукариотических геномов. Представляет постоянно обновляемую базу с автоматическим аннотированием геномов многоклеточных. Доступны человек, мышь, крыса, рыба фугу, zebrafish, комар, *Drosophila*, *C. elegans* и *C. briggsae*.

Ensembl http://www.ebi.ac.uk/ensembl/index.html



Proteome Analysis http://www.ebi.ac.uk/proteome/index.html

http://www.ebi.ac.uk/integr8/EBI-Integr8-HomePage.do

EMBL-EBI | EB-eye Search | All Databases | Enter Text Here | Go | Reset | Advanced Search | Give us feedback

Databases | Tools | EBI Groups | Training | Industry | About Us | Help | Site Index

- Home
- local help

- Integr8 News
- Focal Point archive
- Latest Species

- Browse Species

- Inquisitor
  - status

- BioMart
- Proteomes and Genomes FASTA

- About Integr8
- Publications
- Integr8 Web service

Genome Reviews

Curated versions of EMBL entries for complete genome sequences

IPI

A top-level guide to the main databases that describing higher eukaryotic proteomes

EBI > Databases > Integr8

Integr8 : Access to complete genomes and proteomes

Search for species Go! e.g. "coli", "9606" **Search for gene/protein** in all species Go! e.g. "ras1", "P22981", "GO:0007257", "GO:mitosis"

scope ***Bacteria, Archaea, Eukaryota*** Change scope

The **Integr8** web portal provides easy access to integrated information about deciphered genomes and their corresponding proteomes. Available data includes DNA sequences (from databases including the EMBL Nucleotide Sequence Database, Genome Reviews, and Ensembl); protein sequences (from databases including the UniProt Knowledgebase and IPI); statistical genome and proteome analysis (performed using InterPro, CluSTr, and GOA); and information about orthology, paralogy, and synteny.

Integr8 data can also be accessed via the Integr8 FTP site.

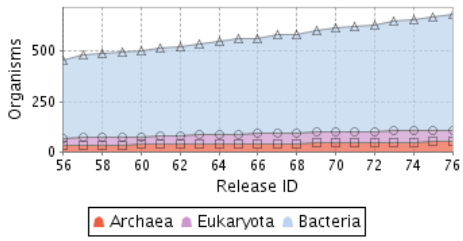
New to Integr8? The user guide will show you how to make the most of the data provided by Integr8. Alternatively, you may choose to start browsing the data. We value your feedback! Please send us your comments.

News | Current Status | Focal Point

Full access to proteome analysis data from over 450 completely sequenced bacteria has now been made available through Integr8. Data available include gene and protein sets, Genome Reviews files, and InterPro-based proteome analysis. See the Focal Point article from release 74 to find out more.

Putative **O**rthologous **C**lusters have been made available via the Integr8 FTP site. These clusters, derived from protein similarity data available in the CluSTr database, identify putative orthologues over more than 500 cellular species, such that each gene is a member of a single group, and that each group contains no more than one (non-identical) gene from any species. For more information, see the PORC README file, which explains how the PORC clusters are calculated and how to access the data.

History | Latest species | GAS top 10



Funding

Integr8 has been funded by the European Commission: from March 2006 - February 2009 under FELICS, contract number 021902 (RII3) within the Research Infrastructure Action of the FP6 "Structuring the European Research Area" Programme, and from January 2002 - June 2005 as the TEMBLOR, contract number QLRI-CT-2001-00015 under the RTD programme "Quality of Life and Management of Living Resources"

Proteome Analysis http://www.ebi.ac.uk/proteome/index.html

http://www.ebi.ac.uk/integr8/EBI-Integr8-HomePage.do

EMBL-EBI | EB-eye Search | All Databases | Enter Text Here | Go | Reset | Advanced Search | Give us feedback

Databases | Tools | EBI Groups | Training | Industry | About Us | Help | Site Index

- Home
- local help

- Integr8 News
- Focal Point archive
- Latest Species

- Browse Species

- Inquisitor
  - status

- BioMart
- Proteomes and Genomes FASTA

- About Integr8
- Publications
- Integr8 Web service

Genome Reviews

Curated versions of EMBL entries for complete genome sequences

IPI

A top-level guide to the main databases that describing higher eukaryotic proteomes

EBI > Databases > Integr8

Integr8 : Access to complete genomes and proteomes

Search for species Go! e.g. "coli", "9606" **Search for gene/protein** in all species Go! e.g. "ras1", "P22981", "GO:0007257", "GO:mitosis"

scope ***Bacteria, Archaea, Eukaryota*** Change scope

The **Integr8** web portal provides easy access to integrated information about deciphered genomes and their corresponding proteomes. Available data includes DNA sequences (from databases including the EMBL Nucleotide Sequence Database, Genome Reviews, and Ensembl); protein sequences (from databases including the UniProt Knowledgebase and IPI); statistical genome and proteome analysis (performed using InterPro, CluSTr, and GOA); and information about orthology, paralogy, and synteny.

Integr8 data can also be accessed via the Integr8 FTP site.

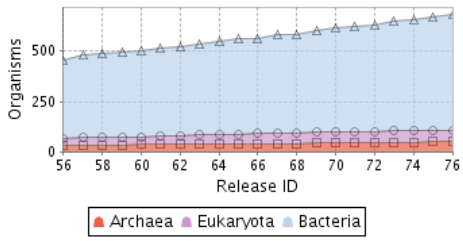
New to Integr8? The user guide will show you how to make the most of the data provided by Integr8. Alternatively, you may choose to start browsing the data. We value your feedback! Please send us your comments.

News | Current Status | Focal Point

Full access to proteome analysis data from over 450 completely sequenced bacteria has now been made available through Integr8. Data available include gene and protein sets, Genome Reviews files, and InterPro-based proteome analysis. See the Focal Point article from release 74 to find out more.

Putative **O**rthologous **C**lusters have been made available via the Integr8 FTP site. These clusters, derived from protein similarity data available in the CluSTr database, identify putative orthologues over more than 500 cellular species, such that each gene is a member of a single group, and that each group contains no more than one (non-identical) gene from any species. For more information, see the PORC README file, which explains how the PORC clusters are calculated and how to access the data.

History | Latest species | GAS top 10



Funding

Integr8 has been funded by the European Commission: from March 2006 - February 2009 under FELICS, contract number 021902 (RII3) within the Research Infrastructure Action of the FP6 "Structuring the European Research Area" Programme, and from January 2002 - June 2005 as the TEMBLOR, contract number QLRI-CT-2001-00015 under the RTD programme "Quality of Life and Management of Living Resources"

- Karyn's Genomes (http://www.ebi.ac.uk/2can/genomes/index.html) - предоставляет общую информацию об организмах, чьи геномы полностью сиквенированы. Основная задача сервера – обеспечить лаконичное почему важен полный геном данного организма.
- WormBase (http://www.wormbase.org/) – хранилище информации по картированию, сиквенированию и фенотипам *C. elegans* и некоторых других нематод.
- FlyBase (http://flybase.bio.indiana.edu/) – база для *Drosophila melanogaster* .
- MGD (http://www.informatics.jax.org/) – the 'Mouse Genome Database'
- RGD (http://rgd.mcw.edu/) - the 'Rat Genome Database'
- SGD (http://genome-www.stanford.edu/Saccharomyces/) - the 'Saccharomyces Genome Database'

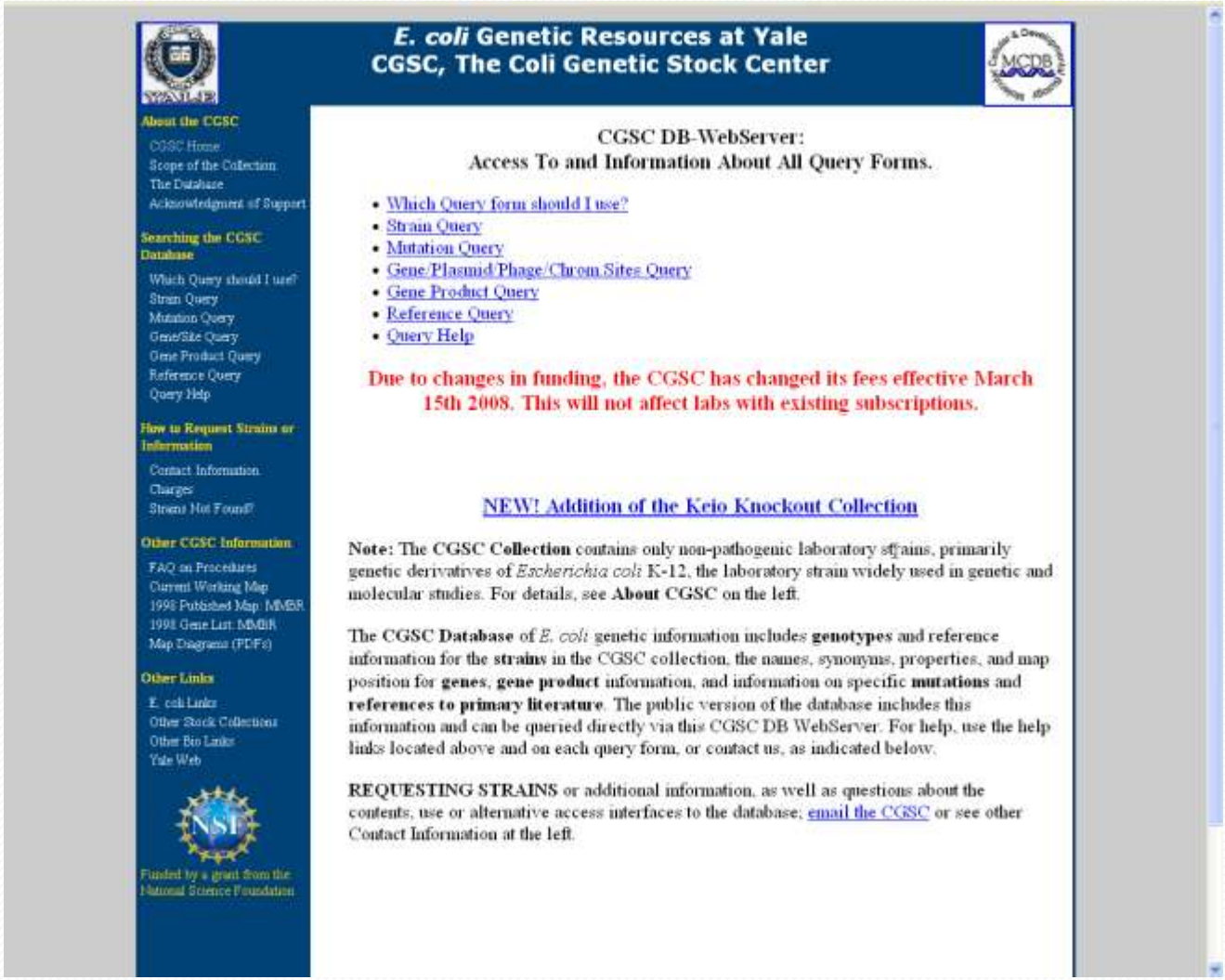
- MIPS (http://www.mips.biochem.mpg.de/proj/yeast/)
  база по геному дрожжей
- SPGP (http://www.sanger.ac.uk/Projects/S_pombe/)
  - 'S. Pombe Genome Project' основанный при Sanger Institute. База по грибку *Schizosaccharomyces pombe*.
- AceDB (http://www.acedb.org/)
  - база по генетической информации *Caenorhabditis elegans*. Система управления этой базой очень популярна и легла в основу многих других баз данных. Одноименное название базы и системы управления базой AceDB привело к некоторой путанице среди баз данных по *C.elegans*.
- HIV-SD (http://hiv-web.lanl.gov/content/hiv-db/mainpage.html)
  - 'HIV Sequence Database' собирает, курирует и аннотирует ДНК последовательности HIV и SIV

Базы данных по *E.coli*

- The '*E. coli* Genetic Stock Center' (CGSC) http://cgsc.biology.yale.edu/top.html поддерживает базу по генетической информации, включая генотипы, информацию по штаммам, названиям генов, продуктам генов и специфическим мутациям
- The '*E. coli* Database collection' (ECDC) http://www.uni-giessen.de/~gx1052/ECDC/ecdc.htm курирует основанную на последовательностях генов базу по *E. coli*.
- EcoCyc (http://ecocyc.org/) 'Encyclopedia of *E. coli* Genes and Metabolism' - база по генам *E. coli* и метаболическим путям.

The '*E. coli* Genetic Stock Center' (CGSC)

http://cgsc.biology.yale.edu/top.html



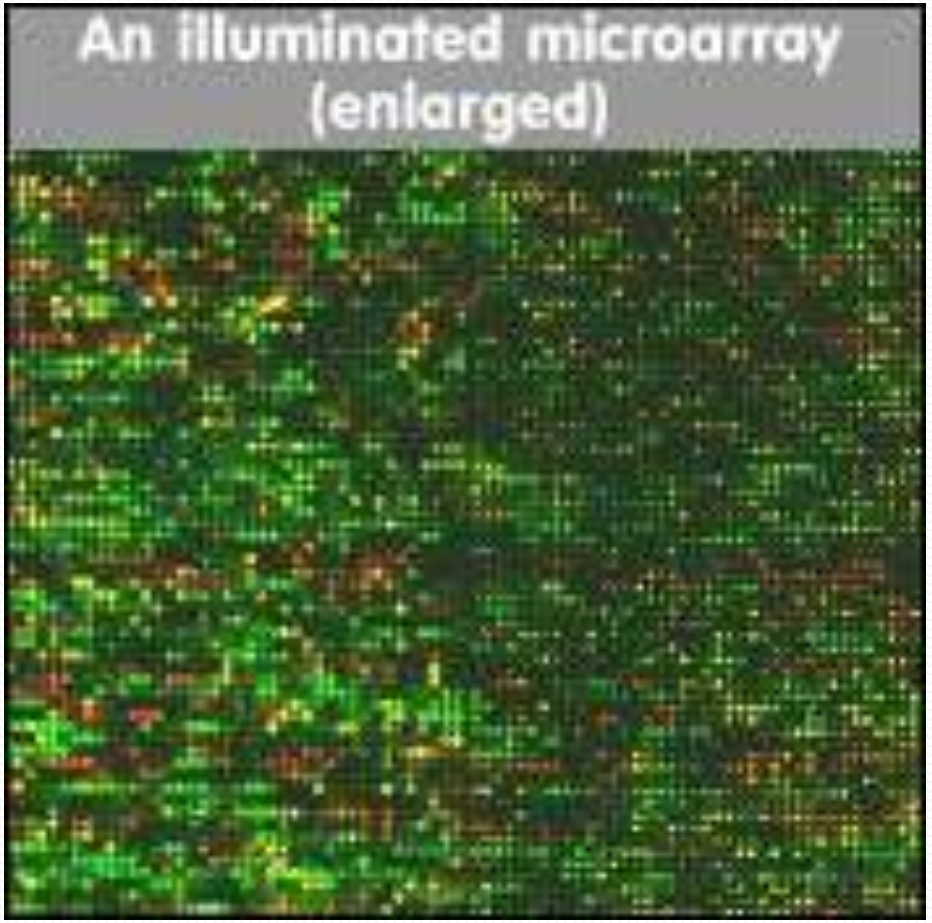
Базы геномов растений

- MaizeDB (http://www.agron.missouri.edu/)
- The 'Plant Genome Information Resource' (PGDIC) http://www.nal.usda.gov/pgdic/
  доступ к базам геномов многих растений, включая хлопок, люцерна, пшеница, ячмень, рожь, рис, просо, сорго, пасленовые и деревья
- MENDEL (http://www.mendel.ac.uk/)
  обширная база данных по генам растений

Microarray Databases

Что такое microarray?

- Microarray – это другое название «биочипа»
- «Биочип» - маленькая пластинка из стекла или кремния с нанесенным матрицей биомолекул, используемых в качестве биосенсора
- array – матрица или таблица



Что такое microarray?

- В основе технологии классических биочипов лежит процесс связывания комплементарных одноцепочечных последовательностей нуклеиновых кислот.
- Технология биочипов позволяет использовать информацию, полученную при выполнении геномных проектов, для получения ответов *какие гены экспрессируются в данных типах клеток в заданное время при определенных условиях*.
  - Биочипы позволяют сравнивать экспрессию генов в нормальных клетках и больных (например раковых).
- Данная технология имеет несколько названий:
  - DNA microarrays, DNA arrays, DNA chips, gene chips и другие.
  - Иногда эти технологии разделяют, но по сути это синонимы.

Биочип – обычно стеклянная пластина на которую наносятся молекулы ДНК .

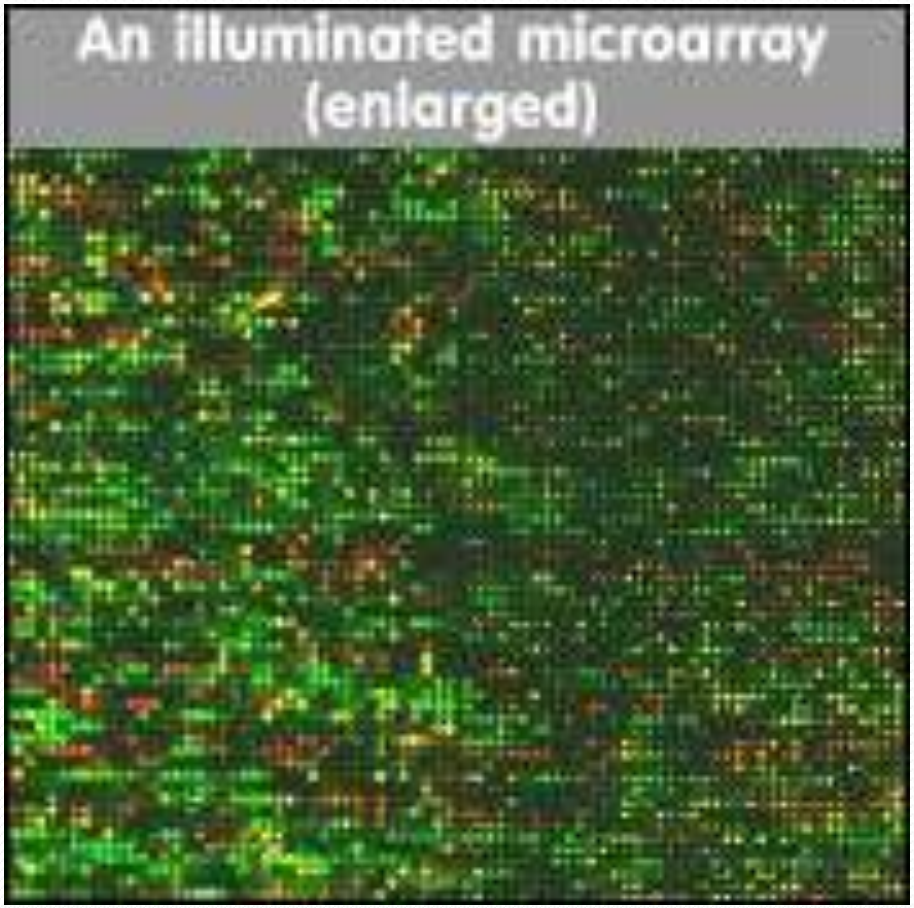
Количество пятен – от *тысяч* до *сотен тысяч*.

Каждое пятно содержит идентичные молекулы ДНК длиной от *20* до *сотен* нуклеотидов.

Для исследования экспрессии генов каждая молекула ДНК должна в идеале идентифицировать один ген или экзон генома, что не всегда выполнимо из-за семейств сходных генов.

В 1997 г. были доступны биочипы содержащие примерно 6000 генов из генома дрожжей.

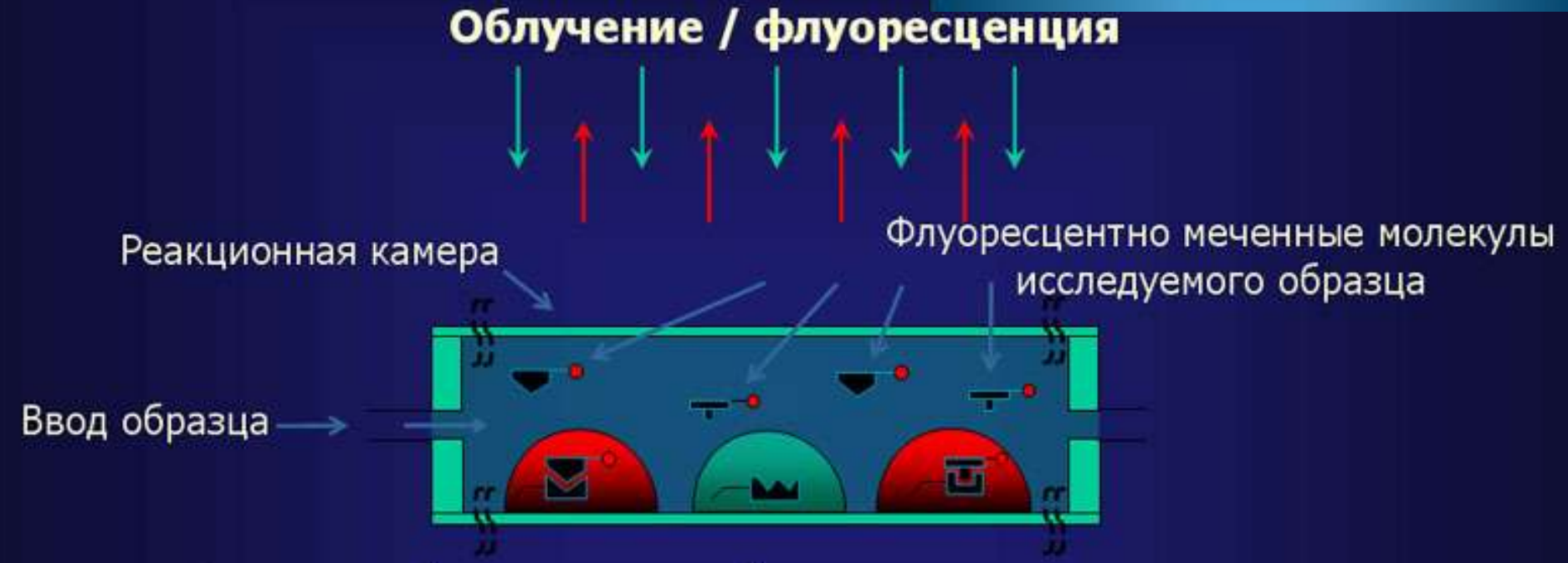
Пятна на биочип наносятся роботом, либо синтезируются фотолитографией (как и компьютерные чипы), либо «чернильной» печатью.



~2.5 см
пятно ~0.1 мм

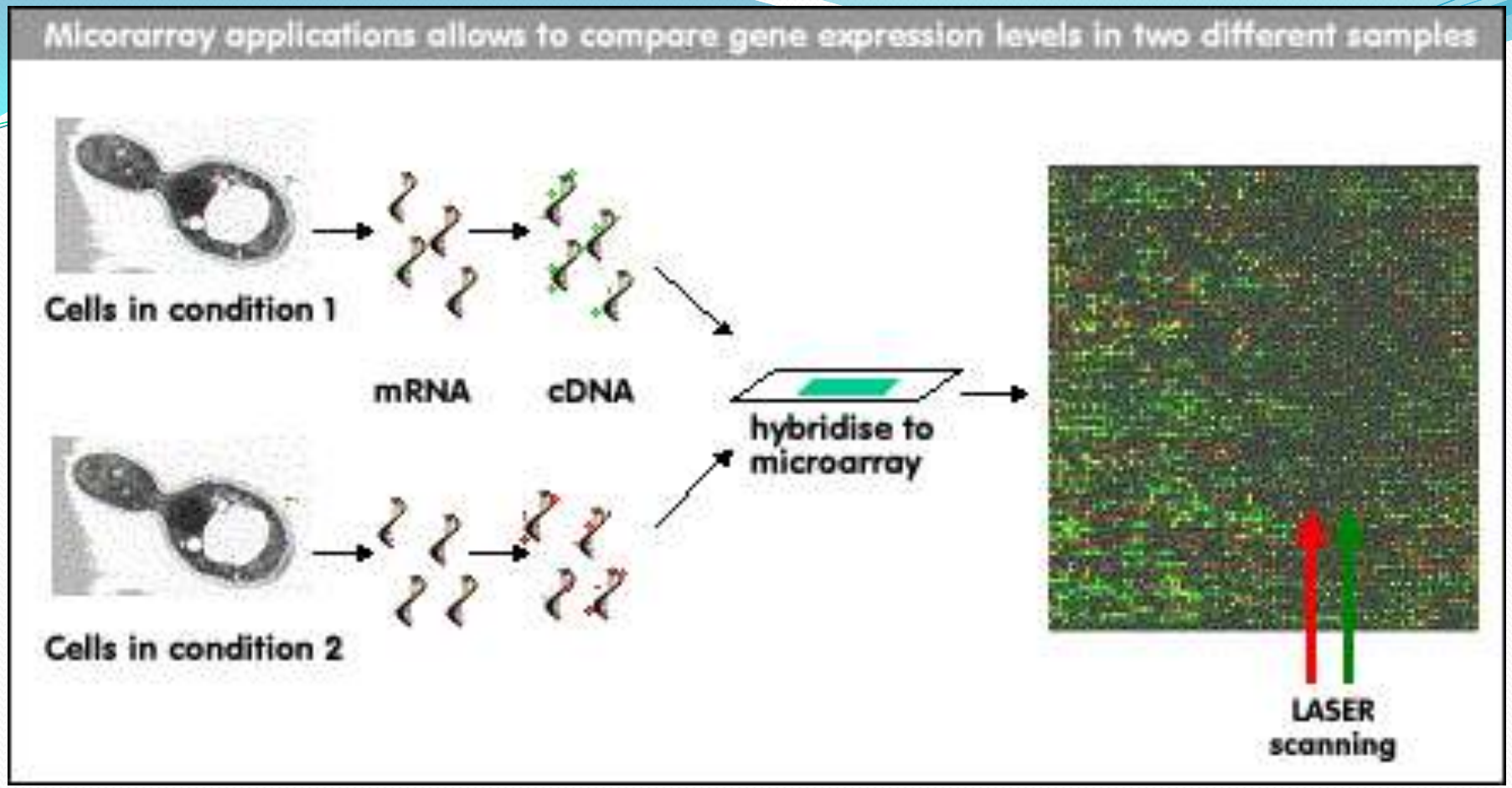
Принцип работы биочипа

Институт молекулярной биологии РАН им. В.А. Энгельгардта



Элементы биочипа с иммобилизованными молекулами

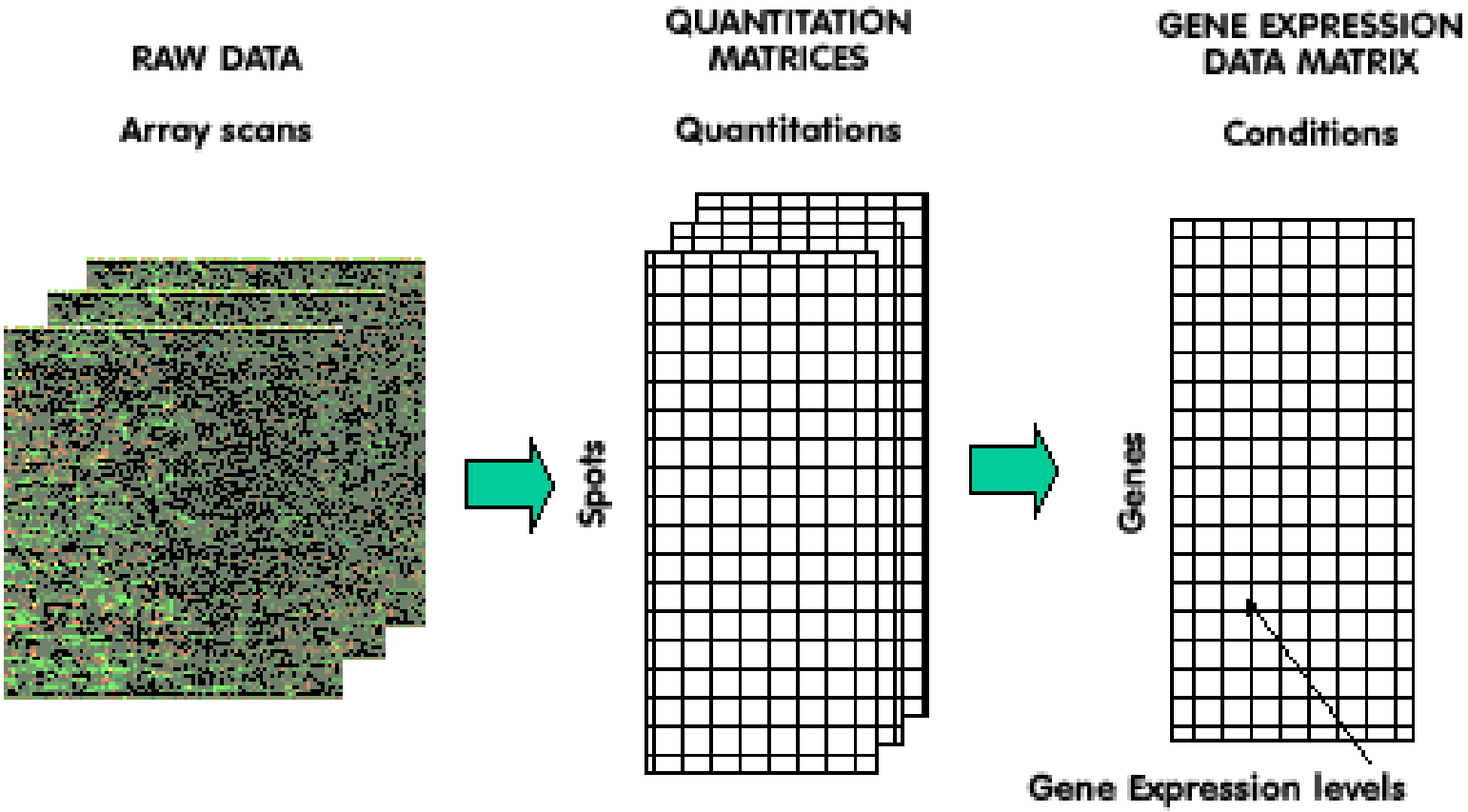
Флуоресцентная картина ячеек биочипа

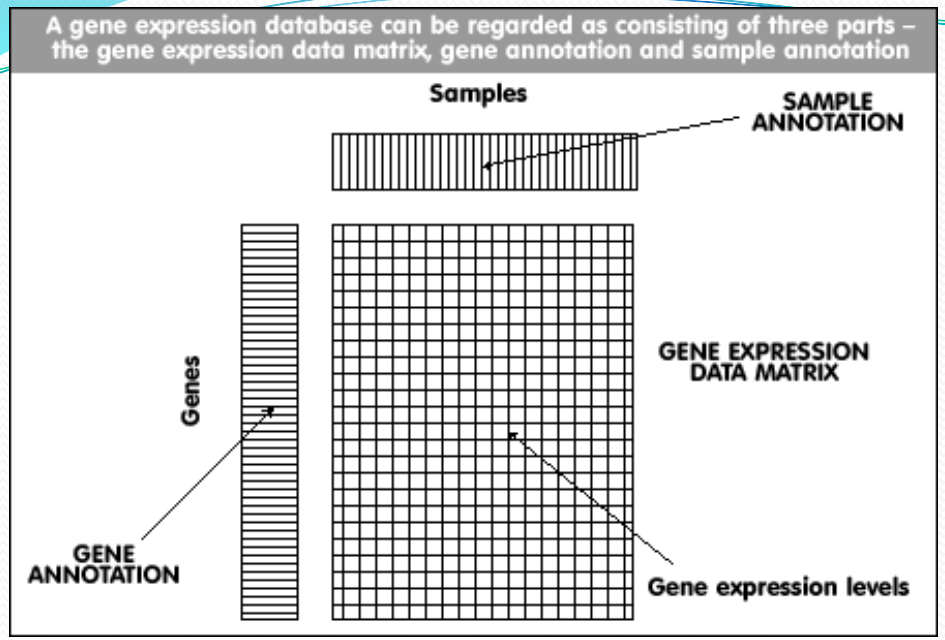


Измерение уровня экспрессии генов в двух разных образцах

1. Экспрессия генов
2. Синтез кДНК с флуоресцентными метками
3. Нанесение образцов на биочип и гибридизация
4. Считывание результатов лазерным сканером

Image analysis of the raw microarray data





Биочип можно рассматривать как матрицу из трех компонентов: матрицу экспрессии генов, матрицу отнесения генов, матрицу идентификации образцов.

Данный метод анализа экспрессии генов уже сейчас позволил накопить огромный массив информации.

GEO http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/

ArrayExpress http://www.ebi.ac.uk/microarray-as/ae/

Во многих смыслах такую базу сложнее организовывать по сравнению с геномными базами.

Кроме того существует проблема стандартизации.

GEO

Total holdings

	Public	Unreleased	Total
Platforms	4390	361	**4751**
Samples	199436	45485	**244921**
Series	7804	1618	**9422**

Browse public holdings

- All contacts
- All platforms
  - in situ oligonucleotide (1253)
  - spotted oligonucleotide (1096)
  - spotted DNA/cDNA (1849)
  - antibody (5)
  - tissue (0)
  - MS (10)
  - SARST (1)
  - MPSS (12)
  - RT-PCR (7)
  - oligonucleotide beads (48)
  - mixed spotted oligonucleotide/cDNA (6)
  - spotted protein (3)
  - SAGE (54)
- All samples
  - RNA (165767)
  - genomic (30003)
  - protein (651)
  - SAGE (993)
  - mixed (901)
- All series

2008

Total holdings

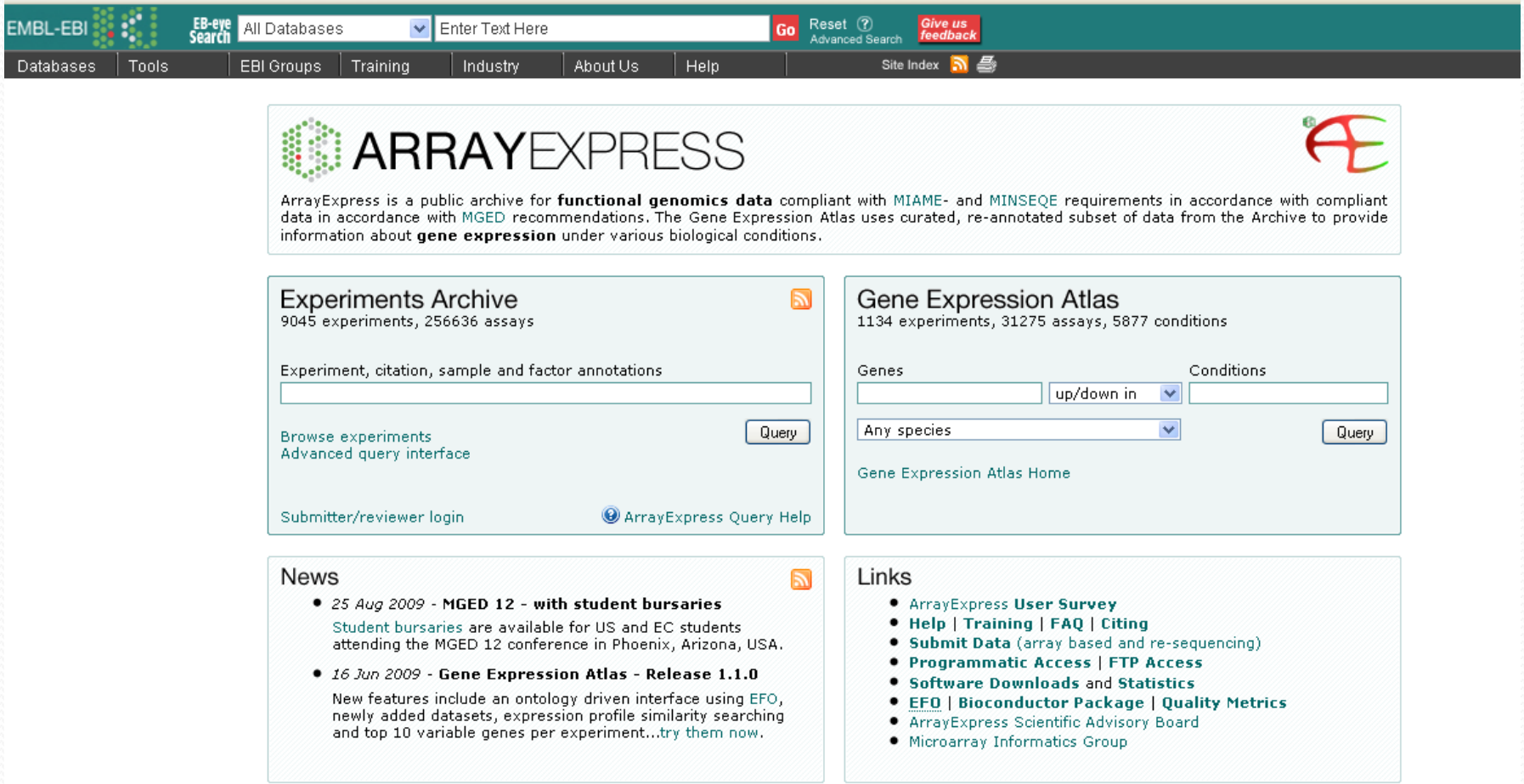
	Public	Unreleased	Total
Platforms	6439	665	**7104**
Samples	350114	75843	**425957**
Series	13687	2815	**16502**

Browse public holdings

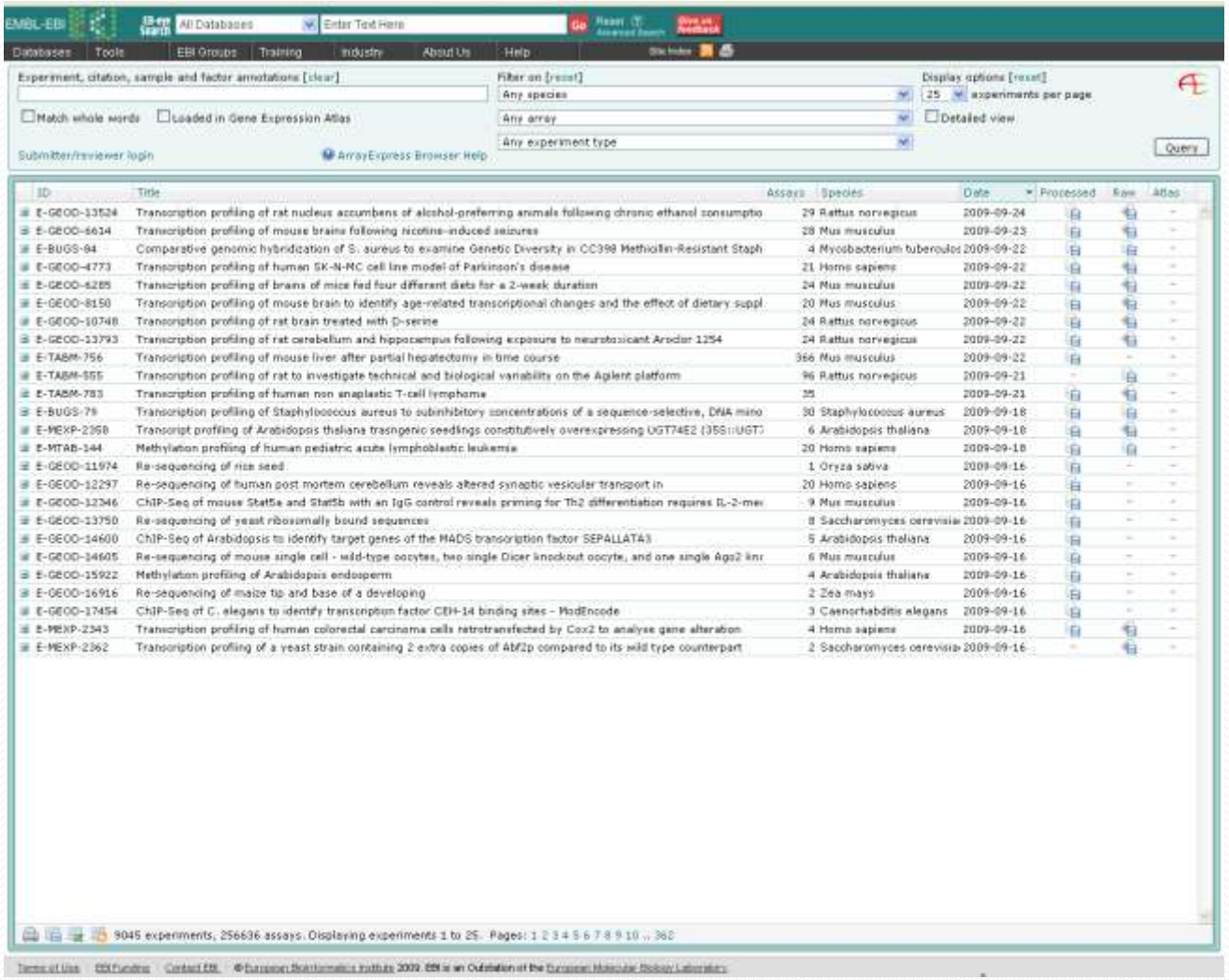
- All contacts
- All platforms
  - in situ oligonucleotide (2016)
  - spotted oligonucleotide (1616)
  - spotted DNA/cDNA (2242)
  - antibody (8)
  - tissue (0)
  - MS (15)
  - SARST (2)
  - MPSS (23)
  - RT-PCR (20)
  - oligonucleotide beads (108)
  - mixed spotted oligonucleotide/cDNA (11)
  - spotted protein (14)
  - SAGE (67)
- All samples
  - RNA (287861)
  - genomic (54736)
  - protein (1464)
  - SAGE (1644)
  - mixed (1599)
  - SRA (223)
- All series

2009

ArrayExpress



ArrayExpress



Анализ данных и профили экспрессии

- Количество информации даже с одного биочипа очень велико, обработка которой требует очень мощное программное обеспечение
- Кластеризация и предсказание классов – это типичные методы анализа таких данных.
- Expression Profiler http://ep.ebi.ac.uk/ является одной из популярных программ.

http://www.blackwellpublishing.com/book.asp?ref=1405106824&site=1

Search Catalog Search
Advanced search

Blackwell Publishing

Books | Journals | Subjects | Blackwell Synergy | About | Resources | Home

Books

Books Menu
- Books Home
- Author Information
- Exam Copy Policy
- Customer Services
- Information About ISBNs
- Rights & Permissions
- Recommend to Library

This Book
- Book Information
- Reviews
- Table of Contents
- About the author

See Also
- Related Books
- Related Journals
- More by this author
- Blackwell Molecular and Cell Biology

Related Websites
- Life & Physical Sciences

Book Information

Microarray Gene Expression Data Analysis

A Beginner's Guide

By: Helen Causton (Imperial College), J Quackenbush and Alvis Brazma (The European Bioinformatics Institute)

Reviews

"Quite a few recently published books discuss analysis of microarray gene expression data for beginners. Microarray Gene Expression Data Analysis ... is arguably the best of its kind in this regard." Terry Speed, The Walter & Eliza Hall Institute of Medical Research, Nature Cell Biology, December 2003

More reviews

Description

This guide covers aspects of designing microarray experiments and analysing the data generated, including information on some of the tools that are available from non-commercial sources. Concepts and principles underpinning gene expression analysis are emphasised and wherever possible, the mathematics has been simplified. The guide is intended for use by graduates and researchers in bioinformatics and the life sciences and is also suitable for statisticians who are interested in the approaches currently used to study gene expression.

- Microarrays are an automated way of carrying out thousands of experiments at once, and allows scientists to obtain huge amounts of information very quickly.
- Short, concise text on this difficult topic area.
- Clear illustrations throughout.
- Written by well-known teachers in the subject.
- Provides insight into how to analyse the data produced from microarrays.

Table of Contents Top

Part I: Introduction.
Part II: Aspects Of Experimental Design.
Part III: Data Analysis.
Part IV: Glossary.

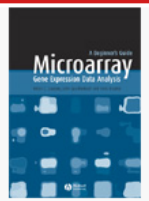
Detailed contents

About the Author Top

Helen Causton is an experimental biologist who carried out some of the early studies on genome-wide transcriptional regulation in yeast using microarrays. She is Head of the Clinical Sciences Microarray Centre at Imperial College, University of London.

John Quackenbush is a principal investigator at The Institute for Genomic Research (TIGR). His research interests include development of software for microarray data analysis, gene indices and comparative genomics.

Alvis Brazma is a computer scientist who has been involved in microarray data analysis since 1998. He heads microarray informatics at the European Bioinformatics Institute and is in charge of establishing a public repository for microarray data.



E-mail Alerting

Paperback

Status: Available

ISBN: 9781405106825
ISBN10: 1405106824

Buy Now | Exam Copy

Publication Dates
USA: Apr 2003
Rest of World: Mar 2003
Australia: May 2003

Format
244 x 172 mm , 6.75 x 9.75 in

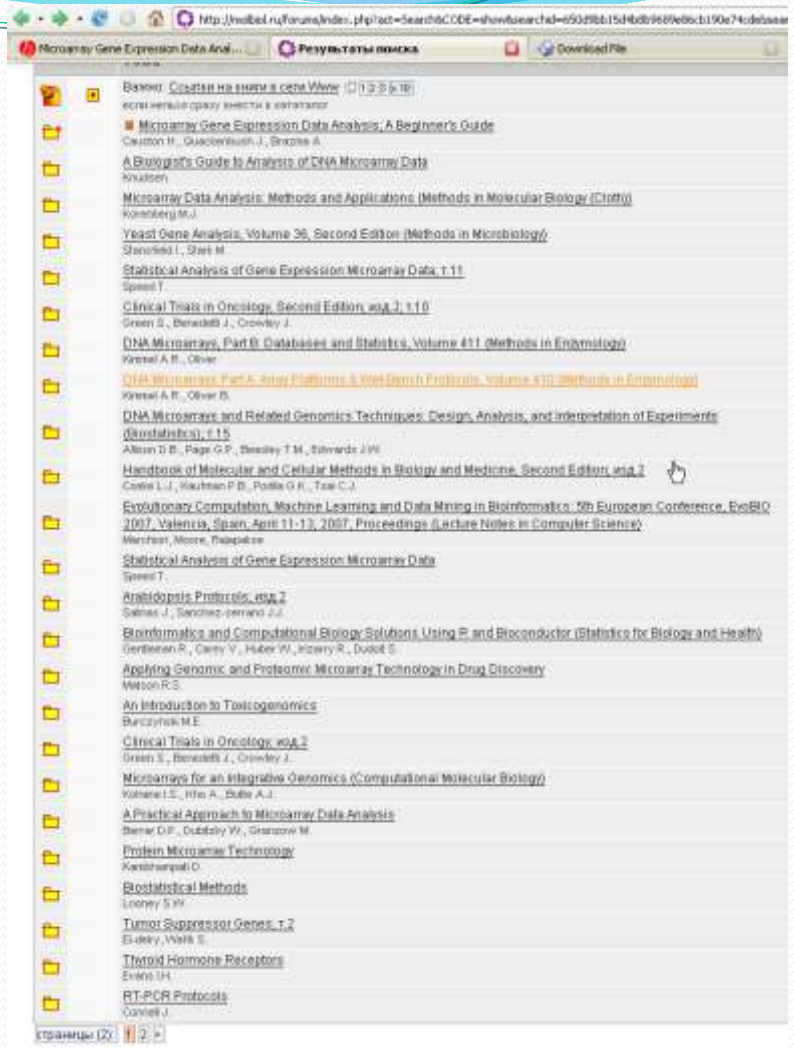
Details
176 pages, 46 illustrations.

Blackwell Publishing is now part of John Wiley & Sons

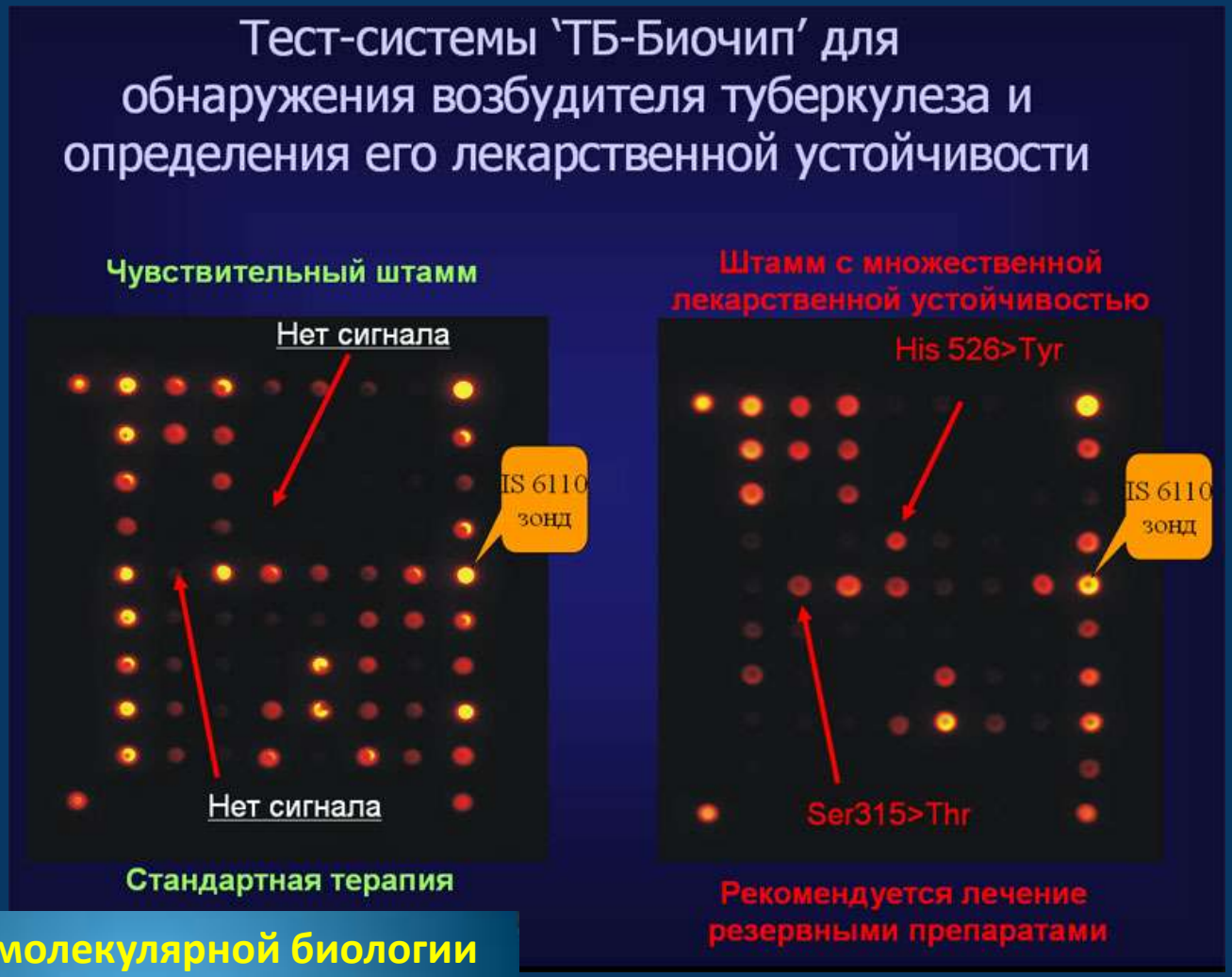
All customers will be directed to this book's page on Wiley.com for the latest price and purchase options.

Privacy Policy | Contact | Help

CarbonNeutral® company



Тест-система «ТБ-Биочип» позволяет обнаруживать не менее 95% рифампицин- и свыше 80% изониазид-устойчивых штаммов возбудителя туберкулёза менее чем за сутки



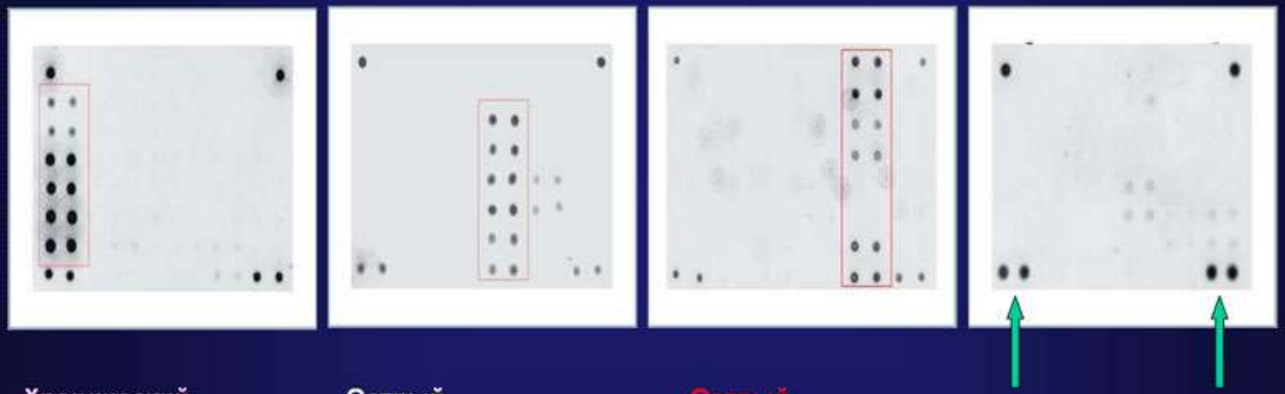
Институт молекулярной биологии РАН им. В.А. Энгельгардта

С помощью тест-системы «ЛейкоГен-Биочип» можно подобрать наиболее оптимальную терапию при раке крови (лейкемии)

Тест-система “ЛейкоГен-БИОЧИП”

регистрационное удостоверение № ФС 012а2005/2668-06

Идентификация хромосомных перестроек позволяет установить точный диагноз, сделать прогноз заболевания и подобрать адекватную терапию



Хронический миелолейкоз. Неблагоприятный прогноз. Специфичная терапия STI571. Трансплантация костного мозга.

Острый промиелоцитарный лейкоз. Благоприятный прогноз. Специфичная терапия препаратами ретиноевой кислоты.

Острый лимфобластный лейкоз. Крайне неблагоприятный прогноз. Высокодозная химиотерапия

Институт молекулярной биологии РАН им. В.А. Энгельгардта

Белковые базы данных

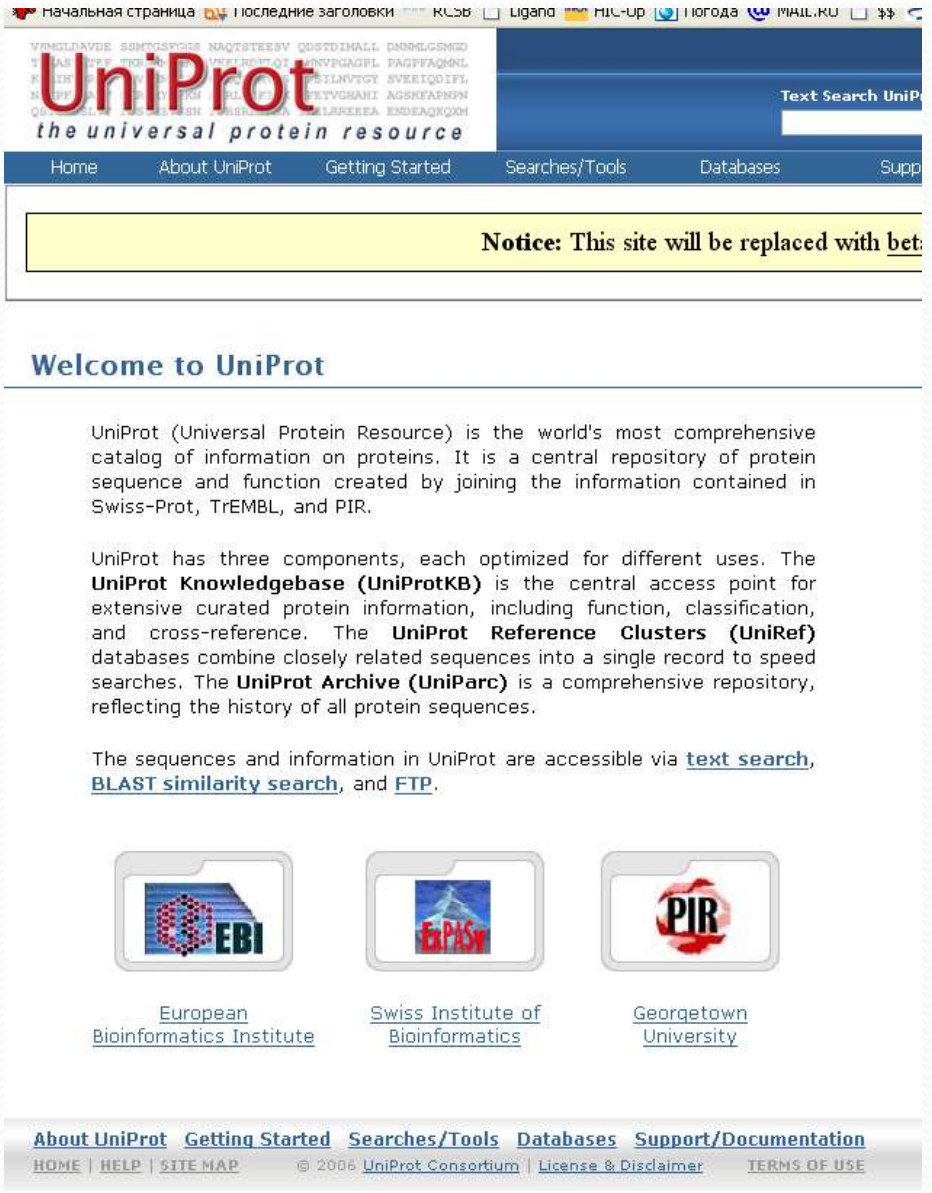
- Существуют универсальные базы данных и специализированные, которые покрывают узкие семейства или группы белков, или белки из определенного организма.
- **Примеры:**
- База по аминокислотным последовательностям (первичной структуре) белков UniProtKB/Swiss-Prot
- Специализированная база по первичной структуре белков GOA
- Специализированная база ENZYME
- Вторичная база InterPro
- Пространственные структуры белков (и других макромолекул) PDB

База первичных структур белков - UniProtKB

- UniProt (Universal Protein Resource; http://www.ebi.ac.uk/uniprot/index.html) является одним из наиболее всеобъемлющих каталогов информации о белках и их функциях, а также центральным хранилищем первичных структур.
- Данные о белках из более 6000 видов организмов. Половина информации – о белках из 20 наиболее изучаемых организмов.
- UniProt объединяет базы UniProtKB/Swiss-Prot, UniProtKB/TrEMBL и PIR.

База первичных структур белков - UniProtKB

- Состоит из трех компонент, оптимизированных под разные задачи:
  - The UniProt Knowledgebase (UniProt) – центр доступа, включая функции, классификацию и перекрестные ссылки
  - The UniProt Reference Clusters (UniRef) – комбинирует близкие структуры в одной записи для ускорения обработки
  - The UniProt Archive (UniParc) – всеобъемлющая база, отражающая историю всех первичных структур белков



База первичных структур белков - UniProtKB/Swiss-Prot

http://au.expasy.org/sprot/

База первичных структур белков - UniProtKB/TrEMBL

Дополнение базы Swiss-Prot, называемое TrEMBL (Translation of EMBL Nucleotide Sequence Database) состоит из аминокислотных последовательностей, полученных трансляцией всех кодирующих последовательностей ДНК из базы EMBL Nucleotide Sequence Database за исключением тех, которые уже включены в UniProtKB/Swiss-Prot.

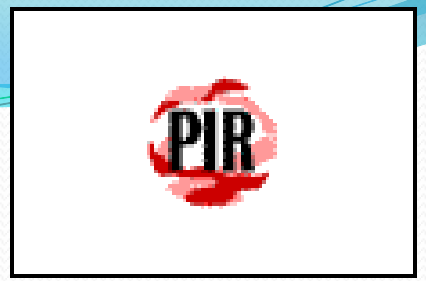
База первичных структур белков - UniProtKB/TrEMBL

TrEMBL состоит из двух основных секций:

- SP-TrEMBL содержит записи, которые в конечном счете будут включены в Swiss-Prot.
- REM-TrEMBL (REMaining TrEMBL) содержит записи, которые не будут включены в Swiss-Prot.

REM-TrEMBL содержит последовательности, которые получены синтетически, неполные (truncated), запатентованы, являются псевдогенами, иммуноглобулинами или Т-клеточными рецепторами. Они не интересны для аннотирования и не включаются в базу *Swiss-Prot*.

База первичных структур белков - UniProtKB/PIR



- PIR *'Protein Information Resource'* http://pir.georgetown.edu/ Основан National Biomedical Research Foundation в 1984; публиковался как `Atlas of Protein Sequence and Structure' (Dayhoff et al., 1965; Dayhoff, 1979). С 1988 г. является международной базой.
- Разделена на 4 секции: PIR1, PIR2, PIR3 и PIR4.
  - PIR1 полностью классифицирована по суперсемействам и аннотирована
  - PIR2 является переходным разделом к PIR1 от PIR3
  - PIR3 служит временным разделом для новых поступлений
  - PIR4 включает неклассифицированные последовательности

http://pir.georgetown.edu/

Специализированные базы

- Существует огромное количество специализированных белковых баз данных,
- Коллекция ссылок на базы:
- http://www.expasy.ch/alinks.html
- http://www.ebi.ac.uk/integr8/ - портал ссылок на информацию по расшифрованным геномам и соответствующие протеомы

- Такие базы ценны тем, что, как правило, дополняют базы по первичным структурам дополнительной аналитической информацией

- GOA – GO «Gene Ontology Annotation» http://www.ebi.ac.uk/GOA/index.html
- MEROPS http://merops.sanger.ac.uk/ - каталог и структурная классификация пептидаз в семейства на основе «пептидазных единиц»
- GPCRDb http://www.gpcr.org/ - база по G-protein coupled receptors (GPCRs)
  большом семействе белков, являющихся важными компонентами различных сигнальных систем животных
- YPD «the yeast protein database» http://www.incyte.com/sequence/proteome/databases/YPD.shtml
  – база для белков из *S. cerevisiae*. Содержит более 50,000 строк аннотаций относительно 6,000 белков на основе обзора примерно 8,500 публикаций.

- ENZYME http://www.expasy.ch/enzyme/- аннотированное расширение UniProtKB/Swiss-Prot по ферментам
- BRENDA http://www.brenda.uni-koeln.de/ - база по свойствам ферментов
- LIGAND http://www.genome.ad.jp/ligand/ - Ligand Chemical Database for Enzyme Reactions
- EMP http://emp.mcs.anl.gov/ - 'Enzymes and Metabolic Pathways'
- http://www.expasy.ch/ch2d/ - база данных по двумерным гелям
- http://prowl.rockefeller.edu/ - база данных по масс-спектроскопии белков и протеолитических фрагментов.

ENZYME
Enzyme nomenclature database

http://www.expasy.ch/enzyme

ENZYME is a repository of information relative to the nomenclature of enzymes. It is primarily based on the recommendations of the Nomenclature Committee of the International Union of Biochemistry and Molecular Biology (IUBMB) and it describes each type of characterized enzyme for which an EC (Enzyme Commission) number has been provided [More details / References / Linking to ENZYME / Disclaimer].

Release of 05-Feb-2008 (4063 active entries)

Access to ENZYME

- by EC number: . . . . Search
- by enzyme class
- by description (official name) or alternative name(s): Search
- by chemical compound
- by cofactor
- by search in comments lines

- SRS - Sequence Retrieval System

Documents

- ENZYME user manual
- How to obtain ENZYME

Services

- Report forms for a new ENZYME entry or for an error/update in an existing entry
- Downloading ENZYME by FTP

Related tools and databases

- Biochemical Pathways - Interactive access to Roche Applied Science "Biochemical Pathways"

- BRENDA - Comprehensive Enzyme Information system
- EMP - Enzymes and Metabolic Pathways database
- KEGG - Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes
- MetaCyc - Metabolic Encyclopedia of enzymes and metabolic pathways
- IUBMB Enzyme Nomenclature
- BioCarta - Pathways of Life

Acknowledgements

The ENZYME database is partially funded by the European Commission under FELICS, contract number 021902 (RII3) within the Research Infrastructure Action of the

KEGG LIGAND Database

Molecular building blocks of life in the chemical space

KEGG2 ATLAS PATHWAY BRITE GENES SSDB LIGAND DBGET

Chemical Substances and Reactions

KEGG LIGAND contains our knowledge on the universe of chemical substances and reactions that are relevant to life. It is a composite database currently consisting of COMPOUND, DRUG, GLYCAN, REACTION, RPAIR, and ENZYME databases. ENZYME is derived from the Enzyme Nomenclature, but the others are internally developed and maintained.

Database		Identifier	Content	Specialized entry point
LIGAND	COMPOUND	C number	Chemical compound structures	KEGG COMPOUND
	DRUG	D number	Drug structures	KEGG DRUG
	GLYCAN	G number	Glycan structures	KEGG GLYCAN
	REACTION	R number	Biochemical reactions	KEGG REACTION
	RPAIR	A number	Reactant pair alignments	
	ENZYME	EC number	Enzyme nomenclature	

Search LIGAND for Go Clear

bfind mode bget mode

LIGAND Relational Database

The primary database of KEGG LIGAND is a relational database with the KegDraw interface, which is used to generated the secondary (flat file) database for DBGET. A read-only copy of the relational database is also made publicly accessible.

Search COMPOUND

Compound ID example) C00010 Go Clear

Search DRUG

Drug ID example) D00201 Go Clear

Search GLYCAN

Glycan ID example) G10596 Go Clear

Search REACTION

Reaction ID example) R00259 Go Clear

Computational Tools

Компьютерные технологии в науке

Работа с информацией.