CG020 Genomika
Bi7201 Základy genomiky

Přednáška 1

Úvod do bioinformatiky

Jan Hejátko

Funkční genomika a proteomika rostlin,
Mendelovo centrum genomiky a proteomiky rostlin,
Středoevropský technologický institut (CEITEC), Masarykova univerzita, Brno
hejatko@sci.muni.cz, www.ceitec.muni.cz

EVROPSKÁ UNIE esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS

INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

Osnova

- Schéma předmětu
- Definice
- Role BIOINFORMATIKY v současném pojetí FUNKČNÍ GENOMIKY
- Databáze
  - Spektrum „on-line“ zdrojů
  - PRIMÁRNÍ, SEKUNDÁRNÍ a STRUKTURÁLNÍ databáze
  - GENOMOVÉ zdroje
- Analytické nástroje
  - Vyhledávání homologií
  - Vyhledávání sekvenčních motivů, otevřených čtecích rámců, restrikčních míst….
  - Další www genomové nástroje

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Schéma předmětu

- **Kapitola 01** (CG020 , Bi7201)
  - Úvod do bioionformatiky
- **Kapitola 02** (CG020 , Bi7201)
  - Identifikace genů
- **Kapitola 03** (CG020 , Bi7201)
  - Přístupy reverzní genetiky
- **Kapitola 04** (CG020 , Bi7201)
  - Přístupy genetiky přímé

EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Schéma předmětu

- **Kapitola 05** (CG020 , Bi7201)
  - Přístupy funkční genomiky
- **Kapitola 06** (CG020 , Bi7201)
  - Protein-protein interakce a jejich analýza
- **Kapitola 07** (CG020)
  - Moderní postupy funkční genomiky
- **Kapitola 08** (CG020)
  - Strukturní genomika

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Schéma předmětu

- **Kapitola 09** (CG020)
  - Lokalizace genů a genových produktů v buňce
- **Kapitola 10** (CG020)
  - Genomika a systémová biologie
- **Kapitola 11** (CG020)
  - Praktické aspekty funkční genomiky
- **Kapitola 12** (CG020)
  - Lokalizace genů a genových produktů v buňce

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Literatura

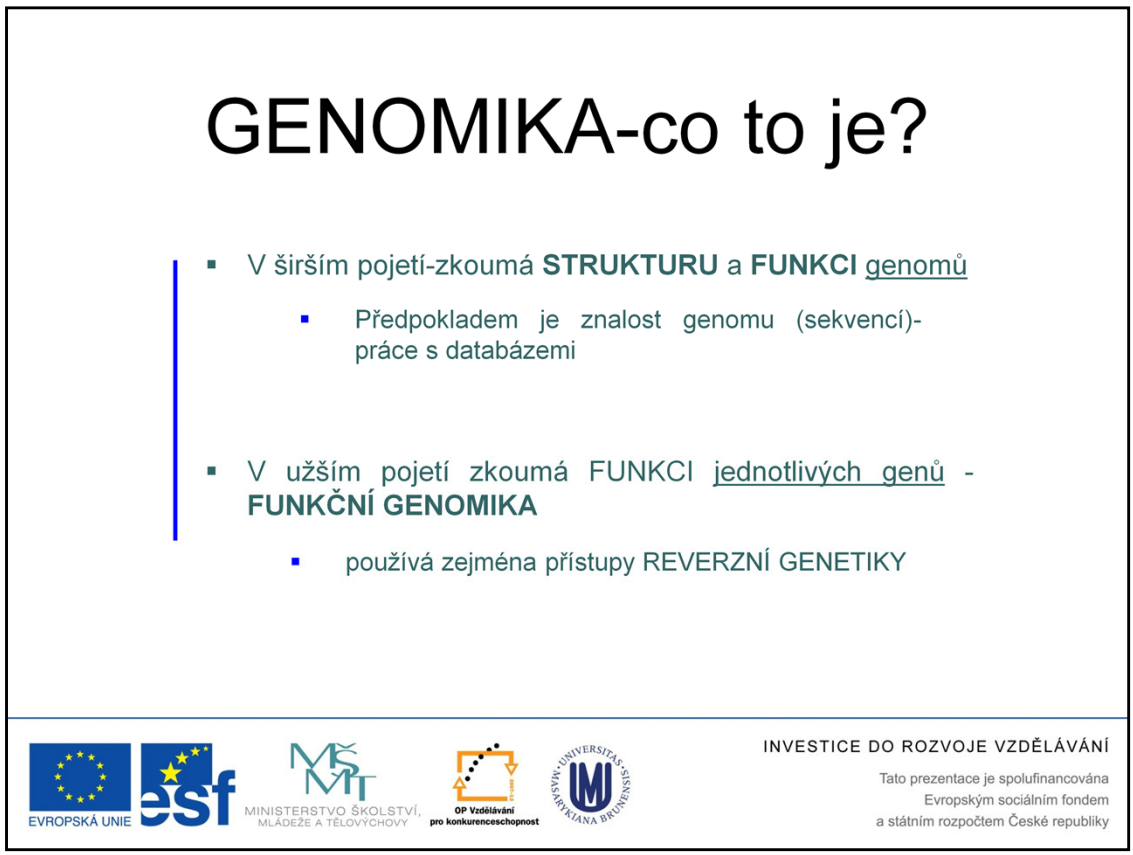
- Zdrojová literatura ke kapitole I:
  - **Bioinformatics and Functional Genomics**, 2009, Jonathan Pevsner, Willey-Blackwell, Hobocken, New Jersey
    http://www.bioinfbook.org/index.php
  - **Úvod do praktické bioinformatiky**, Fatima Cvrčková, 2006, Academia, Praha
  - **Plant Functional Genomics**, ed. Erich Grotewold, 2003, Humana Press, Totowa, New Jersey

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Osnova

- Schéma předmětu
- Definice

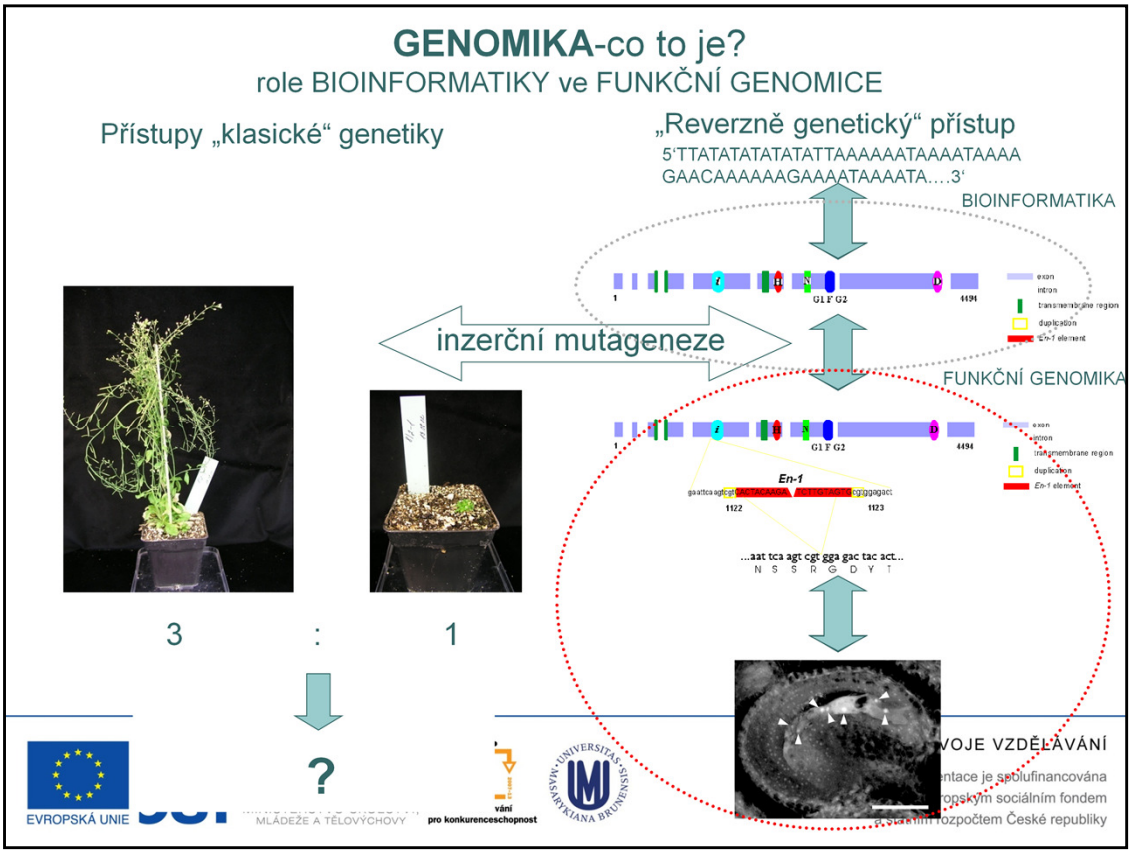
EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky



Genomics is a science discipline that is interested in the analysis of genomes. Genome of each organism is a complex of all genes of the respective organism. The genes could be located in cytoplasm (prokaryots) nucleus (in most euckaryotic organisms), mitochondria or chloroplasts (in plants).

The critical prerequisite of genomics is the knowledge of gene sequences.

Functional genomics is interested in function of individual genes.



With the knowledge of gene sequences (or the knowledge of the gene files in the individual organisms, i.e. the knowledge of genomes), **Reverse Genetics** appears that allows study their function.

In comparison to ”classical” or **Forward Genetics**, starting with the phenotype, the reverse genetics starts with the sequence identified as a gene in the sequenced genome. The gene identification using approaches of **Bioinformatics** will be described later (see Lesson 02).

Reverse genetics uses a spectrum of approaches that will be described in the Lesson 03 that allow isolation of sequence-specific mutants and thus their phenotype analysis.

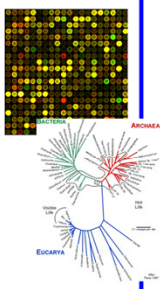
The necessity of having phenotype alterations in the forward genomics approach introduces important difference between those two approaches. Thus, the gene is no longer understood as a factor (*trait*) determining *phenotype,* but rather as a piece of DNA characterized by the unique *string of nucleotides*. i.e. **physical DNA molecule**.

Osnova

- Schéma předmětu
- Definice
- Role BIOINFORMATIKY v současném pojetí FUNKČNÍ GENOMIKY

EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Bioinformatika



- **Definice bioinformatiky** (podle NIH vědeckého a technologického konsorcia pro biomedicínské informace)

Výzkum, vývoj nebo aplikace výpočetních nástrojů a přístupů za účelem zvyšování rozvoje využití biologických, lékařských, dat o chování nebo zdraví, včetně těch, které umožňují taková data získávat, ukládat, organizovat, archivovat, analyzovat nebo vizualizovat.

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

NIH WORKING DEFINITION OF BIOINFORMATICS AND COMPUTATIONAL BIOLOGY

July 17, 2000

The following working definition of bioinformatics and computational biology were developed by the BISTIC Definition Committee and released on July 17, 2000. The committee was chaired by Dr. Michael Huerta of the National Institute of Mental Health and consisted of the following members:

Bioinformatics Definition Committee BISTIC Members Expert Members

Michael Huerta (Chair) Gregory Downing

Florence Haseltine Belinda Seto

Yuan Liu

Preamble

Bioinformatics and computational biology are rooted in life sciences as well as computer and information sciences and technologies. Both of these interdisciplinary approaches draw from specific disciplines such as

mathematics, physics, computer science and engineering, biology, and behavioral science. Bioinformatics and computational biology each maintain close interactions with life sciences to realize their full potential. Bioinformatics applies principles of information sciences and technologies to make the vast, diverse, and complex life sciences data more understandable and useful. Computational biology uses mathematical and computational approaches to address theoretical and experimental questions in biology. Although bioinformatics and computational biology are distinct, there is also significant overlap and activity at their interface.

Definition

The NIH Biomedical Information Science and Technology Initiative Consortium agreed on the following definitions of bioinformatics and computational biology recognizing that no definition could completely eliminate overlap with other activities or preclude variations in interpretation by different individuals and organizations.

Bioinformatics: Research, development, or application of computational tools and approaches for expanding the use of biological, medical, behavioral or health data, including those to acquire, store, organize, archive, analyze, or visualize such data.

Computational Biology: The development and application of data-analytical and theoretical methods, mathematical modeling and computational simulation techniques to the study of biological, behavioral, and social systems.

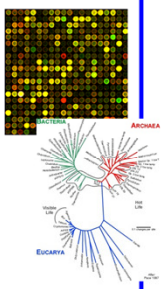
What is bioinformatics?

- Interface of biology and computers
- Analysis of proteins, genes and genomes using computer algorithms and computer databases
- Genomics is the analysis of genomes. The tools of bioinformatics are used to make sense of the billions of base pairs of DNA that are sequenced by genomics projects.

J. Pevsner,
http://www.bioinfbook.org/index.php

EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Bioinformatika



- **Bioinformatika** ve **funkční genomice**
  - **Zpracování a analýza sekvenačních dat**
    - Identifikace referenčních sekvencí
    - Identifikace genů
    - Identifikace homologů, ortologů a paralogů
    - Korelační analýzy mezi sekvencemi a fenotypy (včetně člověka)
  - **Zpracování a analýza transkripčních dat**
    - Transkripční profilování pomocí DNA čipů nebo next-gen sekvenování
  - **Vyhodnocování experimentálních dat a predikce nových regulací v přístupech systémové biologie**
    - Matematické modelování genových regulačních sítí

EVROPSKÁ UNIE esf MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

NIH WORKING DEFINITION OF BIOINFORMATICS AND COMPUTATIONAL BIOLOGY

July 17, 2000

The following working definition of bioinformatics and computational biology were developed by the BISTIC Definition Committee and released on July 17, 2000. The committee was chaired by Dr. Michael Huerta of the National Institute of Mental Health and consisted of the following members:

Bioinformatics Definition Committee BISTIC Members Expert Members

Michael Huerta (Chair) Gregory Downing

Florence Haseltine Belinda Seto

Yuan Liu

Preamble

Bioinformatics and computational biology are rooted in life sciences as well as computer and information sciences and technologies. Both of these interdisciplinary approaches draw from specific disciplines such as

mathematics, physics, computer science and engineering, biology, and behavioral science. Bioinformatics and computational biology each maintain close interactions with life sciences to realize their full potential. Bioinformatics applies principles of information sciences and technologies to make the vast, diverse, and complex life sciences data more understandable and useful. Computational biology uses mathematical and computational approaches to address theoretical and experimental questions in biology. Although bioinformatics and computational biology are distinct, there is also significant overlap and activity at their interface.

Definition

The NIH Biomedical Information Science and Technology Initiative Consortium agreed on the following definitions of bioinformatics and computational biology recognizing that no definition could completely eliminate overlap with other activities or preclude variations in interpretation by different individuals and organizations.

Bioinformatics: Research, development, or application of computational tools and approaches for expanding the use of biological, medical, behavioral or health data, including those to acquire, store, organize, archive, analyze, or visualize such data.

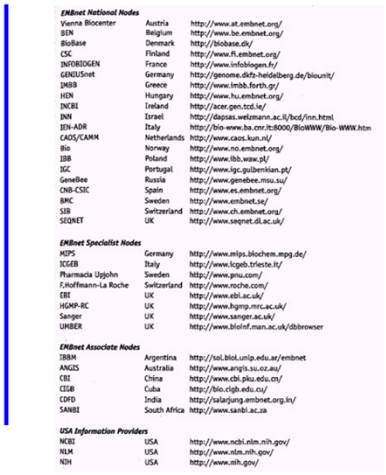
Computational Biology: The development and application of data-analytical and theoretical methods, mathematical modeling and computational simulation techniques to the study of biological, behavioral, and social systems.

Osnova

- Schéma předmětu
- Definice
- Role BIOINFORMATIKY v současném pojetí FUNKČNÍ GENOMIKY
- Databáze
  - Spektrum „on-line“ zdrojů

EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Spektrum on-line zdrojů



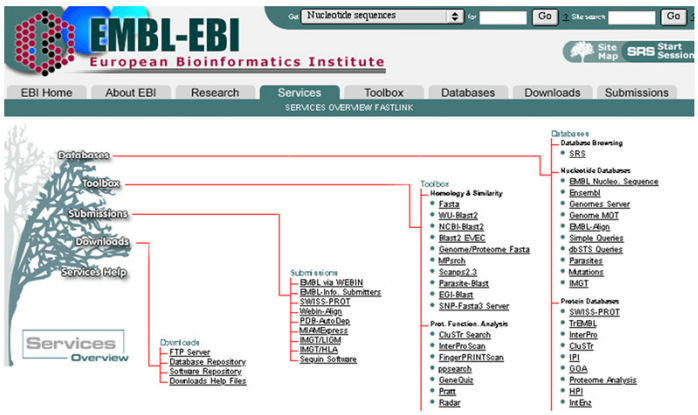
EMBnet National Nodes		
Vienna Biocenter	Austria	http://www.at.embnet.org/
BEN	Belgium	http://www.be.embnet.org/
BioBase	Denmark	http://biobase.dk/
CSC	Finland	http://www.fi.embnet.org/
INFOBIOGEN	France	http://www.infobiogen.fr/
GENIUSnet	Germany	http://genome.dkfz-heidelberg.de/biounit/
IMBB	Greece	http://www.imbb.forth.gr/
HEN	Hungary	http://www.hu.embnet.org/
INCBI	Ireland	http://acer.gen.tcd.ie/
INN	Israel	http://dapsas.weizmann.ac.il/bcd/inn.html
IIN-ADR	Italy	http://bio-www.bs.cnr.it:8000/BioWWW/Bio-WWW.htm
CAOS/CAMM	Netherlands	http://www.caos.kun.nl/
Bio	Norway	http://www.no.embnet.org/
IBB	Poland	http://www.ibb.waw.pl/
IGC	Portugal	http://www.igc.gulbenkian.pt/
GeneBee	Russia	http://www.genebee.msu.su/
CNB-CSIC	Spain	http://www.es.embnet.org/
BMC	Sweden	http://www.embnet.se/
SIB	Switzerland	http://www.ch.embnet.org/
SEQNET	UK	http://www.seqnet.dl.ac.uk/
EMBnet Specialist Nodes		
MIPS	Germany	http://www.mips.biochem.mpg.de/
ICGEB	Italy	http://www.icgeb.trieste.it/
Pharmacia Upjohn	Sweden	http://www.pnu.com/
F.Hoffmann-La Roche	Switzerland	http://www.roche.com/
EBI	UK	http://www.ebi.ac.uk/
HGMP-RC	UK	http://www.hgmp.mrc.ac.uk/
Sanger	UK	http://www.sanger.ac.uk/
UMBER	UK	http://www.bioinf.man.ac.uk/dbbrowser
EMBnet Associate Nodes		
IBBM	Argentina	http://sol.biol.unlp.edu.ar/embnet
ANGIS	Australia	http://www.angis.su.oz.au/
CBI	China	http://www.cbi.pku.edu.cn/
CIGB	Cuba	http://bio.cigb.edu.cu/
CDFD	India	http://salarjung.embnet.org.in/
SANBI	South Africa	http://www.sanbi.ac.za
USA Information Providers		
NCBI	USA	http://www.ncbi.nlm.nih.gov/
NLM	USA	http://www.nlm.nih.gov/
NIH	USA	http://www.nih.gov/

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

There are many of on-line resources that could be used.

Spektrum on-line zdrojů

- EBI http://www.ebi.ac.uk/services

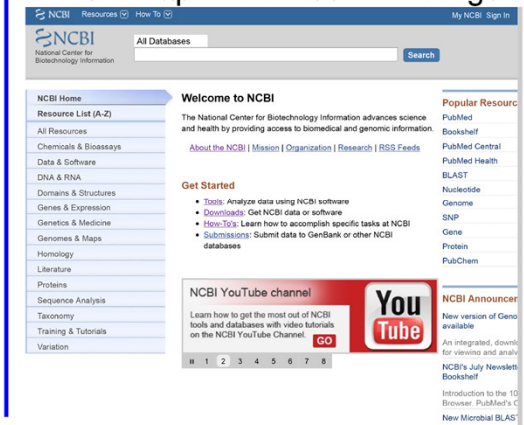


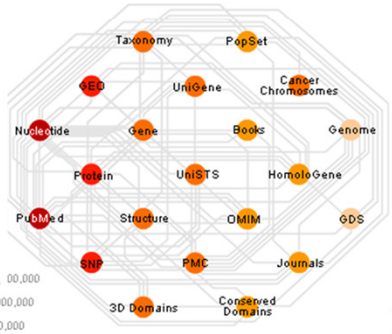
EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Nowadays, the resources are interconnected and could be accessed via dedicated web pages. Among the best and mostluy used www resources integrating plenty of database resources belong www portal of European Bioinformatics Institute (EBI) in Europe (Germany) and National Center of Biotechnology Information (NCBI) in the USA (

Spektrum on-line zdrojů

- NCBI http://www.ncbi.nlm.nih.gov/





EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
a státním rozpočtem České republiky

Nowadays, the resources are interconnected and could be accessed via dedicated web pages.

Osnova

- Schéma předmětu
- Definice
- Role BIOINFORMATIKY v současném pojetí FUNKČNÍ GENOMIKY
- Databáze
  - Spektrum „on-line“ zdrojů
  - PRIMÁRNÍ, SEKUNDÁRNÍ a STRUKTURÁLNÍ databáze

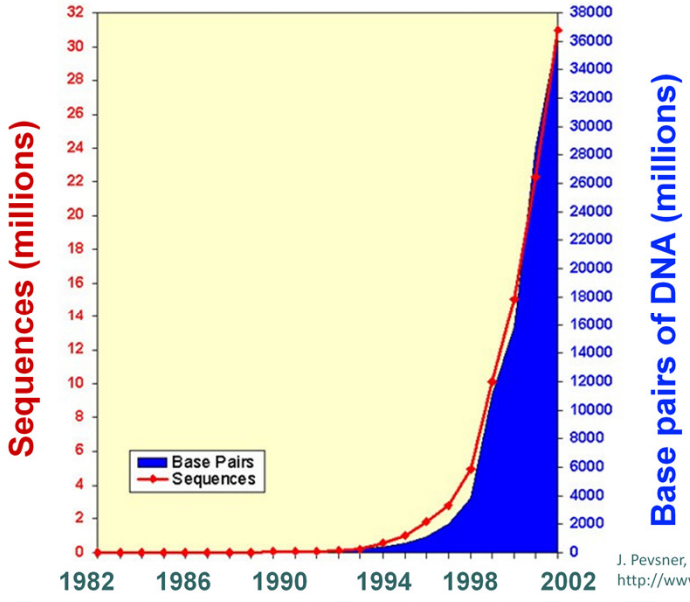
EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Primární databáze

- zahrnují soubory primárních dat – sekvencí DNA a proteinů
  - Sekvence v databázích tzv. „Velké trojky“:
    - EMBL, http://www.ebi.ac.uk/embl/
    - GenBank,http://www.ncbi.nih.gov/Genbank/GenbankSearch.html
    - DDBJ, http://www.ddbj.nig.ac.jp
  - denně vzájemná výměna a zálohování dat
  - velká datová náročnost (kapacita i software)
  - září 2003 27,2 x 10^6 záznamů o zhruba 33 x 10^9 bp
  - srpen 2005 100 x 10^9 bp ze 165.000 organizmů

EVROPSKÁ UNIE esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

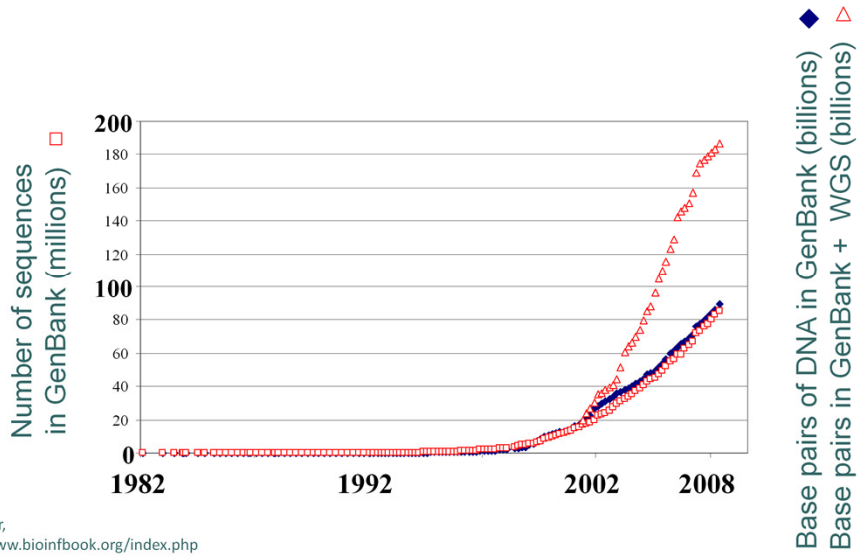
Growth of GenBank



J. Pevsner,
http://www.bioinfbook.org/index.php

EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
Year
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Growth of GenBank + Whole Genome Shotgun (1982-November 2008): we reached 0.2 terabases

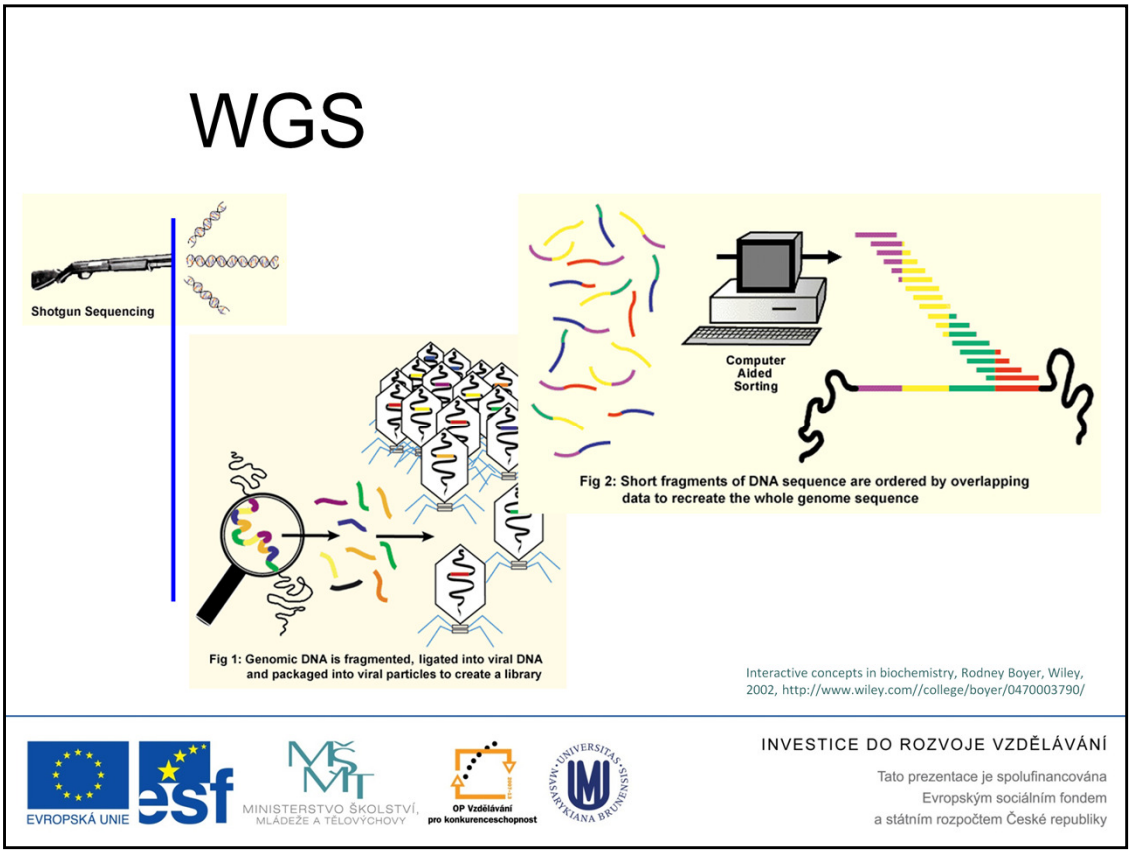


J. Pevsner,
http://www.bioinfbook.org/index.php

EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS

INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

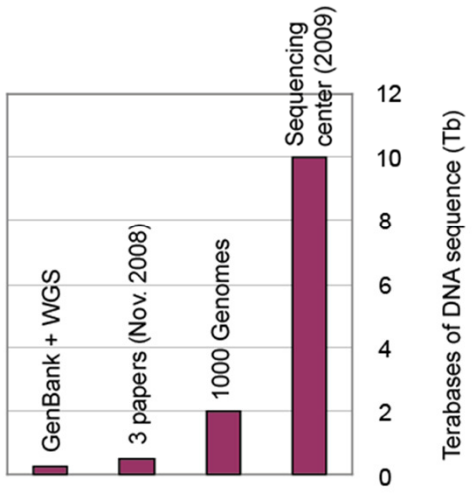


Shotgun sequencing allows a scientist to rapidly determine the sequence of very long stretches of DNA. The key to this process is fragmenting of the genome into smaller pieces that are then sequenced side by side, rather than trying to read the entire genome in order from beginning to end. The genomic DNA is usually first divided into its individual chromosomes. Each chromosome is then randomly broken into small strands of hundreds to several thousand base pairs, usually accomplished by mechanical shearing of the purified genetic material. Each of the short DNA pieces is then inserted into a DNA vector (a viral genome), resulting in a viral particle containing "cloned" genomic DNA (Fig. 1).

The collection of all the viral particles with all the different genomic DNA pieces is referred to as a library. Just as a library consists of a set of books that together make up all of human knowledge, a genomic library consists of a set of DNA pieces that together make up the entire genome sequence. Placing the genomic DNA within the viral genome allows bacteria infected with the virus to faithfully replicate the genomic DNA pieces. Additionally, since a little bit of known sequence is needed to start the sequencing reaction, the reaction can be primed off the known flanking viral DNA.

In order to read all the nucleotides of one organism, millions of individual clones are sequenced. The data is sorted by computer, which compares the sequences of all the small DNA pieces at once (in a "shotgun" approach) and places them in order by virtue of their overlapping sequences to generate the full-length sequence of the genome (Fig. 2). To statistically ensure that the whole genome sequence is acquired by this method, an amount of DNA equal to five to ten times the length of the genome must be sequenced. (Interactive concepts in biochemistry, Rodney Boyer, Wiley, 2002, http://www.wiley.com//college/boyer/0470003790/)

Arrival of next-generation sequencing: In two years we have gone from 0.2 terabases to 71 terabases (71,000 gigabases) (November 2010)



J. Pevsner,
http://www.bioinfbook.org/index.php

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

DDBJ/EMBL/GenBank accepts both complete and incomplete genomes. Whole Genome Shotgun (WGS) sequencing projects are incomplete genomes or incomplete chromosomes that are being sequenced by a whole genome shotgun strategy. WGS projects may be annotated, but annotation is not required.

The pieces of a WGS project are the contigs (overlapping reads), and they do not include any gaps. An AGP file can be submitted to indicate how the contig sequences are assembled together into scaffolds (contig sequences separated by gaps) and/or chromosomes. We must have the contig sequences without gaps as the basic units for all WGS projects.

Primární databáze

- zahrnují soubory primárních dat – sekvencí DNA a proteinů
  - Proteinové sekvence:
    - PIR, http://pir.georgetown.edu/
    - MIPS, http://www.mips.biochem.mpg.de
    - SWISS-PROT, http://www.expasy.org/sprot/

EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

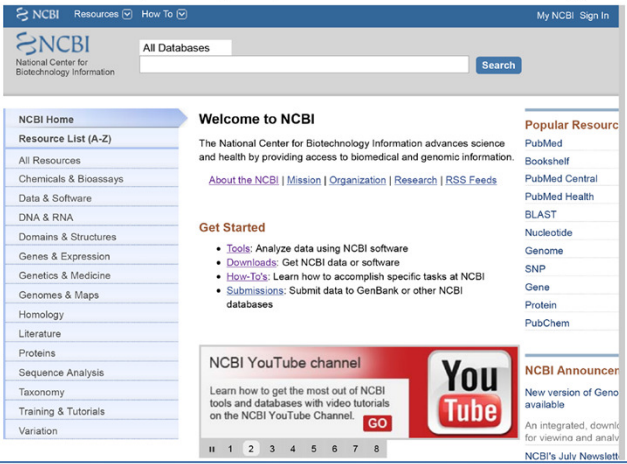
Primární databáze

- Typy sekvencí v primárních databázích
  - standardní nukleotidové sekvence získané kvalitním sekvencováním
  - **EST**s (**E**xpressed **S**equence **T**ags)
  - **HGTS** (**H**igh **T**hroughput **G**enome **S**equencing)
    - neanotované „surové“ výsledky sekvenačních projektů
  - referenční sekvence anotovaných genomů
  - **TPA**s (**T**hird **P**arty **A**nnotation)
    - sekvence anotované jinými než původními autory

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

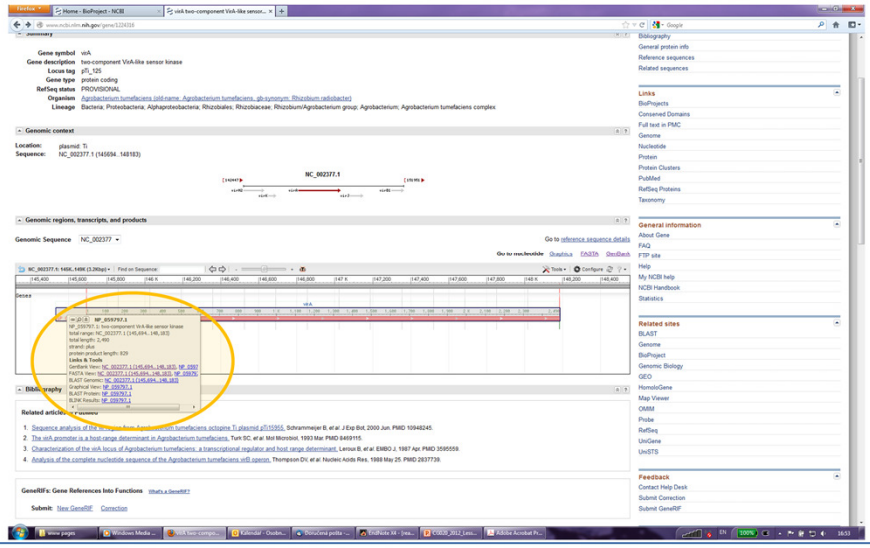
Primární databáze

GenBank (NCBI) http://www.ncbi.nlm.nih.gov/



EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Primární databáze

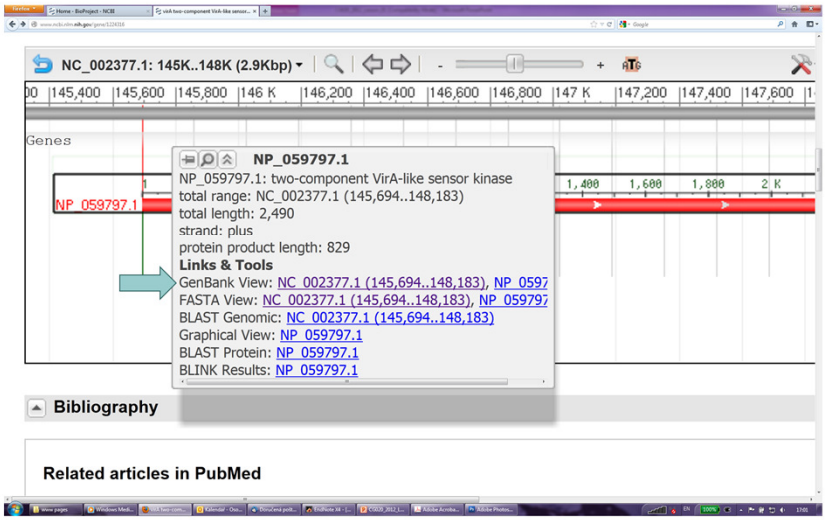


EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS

INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Primární databáze



EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

BLINK is a link to the

Primární databáze

EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Primární databáze

INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována
Evropským sociálním fondem
a státním rozpočtem České republiky

What is an accession number?

An accession number is label that used to identify a sequence. It is a string of letters and/or numbers that corresponds to a molecular sequence.

Examples (all for retinol-binding protein, RBP4):

X02775	GenBank genomic DNA sequence	**DNA**
NT_030059	Genomic contig	
Rs7079946	dbSNP (single nucleotide polymorphism)	
N91759.1	An expressed sequence tag (1 of 170)	**RNA**
NM_006744	RefSeq DNA sequence (from a transcript)	
NP_007635	RefSeq protein	**protein**
AAC02945	GenBank protein	
Q28369	SwissProt protein	
1KT7	Protein Data Bank structure record	

J. Pevsner,
http://www.bioinfbook.org/index.php

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

NCBI's important RefSeq project: best representative sequences

RefSeq (accessible via the main page of NCBI) provides an expertly curated accession number that corresponds to the most stable, agreed-upon "reference" version of a sequence.

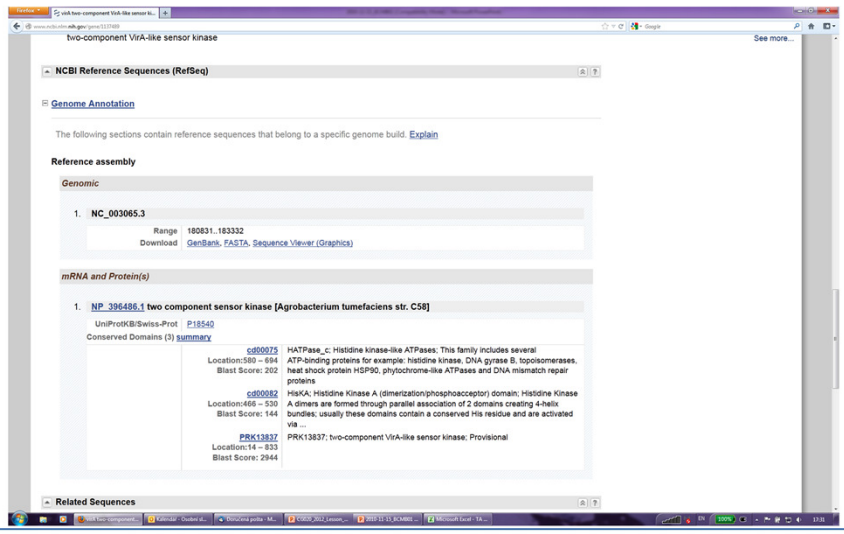
RefSeq identifiers include the following formats:

Complete genome	NC_######
Complete chromosome	NC_######
Genomic contig	NT_######
mRNA (DNA format)	NM_###### e.g. NM_006744
Protein	NP_###### e.g. NP_006735

J. Pevsner,
http://www.bioinfbook.org/index.php

EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

RefSeq



EVROPSKÁ UNIE

MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY

OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost

INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

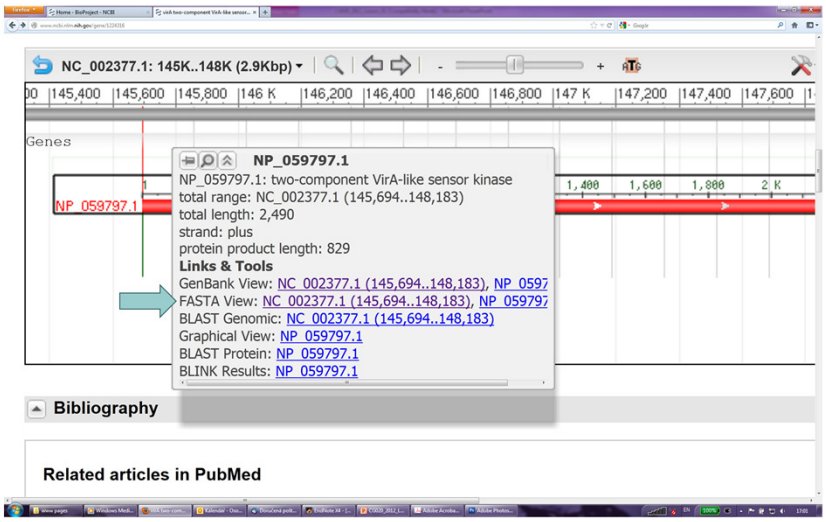
NCBI's RefSeq project: many accession number formats for genomic, mRNA, protein sequences

Accession	Molecule	Method	Note
AC_123456	Genomic	Mixed	Alternate complete genomic
AP_123456	Protein	Mixed	Protein products; alternate
NC_123456	Genomic	Mixed	Complete genomic molecules
NG_123456	Genomic	Mixed	Incomplete genomic regions
NM_123456	mRNA	Mixed	Transcript products; mRNA
NM_123456789	mRNA	Mixed	Transcript products; 9-digit
NP_123456	Protein	Mixed	Protein products;
NP_123456789	Protein	Curation	Protein products; 9-digit
NR_123456	RNA	Mixed	Non-coding transcripts
NT_123456	Genomic	Automated	Genomic assemblies
NW_123456	Genomic	Automated	Genomic assemblies
NZ_ABCD12345678	Genomic	Automated	Whole genome shotgun data
XM_123456	mRNA	Automated	Transcript products
XP_123456	Protein	Automated	Protein products
XR_123456	RNA	Automated	Transcript products
YP_123456	Protein	Auto. & Curated	Protein products
ZP_12345678	Protein	Automated	Protein products

J. Pevsner, http://www.bioinfbook.org/index.php

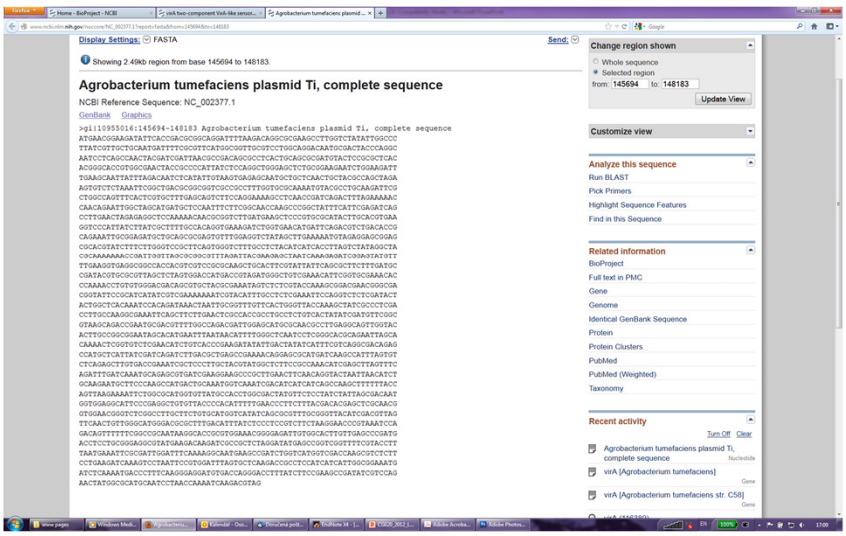
EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Primární databáze



EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Primární databáze



EVROPSKÁ UNIE

MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY

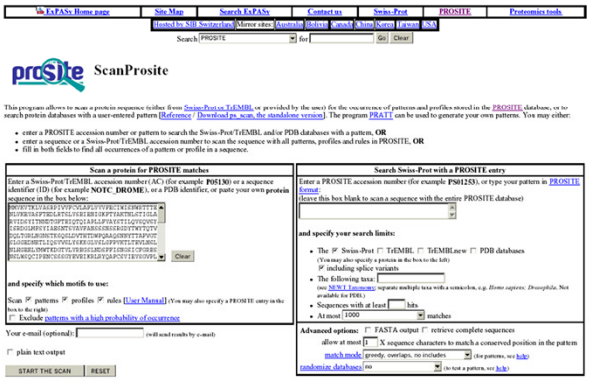
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost

INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Sekundární databáze

- databáze funkčních nebo strukturálních ***motivů*** získaných srovnáváním primárních dat (sekvencí)
  - PROSITE, http://www.expasy.org/prosite/

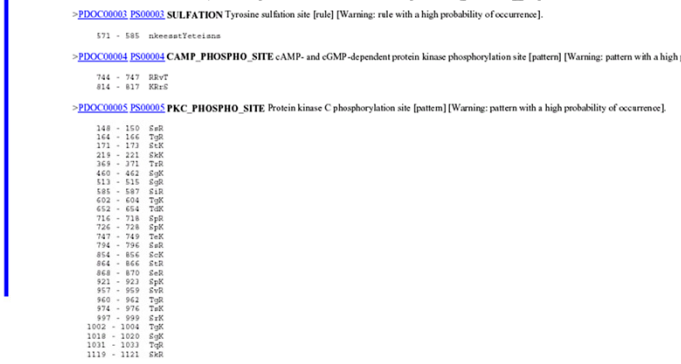


EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

- Doplnit dalsi DB (Blanka P.)

Sekundární databáze

- databáze funkčních nebo strukturálních ***motivů*** získaných srovnáváním primárních dat (sekvencí)
  - PROSITE, http://www.expasy.org/prosite/



>PDOC00003 PS00003 **SULFATION** Tyrosine sulfation site [rule] [Warning: rule with a high probability of occurrence].

571 - 585 nkeeatYeteisns

>PDOC00004 PS00004 **CAMP_PHOSPHO_SITE** cAMP- and cGMP-dependent protein kinase phosphorylation site [pattern] [Warning: pattern with a high probability of occurrence].

744 - 747 RRvT
814 - 817 KRrS

>PDOC00005 PS00005 **PKC_PHOSPHO_SITE** Protein kinase C phosphorylation site [pattern] [Warning: pattern with a high probability of occurrence].

148 - 150 SsR
164 - 166 TgR
171 - 173 ItK
219 - 221 SkK
369 - 371 TrR
460 - 462 SgK
513 - 515 SgR
585 - 587 SiR
602 - 604 TgK
652 - 654 TdK
716 - 718 SpR
726 - 728 SpK
747 - 749 TeK
794 - 796 SaR
854 - 856 ScK
864 - 866 StR
868 - 870 SeR
921 - 923 SpK
957 - 959 SvR
960 - 962 TgR
974 - 976 TaK
997 - 999 SrK
1002 - 1004 TgK
1018 - 1020 SgK
1031 - 1033 TqR
1119 - 1121 SkR

- Doplnit dalsi DB (Blanka P.)

Sekundární databáze

- databáze funkčních nebo strukturálních ***motivů*** získaných srovnáváním primárních dat (sekvencí)
- PROSITE, http://www.expasy.org/prosite/

>PDOC50109 PS50109 **HIS_KIN** Histidine kinase domain [profile].

```
402 - 671   NASHDIRGALAGMKGLIDICRDGVKPGSDVDTTLNQVWVCAKDLVALLNSVLDMSKIESG
            KMQLVHEDPNLSKLLEDVIDFYHPVAMKKGVDVVLDPHDgsvfKPSNVRGDSGRLKQILN
            NLVSNAVKFTVD--GHIAVRAWAQrpgsnssvvlasypkgvskfvksmfcknkeesstye
            teissirnnanTMEFVFEVDDTGKGIPMEMRKSVFENYVQVREtAQGHQGTGLGLGIVQ
            SLVRLMGGEIRITDKAMGekGTCPQFNVLLTT
```

>PDOC50110 PS50110 **RESPONSE_REGULATORY** Response regulatory domain [profile].

```
987 - 1085  RVLVVDDNPISRKVATGKLKKMGVSeVEQCDSGKEALRLVTEGLtqreeqgsvdklpFDY
            IFMDCQMPEMDGYEATREIRkvekSYGVRTPIIAVSGHD--------------------
            ------------
```

Graphical summary of hits ***(java applet)***

98 hits with 12 PROSITE entries

ExPASy Home page	Site Map	Search ExPASy	Contact us	Swiss-Prot	PROSITE	Proteomics tools

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

- Doplnit dalsi DB (Blanka P.)

Sekundární databáze

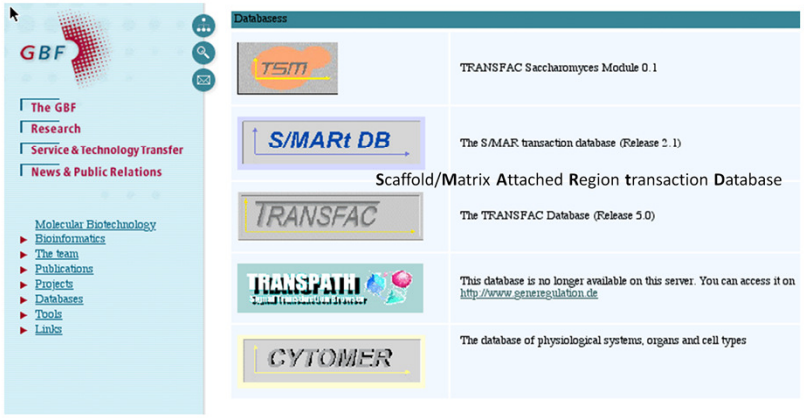
- databáze funkčních nebo strukturálních ***motivů*** získaných srovnáváním primárních dat (sekvencí)
  - PRINTS, http://www.bioinf.man.ac.uk/dbbrowser/PRINTS/

EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

- Doplnit dalsi DB (Blanka P.)

Sekundární databáze

- TRANSFAC http://www.gene-regulation.com/



EVROPSKÁ UNIE esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

S/MARt DB (saffold/matrix attached region transaction database). This database collects information about S/MARs and the nuclear matrix proteins that are supposed be involved in the interaction of these elements with the nuclear matrix. http://transfac.gbf.de/SMARtDB/index.html)

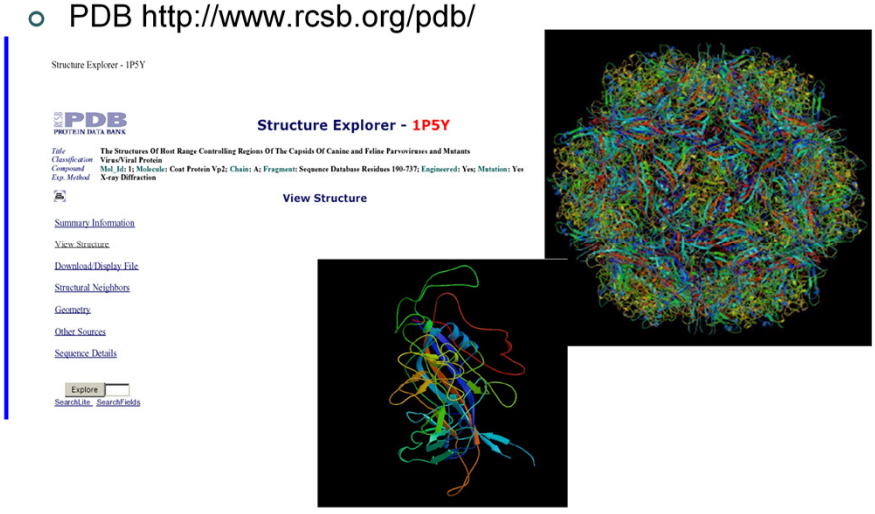
Strukturální databáze

- PDB http://www.rcsb.org/pdb/

EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Strukturální databáze

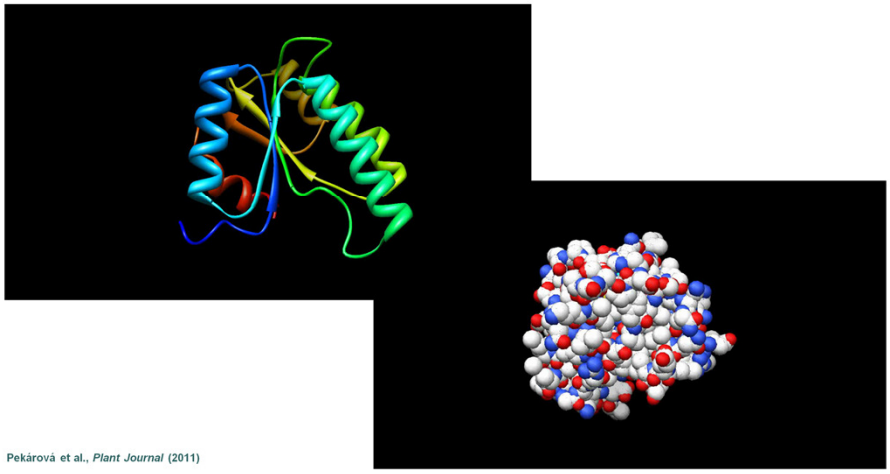
- PDB http://www.rcsb.org/pdb/



EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Strukturální databáze

- PDB http://www.rcsb.org/pdb/



Pekárová et al., *Plant Journal* (2011)

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

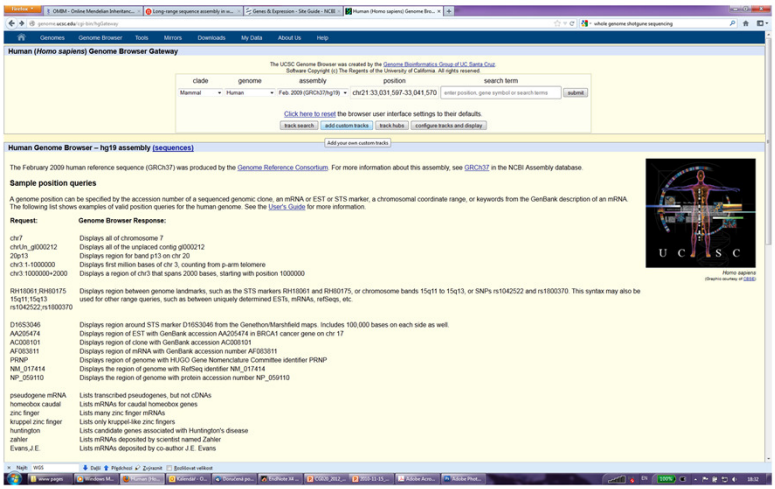
Osnova

- Schéma předmětu
- Definice
- Role BIOINFORMATIKY v současném pojetí FUNKČNÍ GENOMIKY
- Databáze
  - Spektrum „on-line“ zdrojů
  - PRIMÁRNÍ, SEKUNDÁRNÍ a STRUKTURÁLNÍ databáze
  - GENOMOVÉ zdroje

EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Genomové zdroje

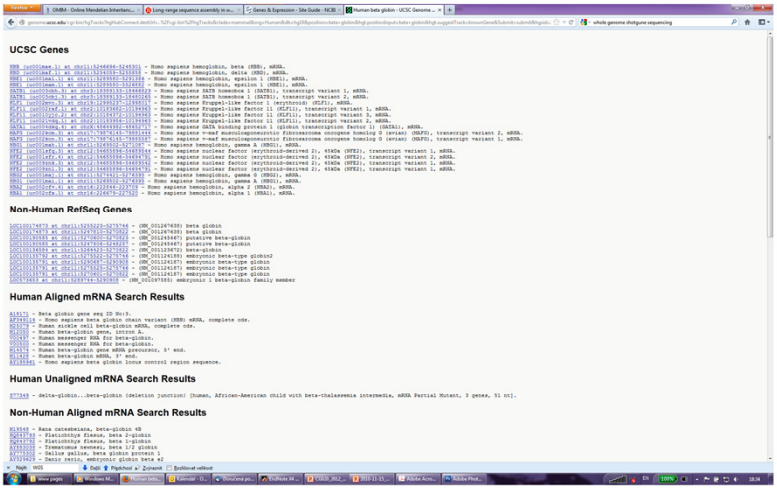
- Human Genome Browser http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway



EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Genomové zdroje

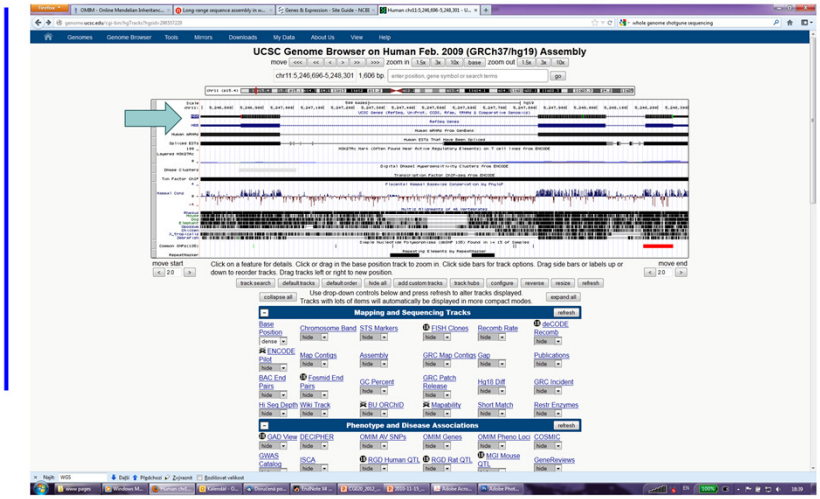
- Human Genome Browser http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway



EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Genomové zdroje

- Human Genome Browser http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway



EVROPSKÁ UNIE

MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY

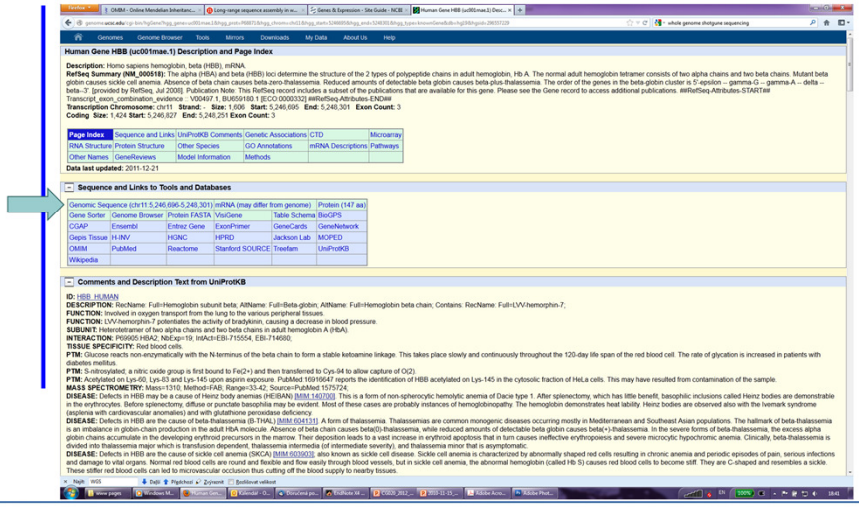
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost

INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Genomové zdroje

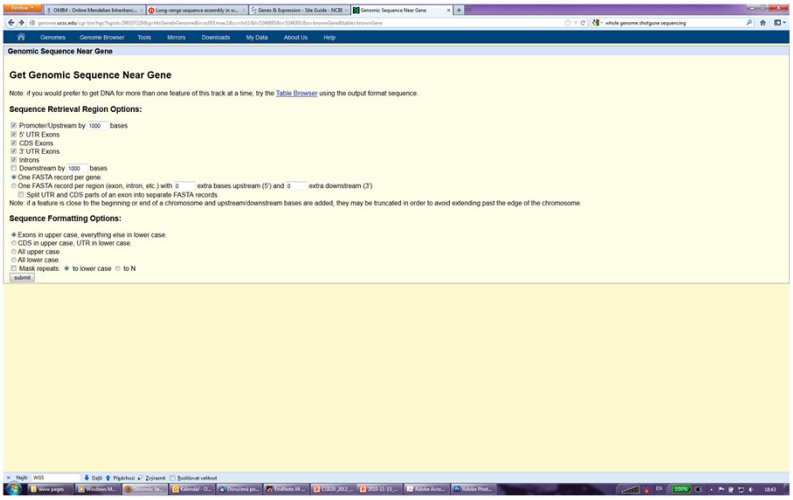
- Human Genome Browser http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway



EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Genomové zdroje

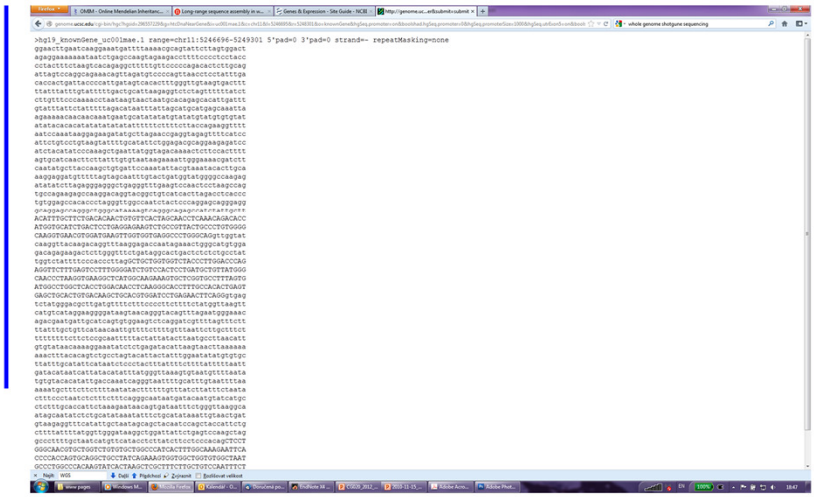
- Human Genome Browser http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway



EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Genomové zdroje

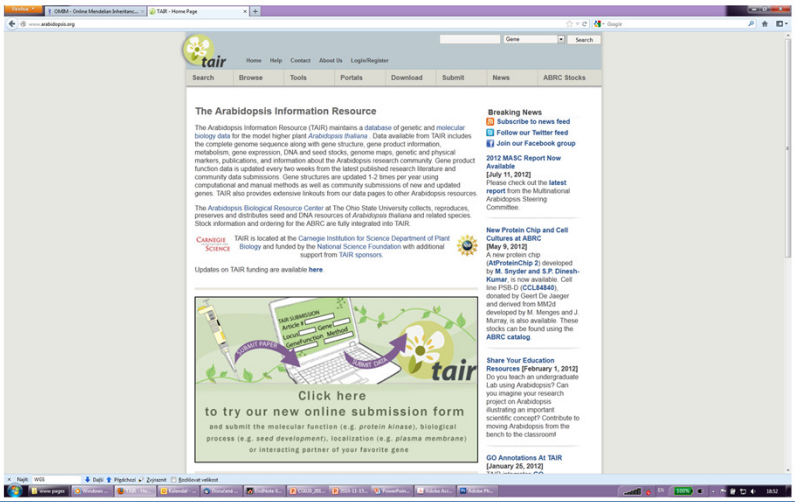
- Human Genome Browser http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway



EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Genomové zdroje

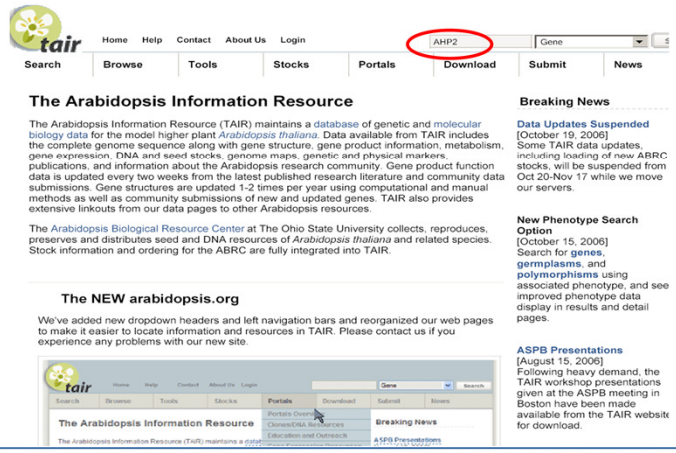
- The Arabidopsis Information Resource (TAIR) http://www.arabidopsis.org



EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Genomové zdroje

- TAIR, The Arabidopsis Information Resource, http://www.arabidopsis.org



EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

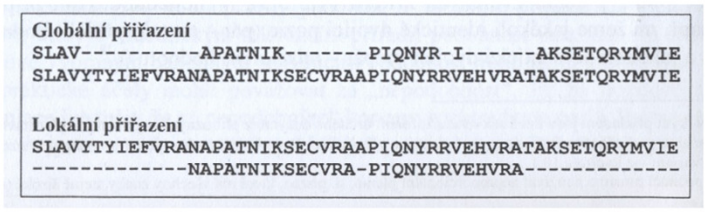
Osnova

- Schéma přednášky
- Role BIOINFORMATIKY v současném pojetí FUNKČNÍ GENOMIKY
- Databáze
  - Spektrum „on-line“ zdrojů
  - PRIMÁRNÍ, SEKUNDÁRNÍ a STRUKTURÁLNÍ databáze
  - GENOMOVÉ zdroje
- Analytické nástroje
  - Vyhledávání homologií

EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Analytické nástroje

- Globální vs. lokální přiřazení



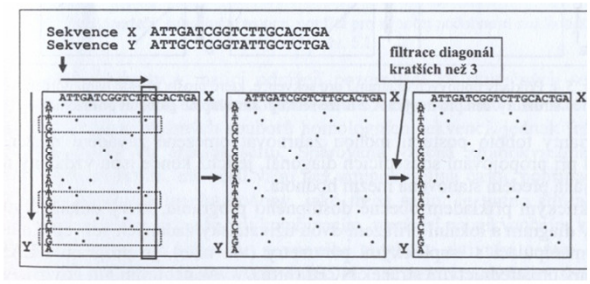
Cvrčková, Úvod do praktické bioinformatiky

- globální přiřazení pouze u sekvencí, které jsou si podobné (za cenu vnášení mezer do jedné nebo obou sekvencí)
- globální přiřazení se používá především v případě mnohačetného přiřazování (CLUSTALW, viz dále)
- lokální přiřazení umožní identifikaci a srovnání i v případě porovnávání pouze **úseků sekvencí** s významnou mírou podobnosti, např. i při záměně pořadí proteinových domén během evoluce

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Analytické nástroje

- Volba správného typu přiřazení pomocí bodového diagramu (dotplot)



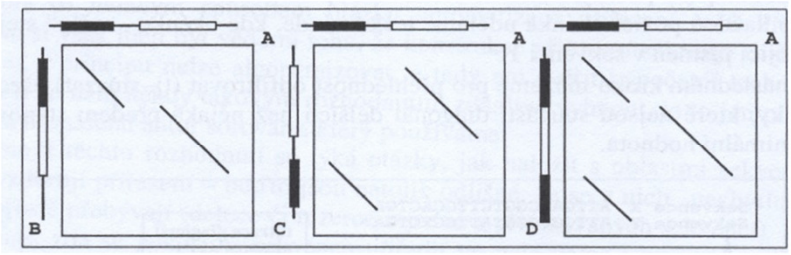
Cvrčková, Úvod do praktické bioinformatiky

  - vynesení sekvencí proti sobě
  - identifikace shody v okně o dané velikosti (např. 2 bp)
  - „odfiltrování“ diagonál o délce menší než je mezní hodnota (threshold)

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Analytické nástroje

- příklady srovnání sekvencí pomocí bodového diagramu



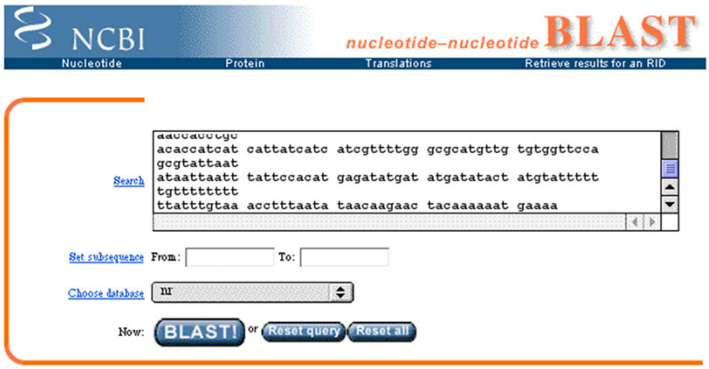
Cvrčková, Úvod do praktické bioinformatiky

- globálně lze srovnávat pouze sekvence A, B
- ostatní sekvence prošly během evoluce záměnou domén a je nutné je porovnávat lokálně
- bodový diagram lze získat pomocí srovnávání programem BLAST2 (viz dále)

EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Analytické nástroje

- BLAST http://ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/

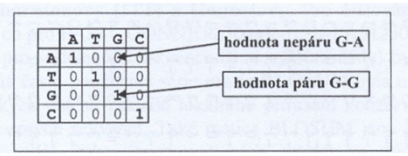


EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

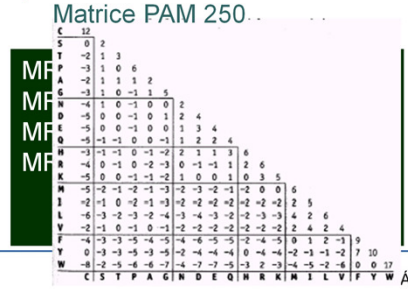
BLAST

Basic **L**ocal **A**lignment **S**earch **T**ool

- Velikost vyhledávacího slova (word size): 10-11 bp, resp. 2-3 aa
  - Primární podobnosti (seed matches)
  - Rozšiřování oblasti homologie doprava i doleva
- Hodnocení homologie pomocí matice PAM (Point Accepted Mutation) nebo BLOSUM (BLOcks Substitution Matrix)
- Zobrazení výsledků



Matrice PAM 250

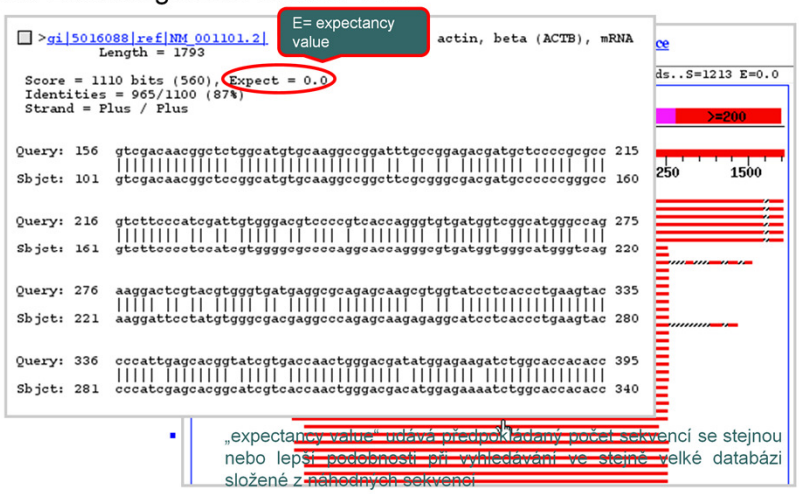


Cvrčková, Úvod do praktické bioinformatiky

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
ÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

BLAST

Basic **L**ocal **A**lignment **S**earch **T**ool



- „expectancy value" udává předpokládaný počet sekvencí se stejnou nebo lepší podobností při vyhledávání ve stejně velké databázi složené z náhodných sekvencí
- výsledek udává frakci totožných a u proteinů i podobných pozic, příp. počet vložených mezer

EVROPSKÁ UNIE

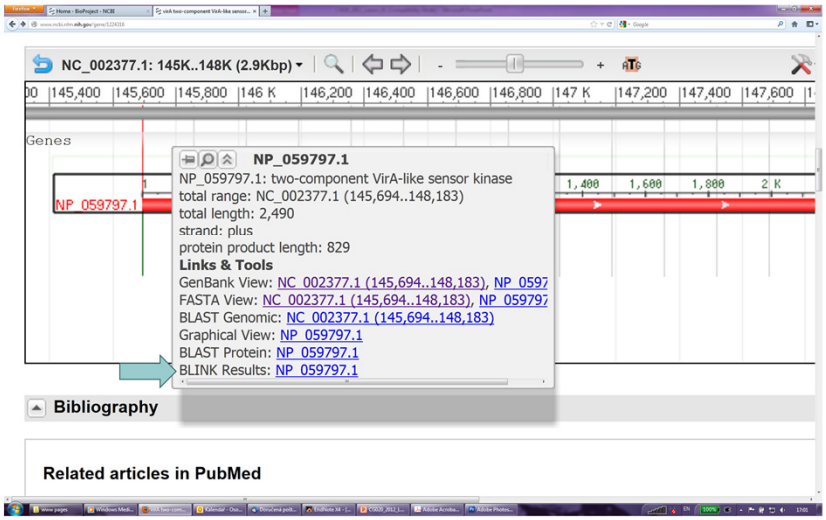
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY

OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost

INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Primární databáze

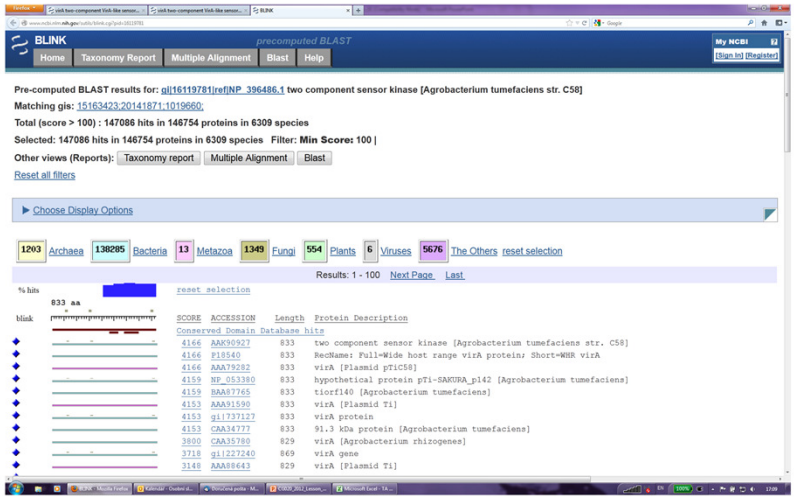


EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

BLINK is a link to the pre-computed BLAST search results for the respective sequence (see the next slide).

BLAST

Basic **L**ocal **A**lignment **S**earch **T**ool



EVROPSKÁ UNIE

MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY

OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost

INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

BLAST

Specializované verze

- V současnosti existuje celá řad specializovaných verzí programu BLAST
  - vyhledávání podle zdroje (organismu) sekvencí, např. známých genomů mikroorganismů
  - **BLASTP**
    - vyhledávání podobnosti k proteinu v databázi proteinových sekvencí
  - **BLASTN**
    - vyhledávání podobnosti k nukleotidové sekvenci v databázi nukleotidových sekvencí
    - další varianty jako např. MEGABLAST pro identifikaci totožných nebo velice podobných sekvencí (vyhledává dlouhé podobné úseky nukl. sekvencí)
  - **BLASTX**
    - vyhledávání podobnosti k proteinu v databázi nukleotidových sekvencí přeložených do sekvence aa

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

BLAST

Specializované verze

- V současnosti existuje celá řad specializovaných verzí programu BLAST

  - **TBLASTN**
    - vyhledávání k sekvenci nukleotidů přeložené do sekvence aa v databázi proteinů
  - **TBLASTX**
    - vyhledávání k sekvenci nukleotidů přeložené do sekvence aa v databázi nukleotidových sekvencí přeložených do sekvence aa

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

BLAST

Specializované verze

- V současnosti existuje celá řad specializovaných verzí programu BLAST

  - **PSI-BLAST** (**P**osition-**S**pecific **I**terated Blast)
    - Prvním krokem je standardní BLAST, při kterém PSI-BLAST identifikuje skupinu podobných sekvencí s E hodnotou lepší než minimální hodnota (standardně 0,005)
    - PSI-BLAST vytváří pro každé přiřazení tzv. PSSM (position specific substitution matrix)
    - PSSM matice zohledňuje výskyt jedné aminokyseliny ve stejné pozici se zvýšenou frekvencí u sekvencí identifikovaných jako podobné v prvním kole pomocí BLAST, což může znamenat funkční konzervovanost

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

BLAST

Specializované verze

- V současnosti existuje celá řada specializovaných verzí programu BLAST

  - **PHI-BLAST** (**P**attern-**H**it **I**nitiatedBlast)
    - Určen k identifikaci specifické sekvence, např. motivu (pattern) v sekvenci podobných proteinových sekvencí
    - Sekvenci motivu je třeba vložit pomocí speciálního syntaxu
      - [LVIMF] znamená buď Leu, Val, Ile, Met nebo Phe
      - - je oddělovník (neznamená nic)
      - x(5) znamená 5 jakýchkoliv aminokyselin
      - x(3, 5) znamená 3 až 5 jakýchkoliv aminokyselin

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

BLAST

Specializované verze

- Příklad vyhledávání pomocí PHI-BLAST

```
>gi|4758958|ref|NP_004148.1| Human cAMP-dependent protein kinase
MSHIQIPPGLTELLQGYTVEVLRQQPPDLVEFAVEYFTRLREARAPASVLPAATPRQSLGHPPPEPGPDR
VADAKGDSESEEDEDLEVPVPSRFNRRVSVCAETYNPDEEEEDTDPRVIHPKTDEQRCRLQEACKDILLF
KNLDQEQLSQVLDAMFERIVKADEHVIDQGDDGDNFYVIERGTYDILVTKDNQTRSVGQYDNRGSFGELA
LMYNTPRAATIVATSEGSLWGLDRVTFRRIIVKNNAKKRKMFESFIESVPLLKSLEVSERMKIVDVIGEK
IYKDGERIITQGEKADSFYIIESGEVSILIRSRTKSNKDGGNQEVEIARCHKGQYFGELALVTNKPRAAS
AYAVGDVKCLVMDVQAFERLLGPCMDIMKRNISHYEEQLVKMFGSSVDLGNLGQ

[LIVMF]-G-E-x-[GAS]-[LIVM]-x(5,11)-R-[STAQ]-A-x-[LIVMA]-x-[STACV].
```

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

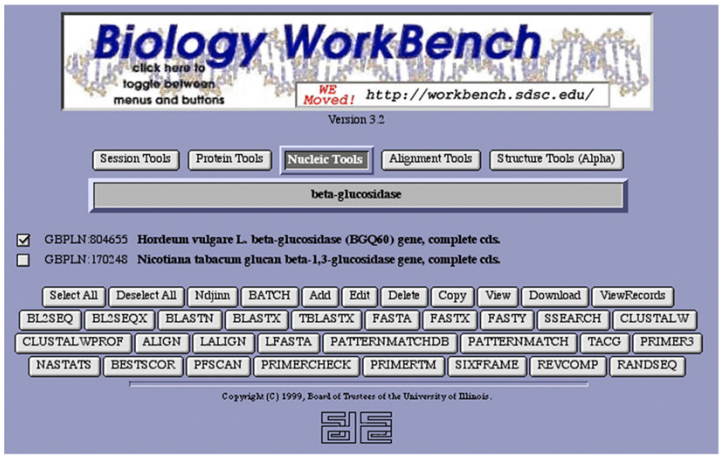
Osnova

- Schéma přednášky
- Role BIOINFORMATIKY v současném pojetí FUNKČNÍ GENOMIKY
- Databáze
  - Spektrum „on-line“ zdrojů
  - PRIMÁRNÍ, SEKUNDÁRNÍ a STRUKTURÁLNÍ databáze
  - GENOMOVÉ zdroje
- Analytické nástroje
  - Vyhledávání homologií
  - Vyhledávání sekvenčních motivů, otevřených čtecích rámců, restrikčních míst….

EVROPSKÁ UNIE esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Analytické nástroje

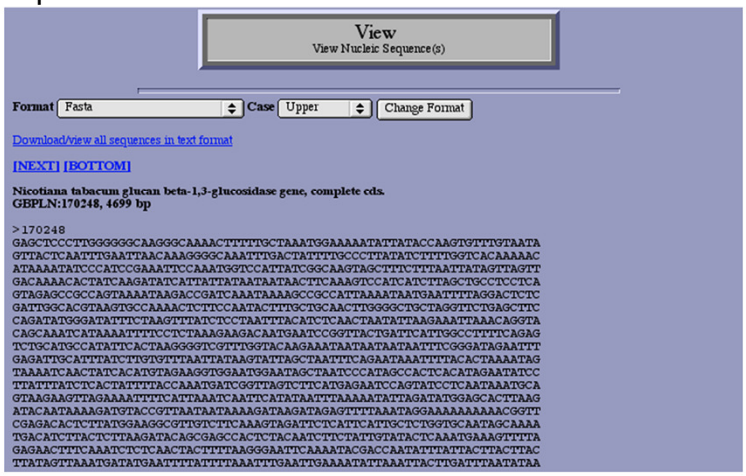
- http://workbench.sdsc.edu/



EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Analytické nástroje

- http://workbench.sdsc.edu/



Analytické nástroje

- http://workbench.sdsc.edu/

Regex pattern:

ctt.{1,32}ctt

0 sequences were searched

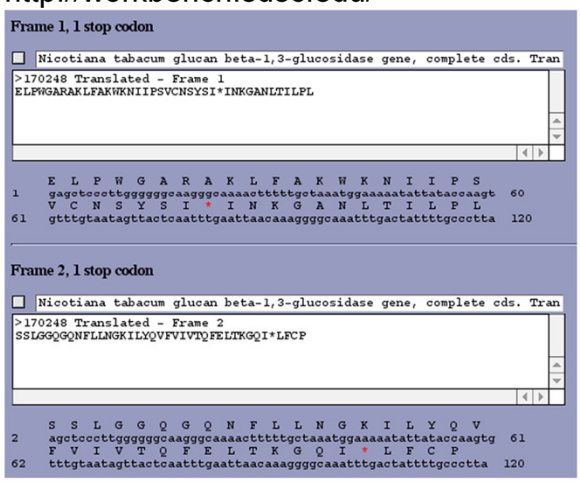
1 match was found

Matches are indicated in blue

>170248
GAGCTCCCTTGGGGGGCAAGGGCAAAACTTTTTGCTAAATGGAAAAATATTATACCAAGTGTTTGTAATA
GTTACTCAATTTGAATTAACAAAGGGGCAAATTTGACTATTTTGCCCTTATATCTTTTGGTCACAAAAAC
ATAAAATATCCCATCCGAAATTCCAAATGGTCCATTATCGGCAAGTAGCTTTCTTTAATTATAGTTAGTT
GACAAAACACTATCAAGATATCATTATTATAATAATAACTTCAAGTCCATCATCTTAGCTGCCTCCTCA
GTAGAGCCGCCAGTAAAATAAGACCGATCAAATAAAAGCCGCCATTAAAATAATGAATTTTAGGACTCTC
GATTGGCACGTAAGTGCCAAAACTCTTCCAATACTTTGCTGCAACTTGGGGCTGCTAGGTTCTGAGCTTC
CAGATATGGGATATTTCTAAGTTTATCTCCTAATTTACATCTCAACTAATATTAAGAAATTAAACAGGTA
CAGCAAATCATAAAATTTTCCTCTAAAGAAGACAATGAATCCGGTTACTGATTCATTGGCCTTTTCAGAG
TCTGCATGCCATATTCACTAAGGGGTCGTTTGGTACAAGAAATAATAATAATAATTTCGGGATAGAATTT
GAGATTGCATTTATCTTGTGTTTAATTATAAGTATTAGCTAATTTCAGAATAAATTTTACACTAAAATAG
TAAAATCAACTATCACATGTAGAAGGTGGAATGGAATAGCTAATCCCATAGCCACTCACATAGAATATCC
TTATTTATCTCACTATTTTACCAAATGATCGGTTAGTCTTCATGAGAATCCAGTATCCTCAATAAATGCA
GTAAGAAGTTAGAAAATTTTCATTAAATCAATTCATATAATTTAAAAATATTAGATATTGAGCACTTAAG
ATACAATAAAGATGTACCGTTAATAATAAAGATAAGATAGAGTTTTAAATAGGAAAAAAAAAACGGTT
CGAGACACTTTTATGGAAGGCGTTGTCTTCAAAGTAGATTCTCATTCATTGCTCTGGTGCAATAGCAAAA
TGACATCTTACTCTTAAGATACAGCGAGCCACTCTACAATCTTCTATTGTATACTCAAATGAAGTTTTA
GAGAACTTTCAAATCTCTCAACTACTTTTAAGGGAATTCAAAATACGACCAATATTTATTACTTACTTAC
TTATAGTTAAATGATATGAATTTTATTTTAAATTTGAATTGAAAATATTAAATTACTTGATTTAATATAA
ACAATAGATATCGCTAAGTATTTACCACAAACATGGAGATACTACAGAAGATTTTATTATTTTGTAACGAT
GATTAAGCAGCTATTCATCTGGTTGTGCAGGATGAAAGAAAGTAACTAGCTATAATTTCTTTTGTAAAGT

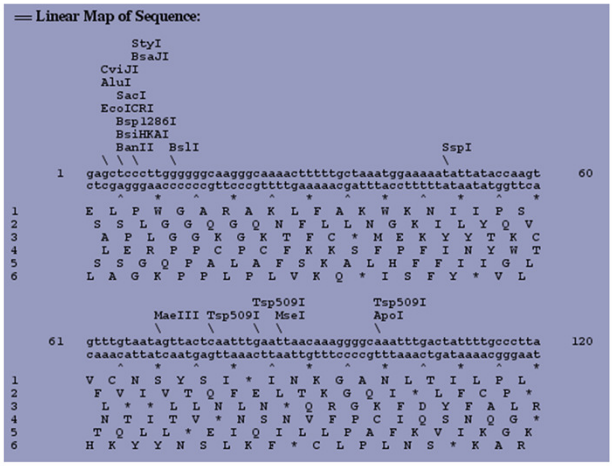
Analytické nástroje

- http://workbench.sdsc.edu/



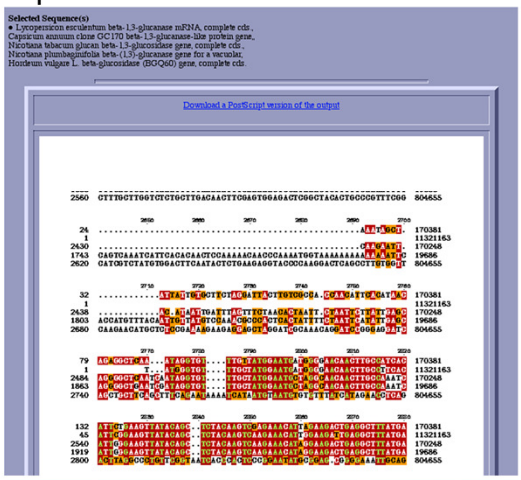
Analytické nástroje

- http://workbench.sdsc.edu/



Analytické nástroje

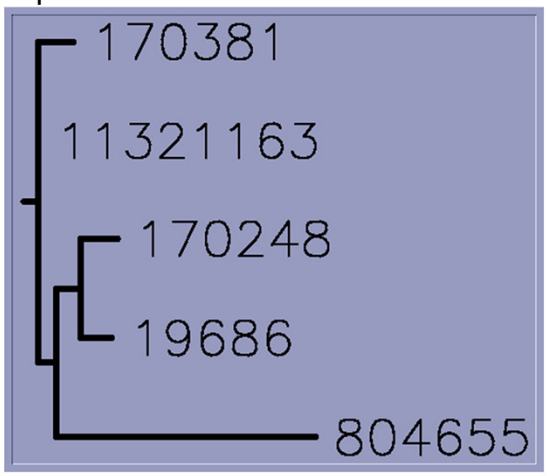
- http://workbench.sdsc.edu/



EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Analytické nástroje

- http://workbench.sdsc.edu/



EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

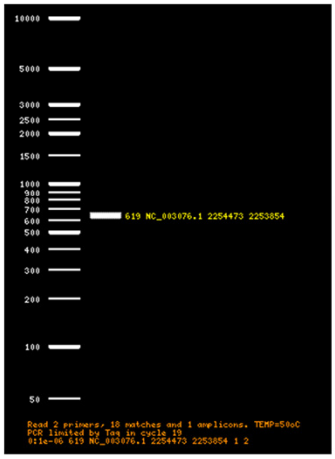
Analytické nástroje

- VPCR http://grup.cribi.unipd.it/cgi-bin/mateo/vpcr2.cgi

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Analytické nástroje

- VPCR http://grup.cribi.unipd.it/cgi-bin/mateo/vpcr2.cgi



EVROPSKÁ UNIE

MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY

OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost

INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

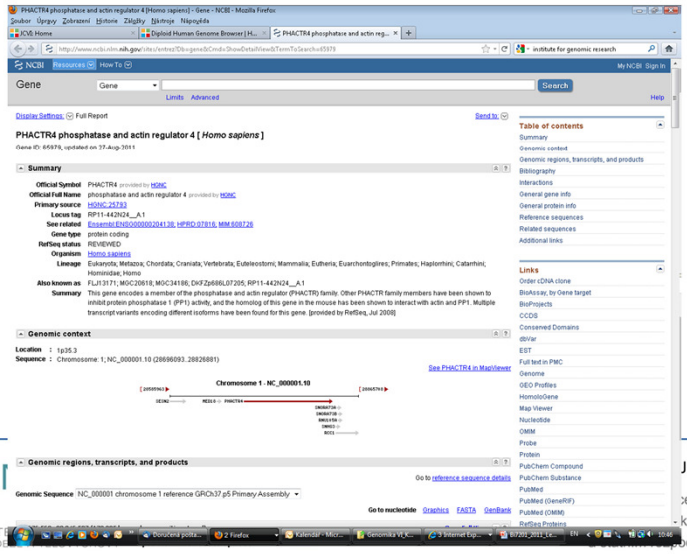
Osnova

- Schéma přednášky
- Role BIOINFORMATIKY v současném pojetí FUNKČNÍ GENOMIKY
- Databáze
  - Spektrum „on-line“ zdrojů
  - PRIMÁRNÍ, SEKUNDÁRNÍ a STRUKTURÁLNÍ databáze
  - GENOMOVÉ zdroje
- Analytické nástroje
  - Vyhledávání homologií
  - Vyhledávání sekvenčních motivů, otevřených čtecích rámců, restrikčních míst….
  - Další www genomové nástroje

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Další WWW zdroje

- TIGR (The Institute for Genomic Research, http://www.tigr.org/software/)
  - Recently part of the J. Craig Venter Institute



Další WWW zdroje

- Online Mendelian Inheritance in Man (OMIM)

EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Shrnutí

- Schéma přednášky
- Role BIOINFORMATIKY v současném pojetí FUNKČNÍ GENOMIKY
- Databáze
  - Spektrum „on-line“ zdrojů
  - PRIMÁRNÍ, SEKUNDÁRNÍ a STRUKTURÁLNÍ databáze
  - GENOMOVÉ zdroje
- Analytické nástroje
  - Vyhledávání homologií
  - Vyhledávání sekvenčních motivů, otevřených čtecích rámců, restrikčních míst….
  - Další www genomové nástroje

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Diskuse

EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky