CG020 Genomika

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
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
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Schéma předmětu

- **Kapitola 01**
  - Úvod do bioinformatiky
- **Kapitola 02**
  - Identifikace genů
- **Kapitola 03**
  - Přístupy reverzní genetiky
- **Kapitola 04**
  - Přístupy genetiky přímé

EVROPSKÁ UNIE
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**
  - Přístupy funkční genomiky
- **Kapitola 06**
  - Protein-protein interakce a jejich analýza
- **Kapitola 07**
  - Současné metody sekvenování DNA
- **Kapitola 08**
  - Struktura genomů

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**
  - Evoluce genomů
- **Kapitola 10**
  - Genomika a systémová biologie
- **Kapitola 11**
  - Praktické aspekty funkční genomiky
  - Modelové organismy
  - PCR
  - Zásady navrhování primerů

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

- Literární zdroje pro kapitolu 01:
  - **Bioinformatics and Functional Genomics**, 3rd Edition, Jonathan Pevsner, Wiley-Blackwell, 2015 http://www.bioinfbook.org/php/?q=book3
  - **Úvod do praktické bioinformatiky**, Fatima Cvrčková, 2006, Academia, Praha
  - **Plant Functional Genomics**, ed. Erich Grotewold, 2003, Humana Press, Totowa, New Jersey

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

GENOMIKA-co to je?

- *Sensu lato* (v širším pojetí) zkoumá **STRUKTURU** a **FUNKCI** genomů
  - Předpokladem je znalost genomu (sekvencí)- práce s databázemi

- *Sensu stricto (*v užším pojetí) zkoumá FUNKCI jednotlivých genů - **FUNKČNÍ GENOMIKA**
  - používá zejména přístupy REVERZNÍ GENETIKY

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

GENOMIKA-co to je?

role BIOINFORMATIKY ve FUNKČNÍ GENOMICE

Přístupy „klasické“ genetiky

3 : 1

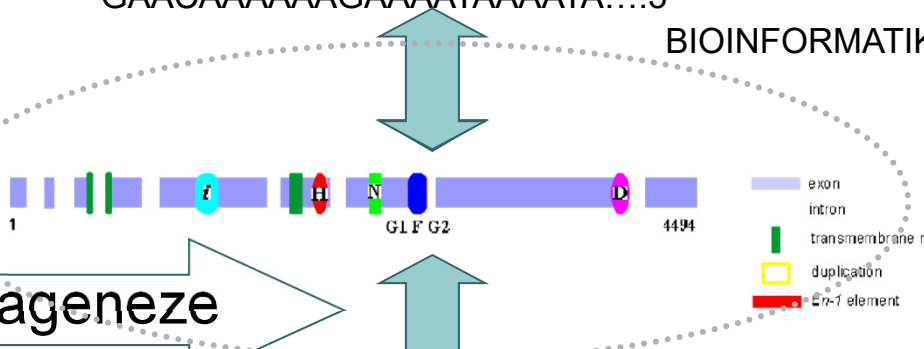
?

„Reverzně genetický“ přístup

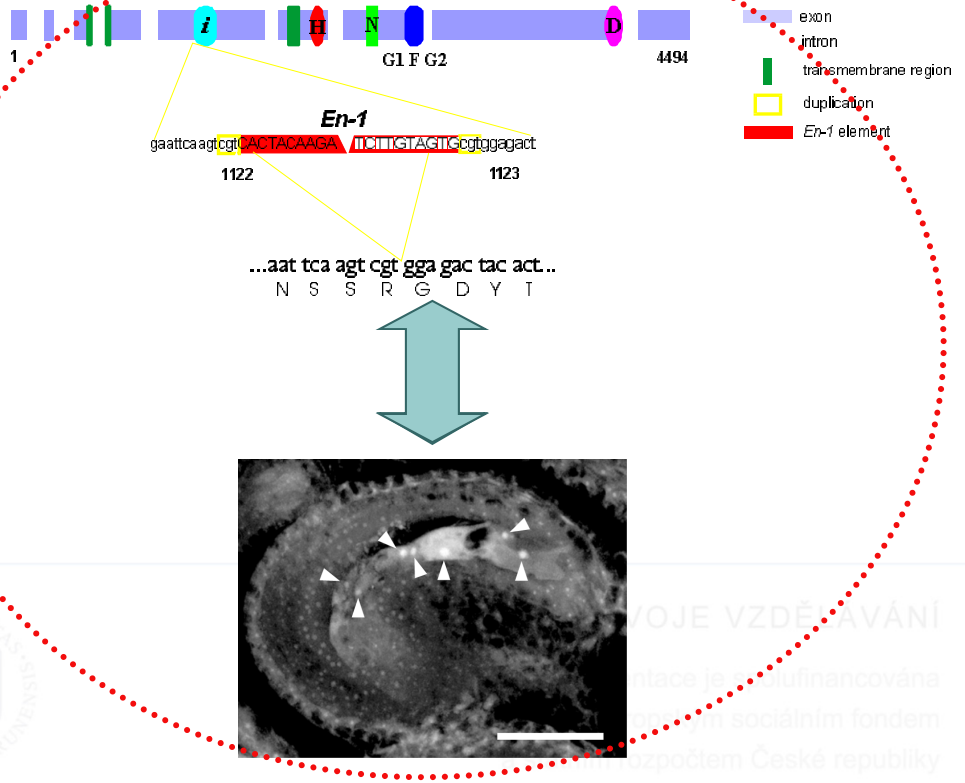
5‘TTATATATATATATTAAAAAATAAAATAAAA
GAACAAAAAAGAAAATAAAATA….3‘

BIOINFORMATIKA

inzerční mutageneze



FUNKČNÍ GENOMIKA

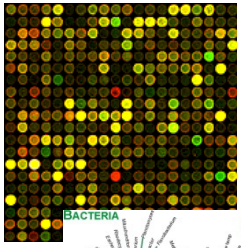


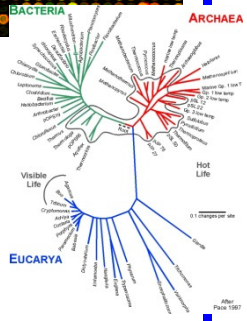
Osnova

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

EVROPSKÁ UNIE
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
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

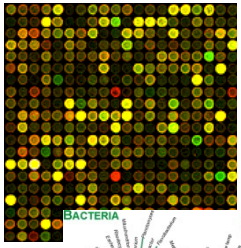
What is Bioinformatics?

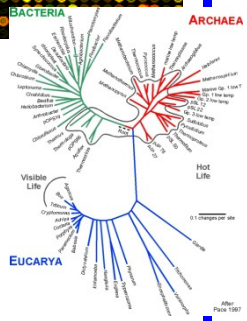
- Interface of **biology** and **computers**
- Analysis of **proteins, genes** and **genomes** using **computer algorithms** and **computer databases**
- **Genomics** is the **analysis of genomes**. The **tools of bioinformatics** are used **to make sense** of the **billions** of **base pairs of DNA**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

EVROPSKÁ UNIE
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

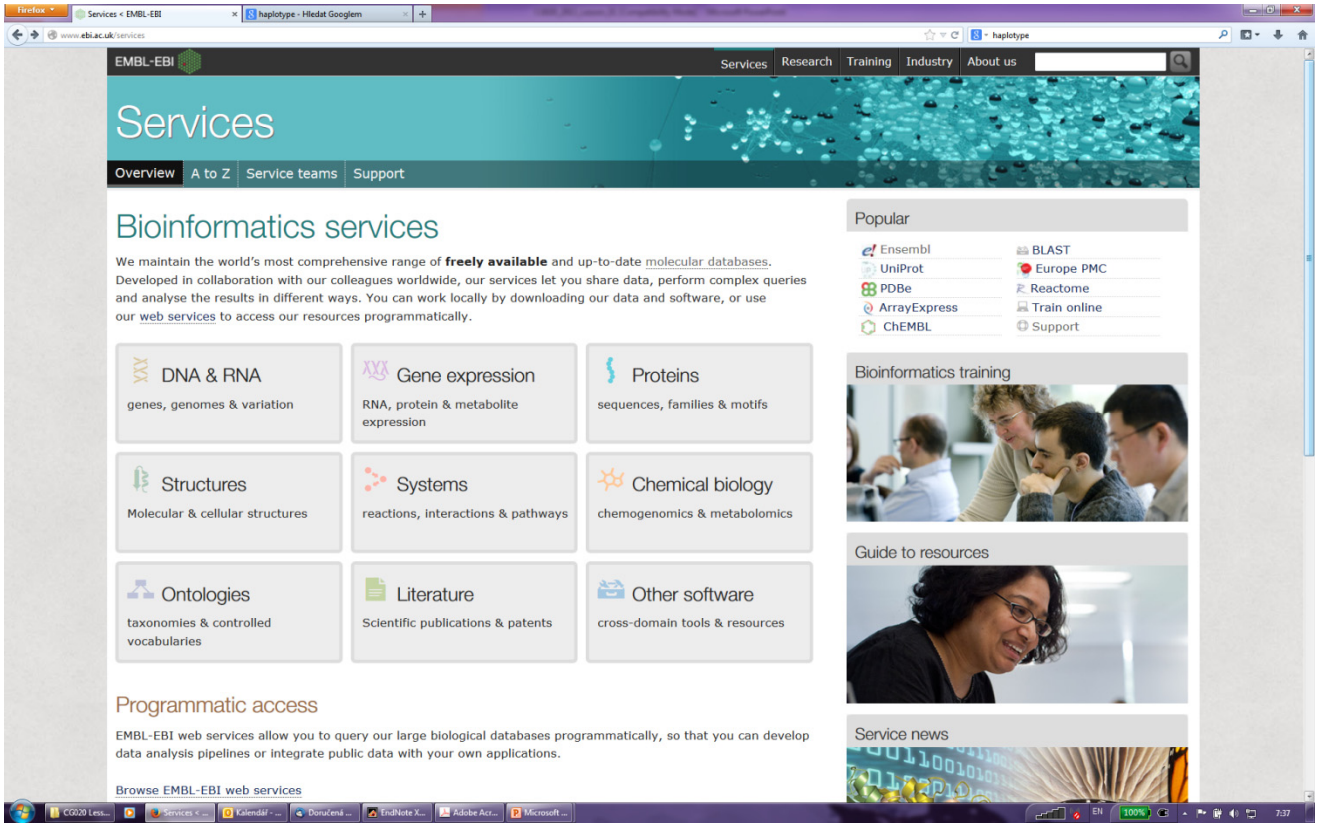
Spektrum on-line zdrojů

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
IEN-ADR	Italy	http://bio-www.ba.cnr.it:8000/BioWWW/Bio-WWW.htm
CADS/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
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Spektrum on-line zdrojů

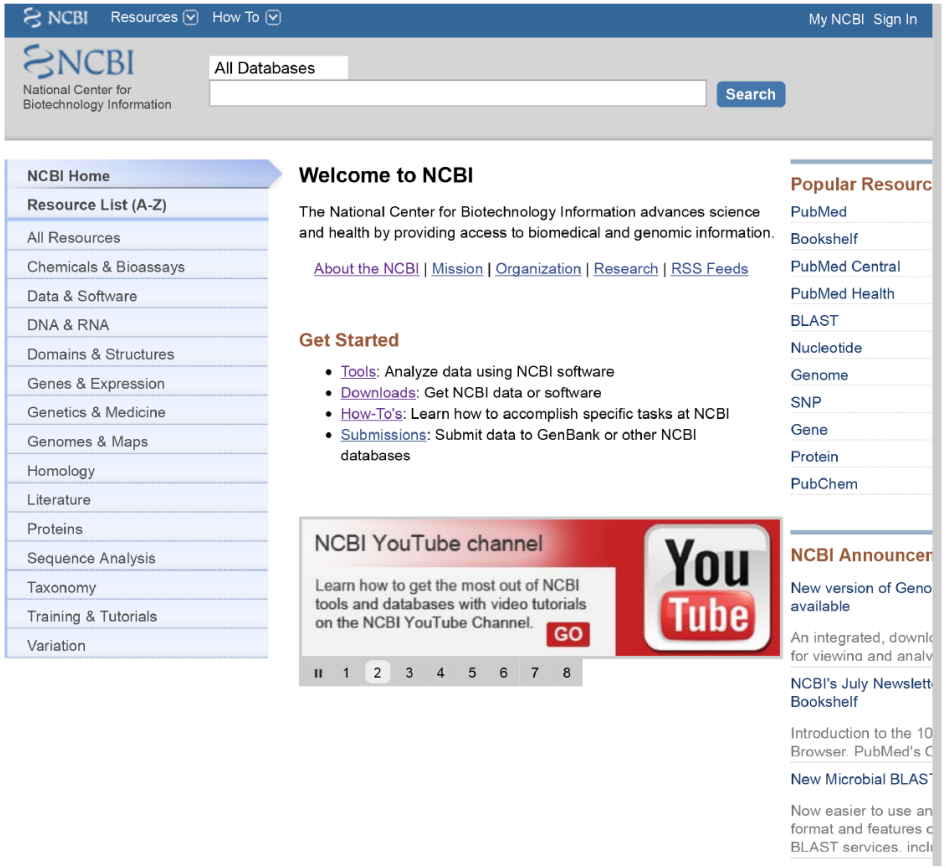
- EBI http://www.ebi.ac.uk/services

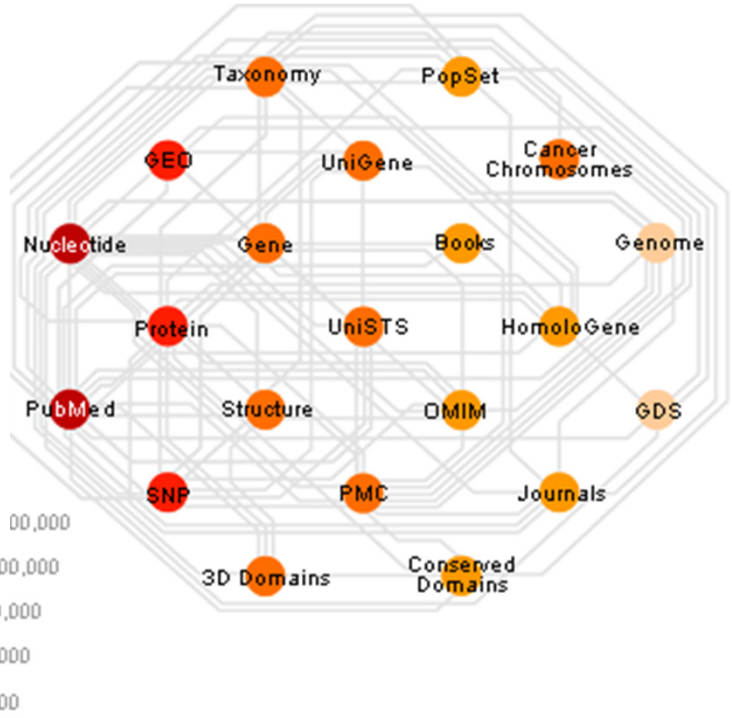


EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Spektrum on-line zdrojů

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





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

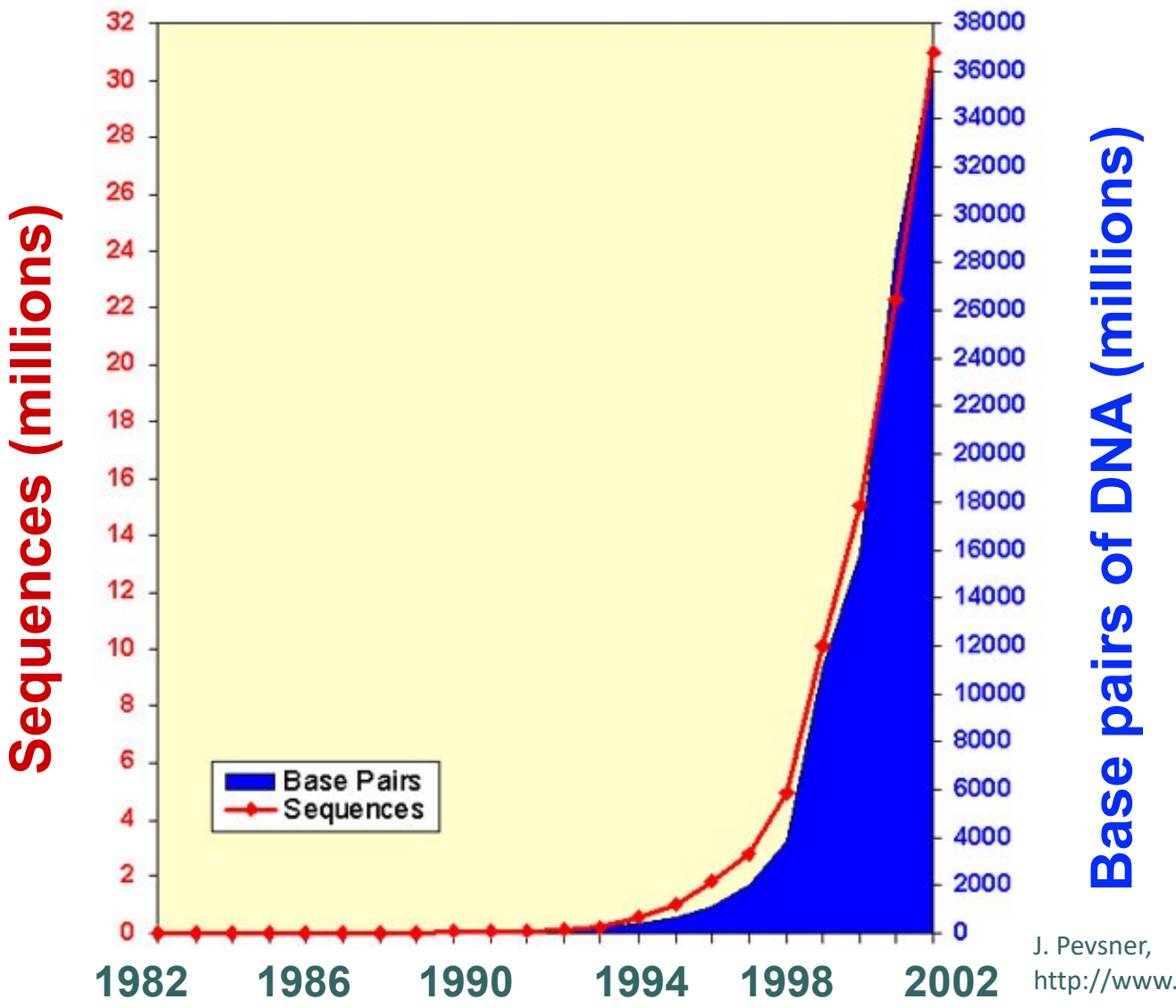
EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Primární databáze

- zahrnují soubory primárních dat – sekvencí DNA a proteinů
  - Sekvence v databázích tzv. „Velké trojky“:
    - EMBL
      - http://www.ebi.ac.uk/embl/
    - GenBank,
      - https://www.ncbi.nlm.nih.gov/
    - DDBJ,
      - http://www.ddbj.nig.ac.jp
    - denně vzájemná výměna a zálohování dat
    - velká datová náročnost (kapacita i software)

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

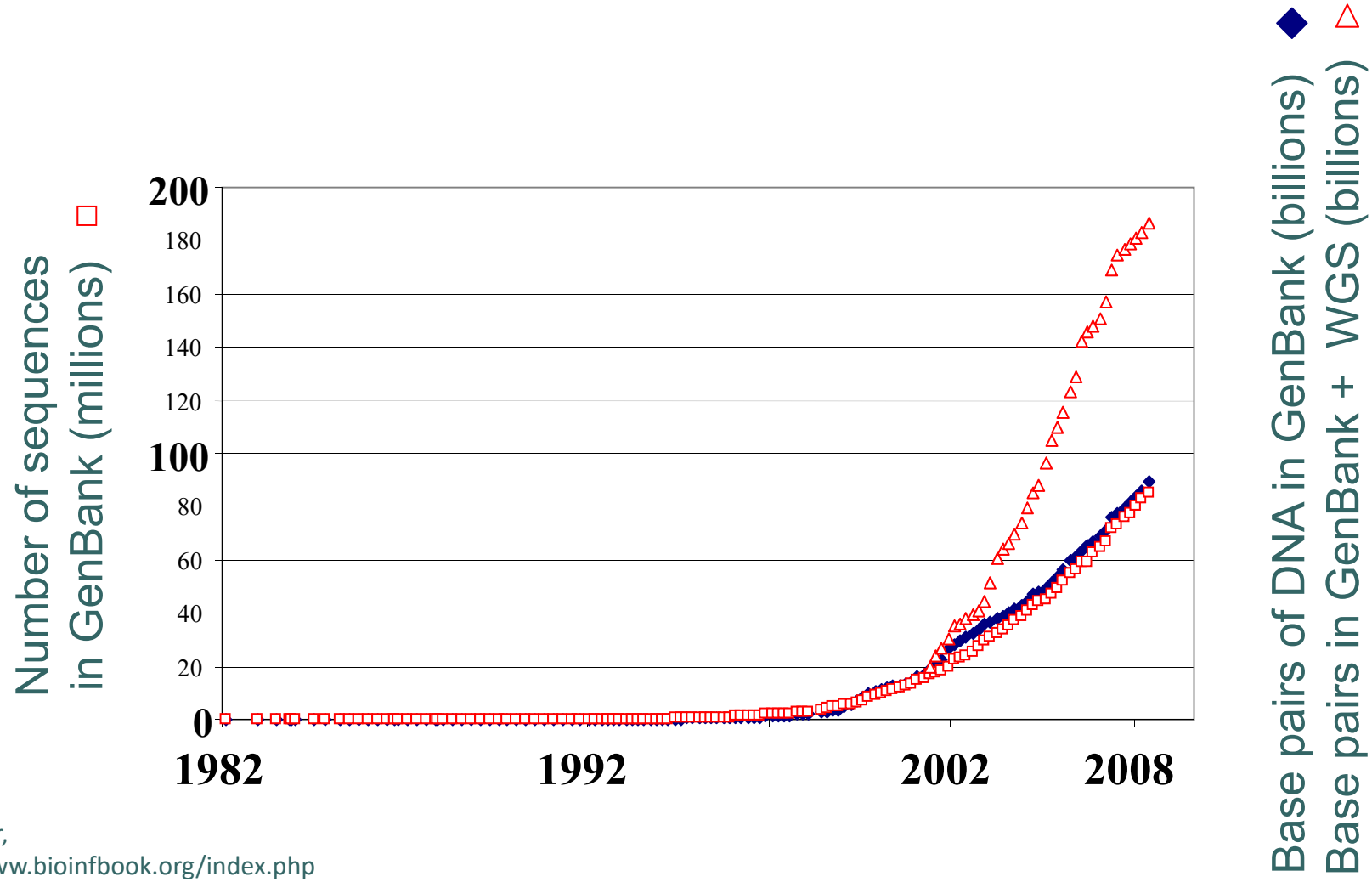
Growth of GenBank



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

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

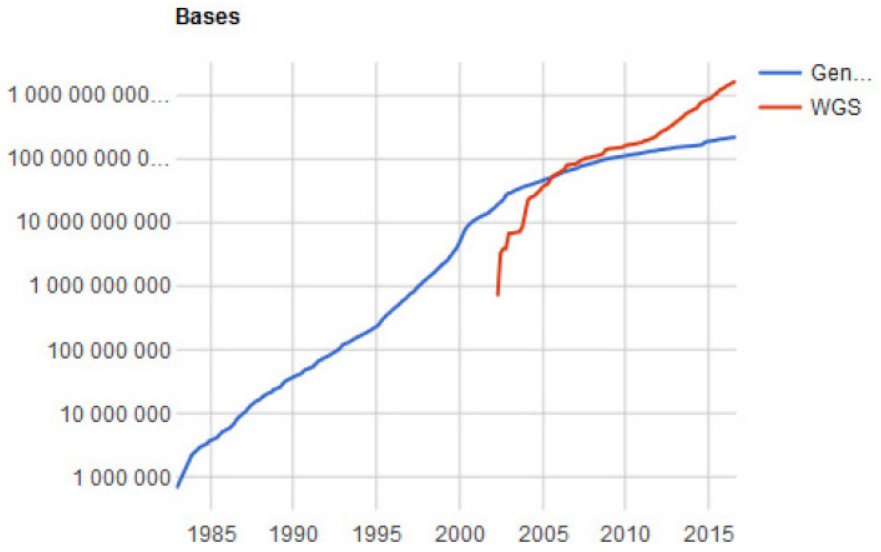


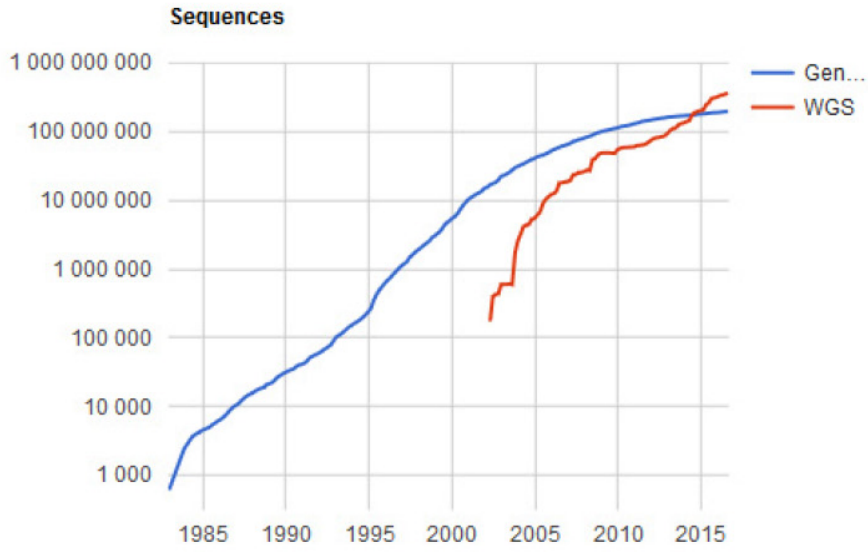
J. Pevsner,
http://www.bioinfbook.org/index.php

EVROPSKÁ UNIE
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

Aug 2016

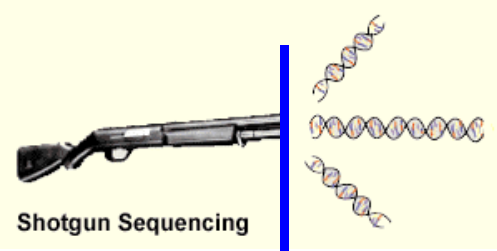




- Prosinec **1982** 680 338 bp, 606 sekvencí
- Duben **2002** 19 x 10^9 bp, 17 x 10^6 sekvencí + WGS 692 x 10^6 bp, 172 768 sekvencí
- Srpen **2016** 218 x 10^9 bp, 196 x 10^6 sekvencí + WGS 1,6 10^{12} bp, 360 x 10^6 sekvencí

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

WGS



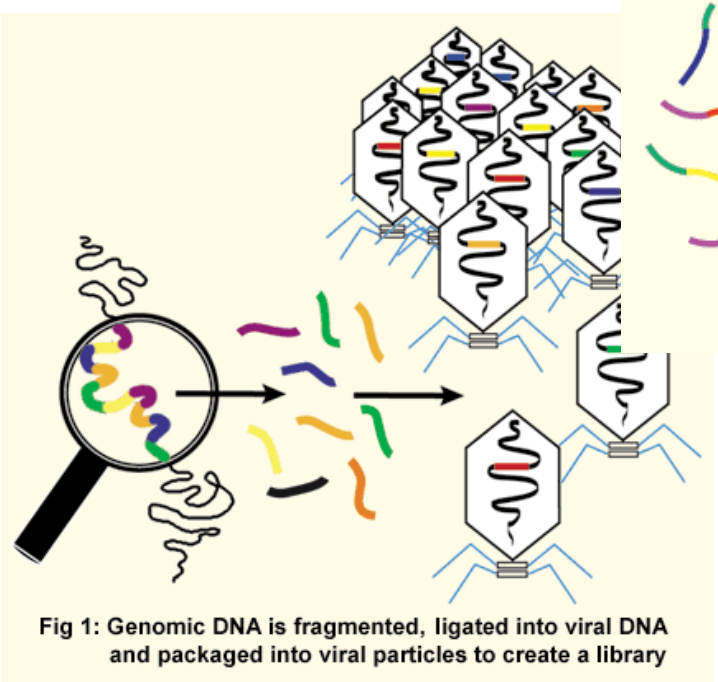


Fig 1: Genomic DNA is fragmented, ligated into viral DNA and packaged into viral particles to create a library

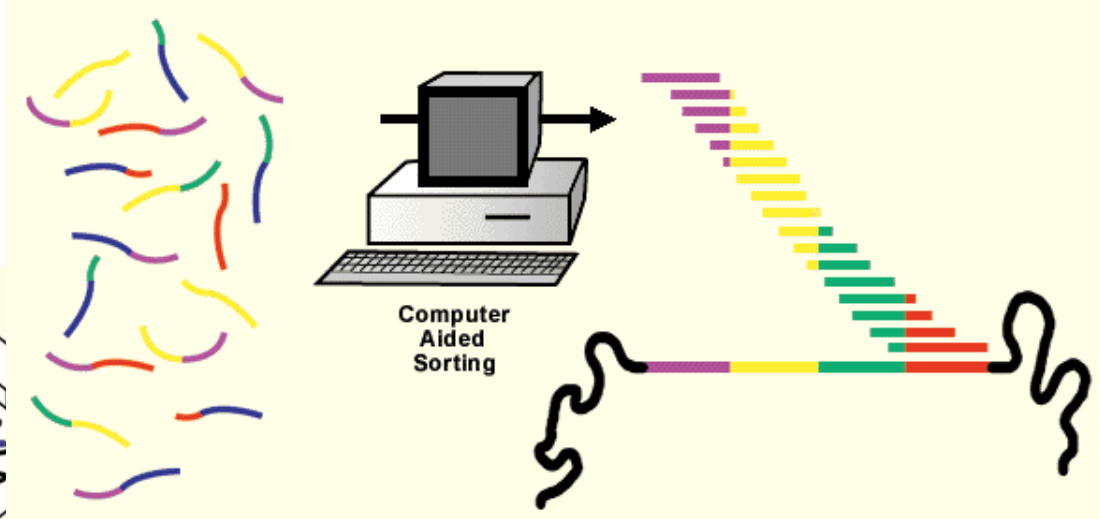
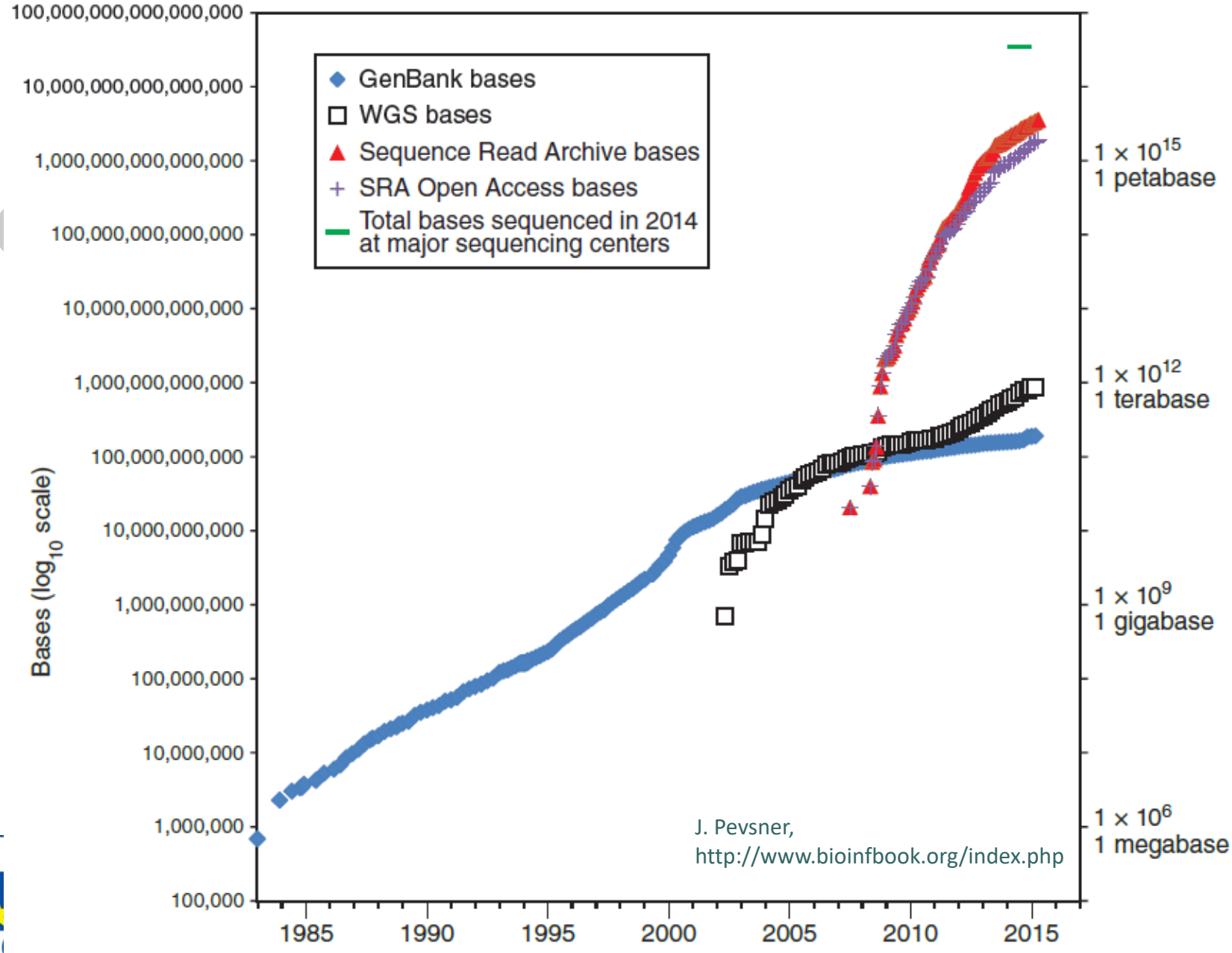


Fig 2: Short fragments of DNA sequence are ordered by overlapping data to recreate the whole genome sequence

Interactive concepts in biochemistry, Rodney Boyer, Wiley, 2002, http://www.wiley.com//college/boyer/0470003790/

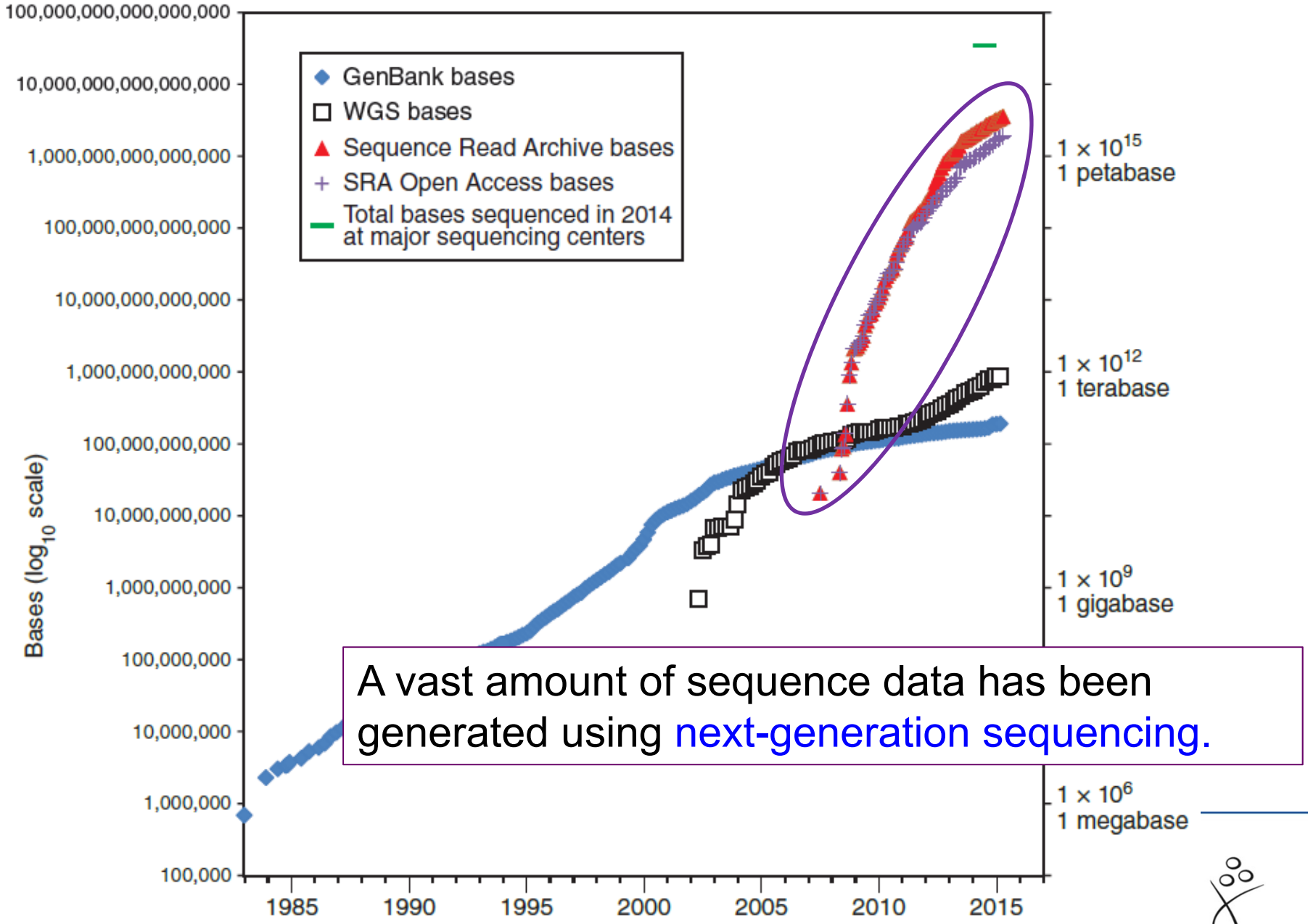
EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Growth of DNA Sequence in Repositories



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

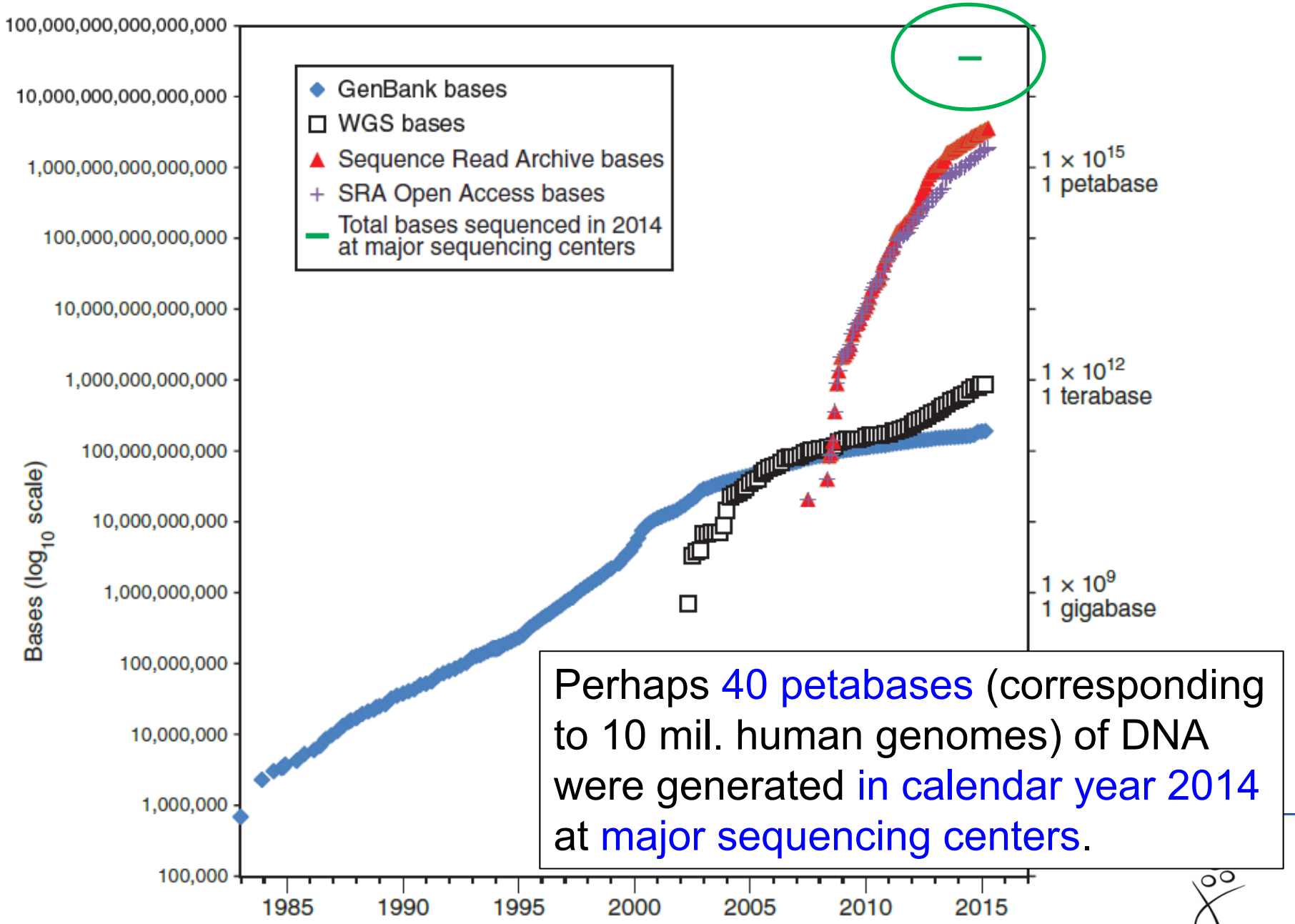
Growth of DNA Sequence in Repositories



A vast amount of sequence data has been generated using next-generation sequencing.

B&FG 3e
Fig. 2-3

Growth of DNA Sequence in Repositories



Perhaps 40 petabases (corresponding to 10 mil. human genomes) of DNA were generated in calendar year 2014 at major sequencing centers.

B&FG 3e
Fig. 2-3

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
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

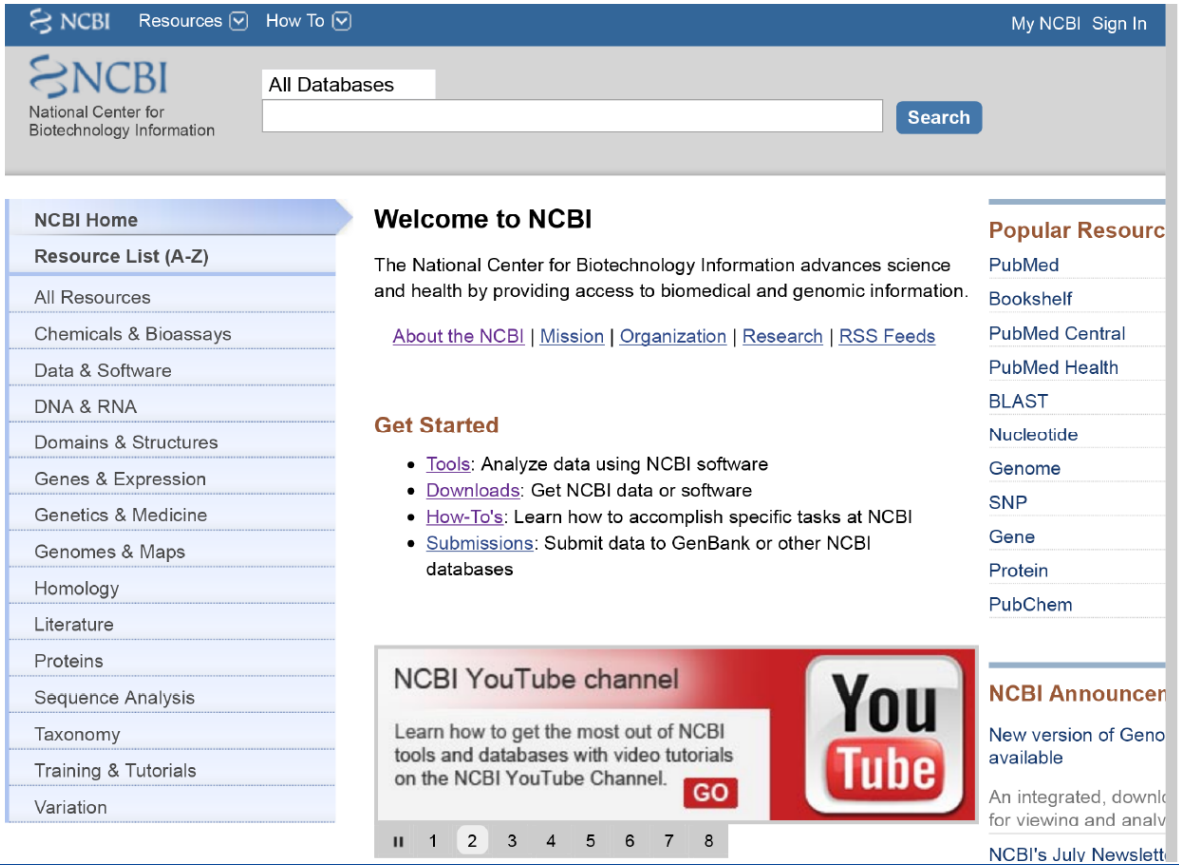
Primární databáze

- 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
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

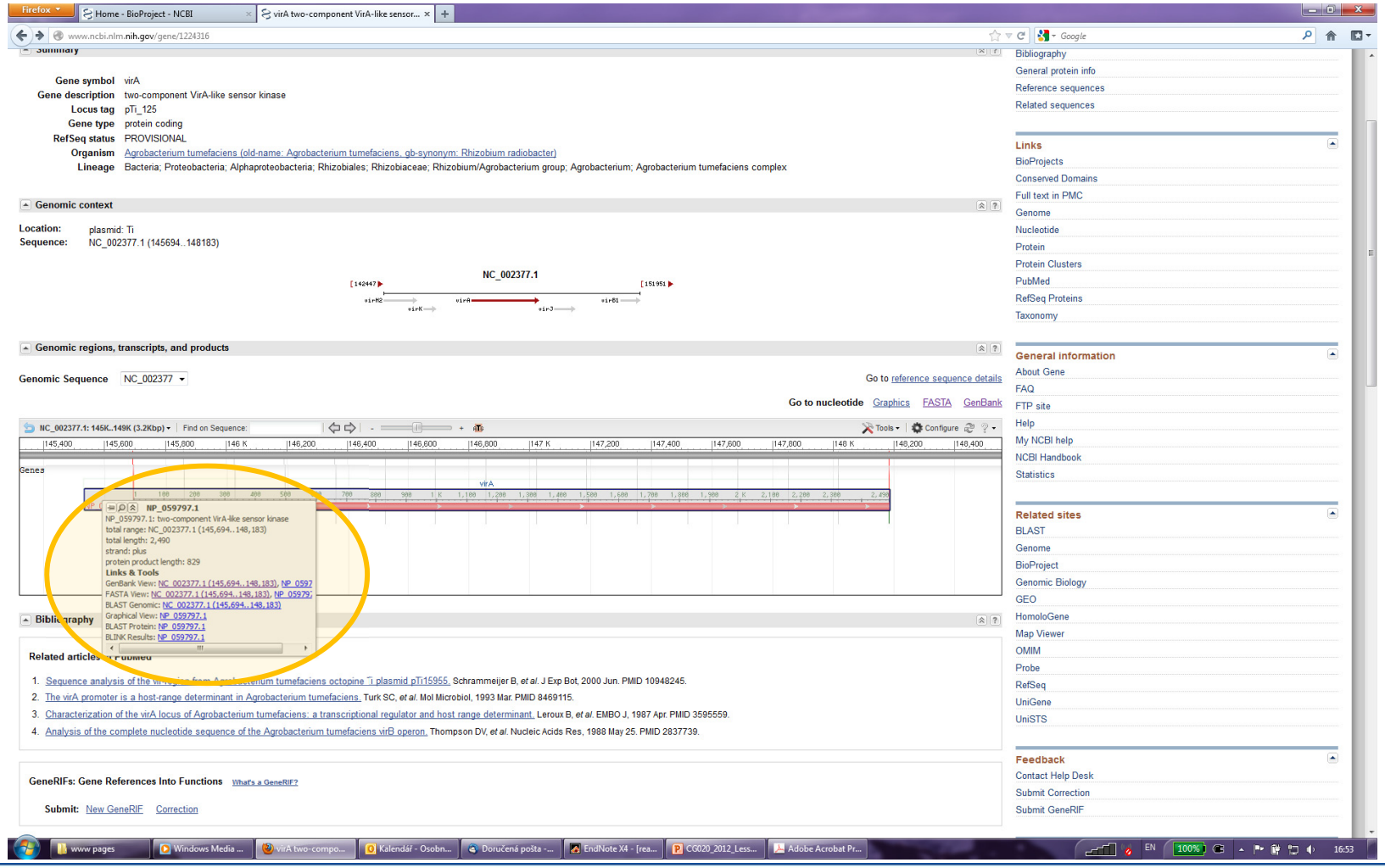
Primární databáze

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



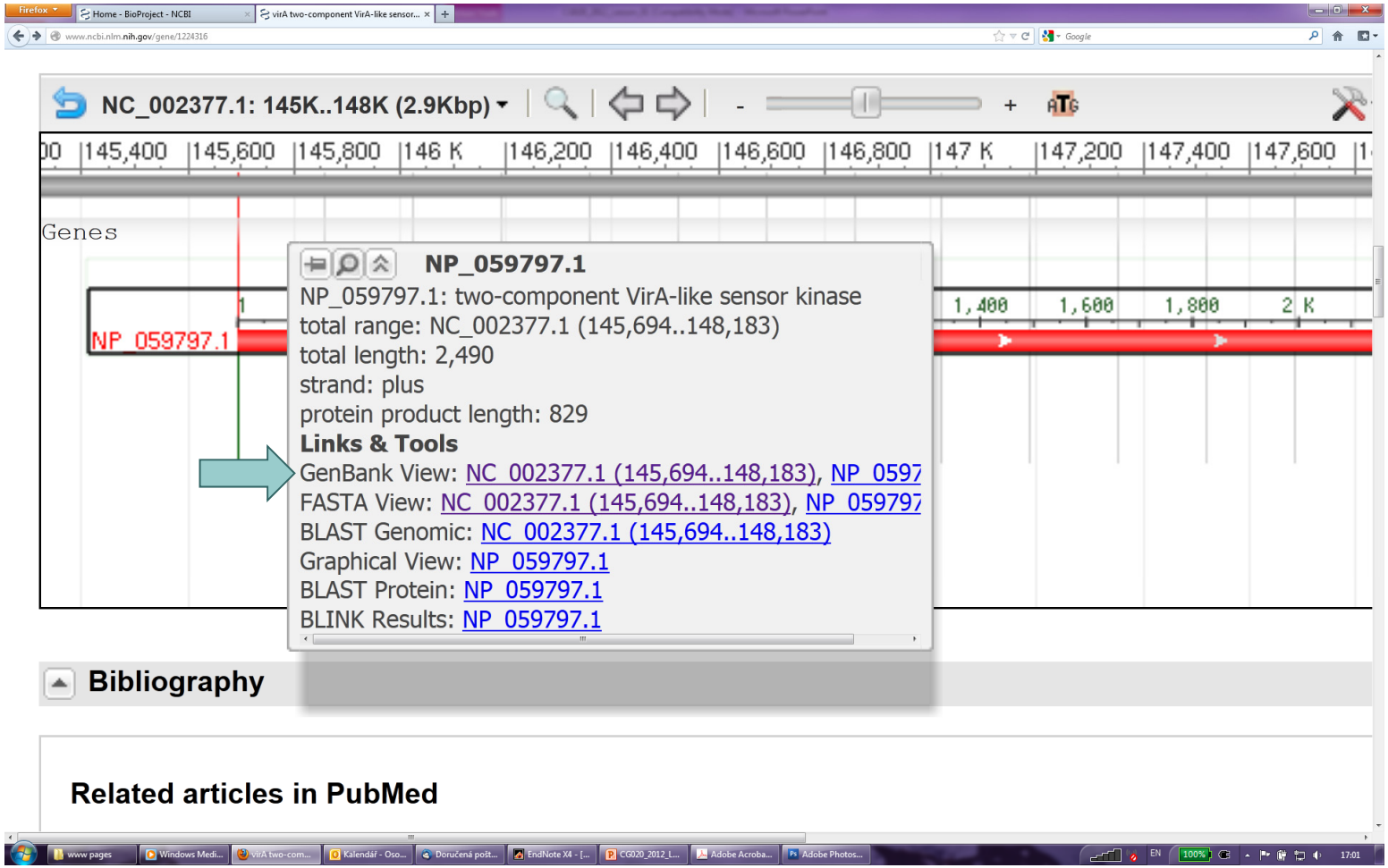
EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Primární databáze



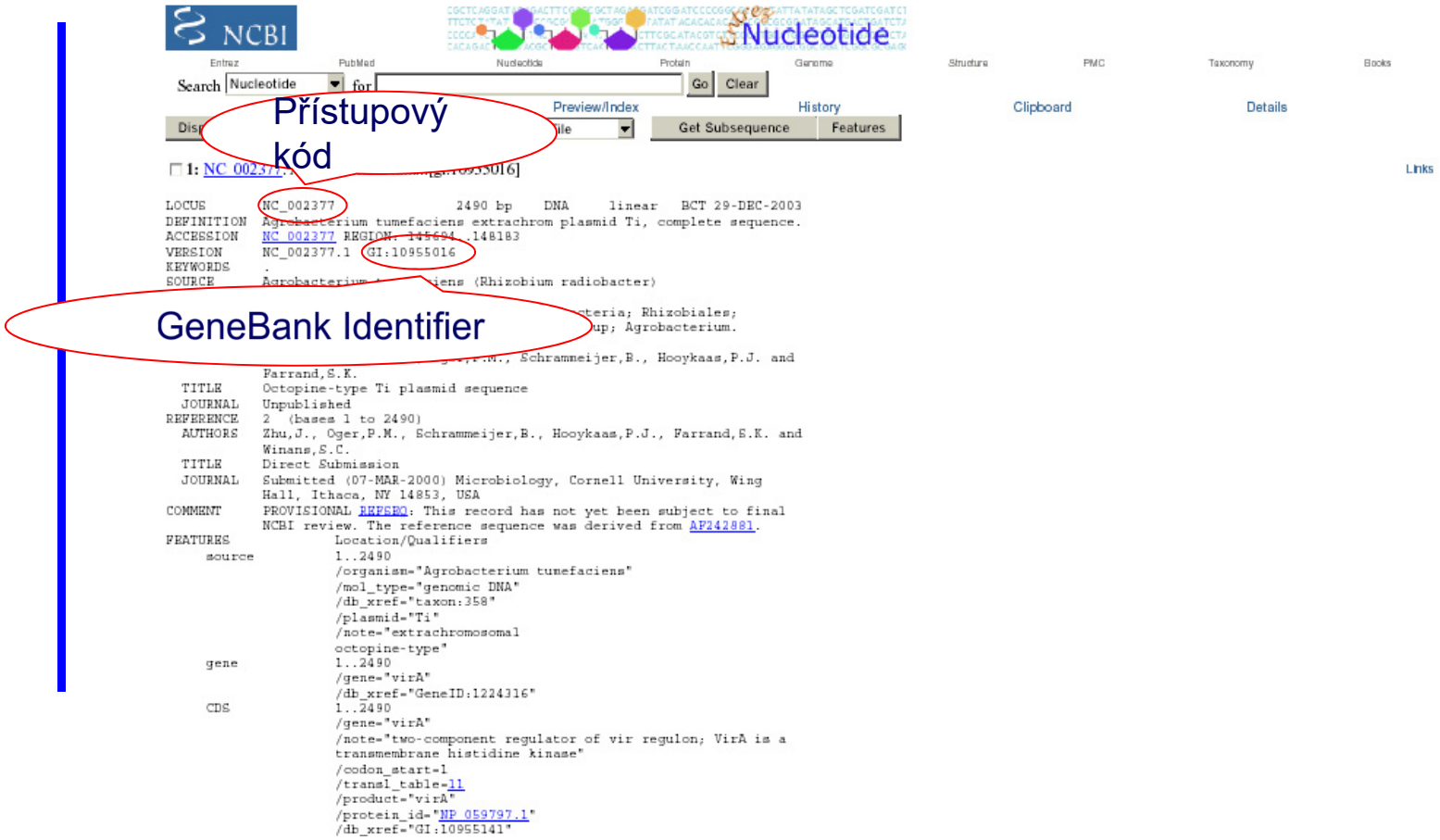
EVROPSKÁ UNIE
esf
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

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

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

```
                     /translation="MNGRYSPTRQDFKTGAKPWSILALIVAAMIFAFMAVASWQDNAT
                     TQAILSQLRSINADSASLQRDVLRAHTGTVANYRPIISRLGALRKNLEDLKQLPRQSH
                     IVSESNAAQLLRQLEVSLNSADAAVAAFGAQNVRLQDSLASFTRALSSLPGKASTDQT
                     LEKPTELASMMLQFLRQPSPAISFRISLELERLQKQRGLDEAPVRILAREGPIILSLL
                     PQVKDLVNMIQTSDTAEIAEMLQRECLEVYSLKNVEERSARIFLGSASVGLCLYIITL
                     VYRLRKKTDWLARRLDYEELIKEIGVCPEGEAATTSSAQAALRIIQRPFDADTCALAL
                     VDHDRRWAVETPGAKHPKPVWDDSVLRRIVSRTKADERATVPRIISSKKIVHLPLEIP
                     GLSILLAHKSTDKLIAVCSLGYQSYRPRPCQGEIQLLELATACLCHYIDVRRKQTECD
                     VLARRLEHHAQRLEAVGTLAGGIAHEFNNILGSILGHAELAQNSVSRTSVTRRYIDYII
                     SSGDRAMLIIDQILTLSRKQERMIKPPSVSELVTEIAPLLRMALPPNIELSPRPDQMQ
                     SVIEGSPLELQQVLINICKNASQAMTANGQIDIIISQAFLPVKKILAHGVMPPGDYVL
                     LSISDNGGGIPEAVLPHIFEPFFTTRARNGGTGLGLASVHGHISAPAGYIDVSSTVGH
                     GTRFDIYLPPSSKEPVNPDSFFGRNKAPRGNGEIVALVEPDDLLREAYEDKIAALGYE
                     PVGPRTFNEIRDWISKGNEADLVMVDQASLPEDQSPNSVDLVLKTASIIIGGNDLKMT
                     LSREDVTRDLYLPKPISSRTMAHAILTKIKT"
ORIGIN
        1 atgaacggaa gatattcacc gacgcggcag gattttaaga caggcgcgaa gccttggtct
       61 atattggccc ttatcgttgc tgcaatgatt ttcgcgttca tggcggttgc gtcctggcag
      121 gacaatgcga ctacccaggc aatcctcagc caactacgat cgattaacgc cgacagcgcc
      181 tcactgcagc gcgatgtact ccgcgctcac acgggcaccg tggcgaacta ccgcccccatt
      241 atctccaggc tgggagctct gcggaagaat ctggaagatt tgaagcaatt atttagacaa
      301 tctcatattg taagtgagag caatgctgct caactgctac gccagctaga agtgtctcta
      361 aattcggctg acgcggcggt cgccgccttt ggtgcgcaaa atgtacgcct gcaagattcg
      421 ctggccagtt tcactcgtgc tttgagcagt cttccaggaa aagcctcaac cgatcagact
      481 ttagaaaaac caacagaatt ggctagcatg atgctccaat ttcttcggca accaagcccg
      541 gctatttcat tcgagatcag ccttgaacta gagaggctcc aaaaacaacg cggtcttgat
      601 gaagctcccg tgcgcatact tgcacgtgaa ggtcccatta tcttatcgct tttgccacag
      661 gtgaaagatc tggtgaacat gattcagacg tctgacacog cagaaattgc ggagatgctg
      721 cagcgcgagt gtttggaggt ctatagcttg aaaaatgtag aggagcggag cgcacgtatc
      781 ttcttgggt cogcttcagt gggtctttgc ctctacatca tcaccttagt ctataggcta
      841 cgcaaaaaaa cogattggtt agcgcggcgt ttagattacg aagagctaat caaagagatc
      901 ggagtatgtt ttgaaggtga ggcggccacc acgtogtccg cgcaagctgc acttcgtatt
      961 attcagcgct tctttgatgc cgatacgtgc gcgttagctc tagtggacca tgaccgtaga
     1021 tgggctgtcg aaacattcgg tgcgaaacac ccaaaacctg tgtgggacga cagcgtgcta
     1081 cgcgaaatag tctctogtac caaagcggac gaacgggcga cggtattccg catcatatcg
     1141 tcgaaaaaaa tcgtacattt gcctctcgaa attccaggtc tctcgatact actggctcac
     1201 aaatccacag ataaactaat tgcggtttgt tcactgggtt accaaagcta tcgcctcga
     1261 ccttgccaag gcgaaattca gcttcttgaa ctcgccacog cctgcctctg tcactatatc
     1321 gatgttcggc gtaagcagac cgaatgcgac gttttggcca gacgattgga gcatgcgcaa
     1381 cgccttgagg cagttggtac acttgccggc ggaatagcac atgaatttaa taacattttg
     1441 ggctcaatcc tcgggcacgc agaattagca caaaactcgg tgtctcgaac atctgtcacc
     1501 cgaagatata ttgactatat catttcgtca ggcgacagag ccatgctcat tatcgatcag
     1561 atcttgacgc tgagccgaaa acaggagcgc atgatcaagc catttagtgt ctcagagctt
     1621 gtgaccgaaa tcgctccctt gctacgtatg gctcttccgc caaacatcga gcttagtttc
     1681 agatttgatc aaatgcagag cgtgatcgaa ggaagcccgc ttgaacttca acaggtacta
     1741 attaacatct gcaagaatgc ttcccaagcc atgactgcaa atggtcaaat cgacatcatc
     1801 atcagccaag ctttttacc agttaagaaa attctggcgc atggtgttat gccacctggc
     1861 gactatgttc tcctatctat tagcgacaat ggtggaggca ttcccgaggc tgtgttaccc
     1921 cacatttttg aacccttctt tacgacacga gctcgcaacg gtggaacggg tctcggcctt
     1981 gcttctgtgc atggtcatat cagcgcgttt gcgggttaca tcgacgttag ttcaactgtt
     2041 gggcatggga cgcgctttga catttatctc cctccgtctt ctaaggaacc cgtaaatcca
     2101 gacagttttt tcggccgcaa taaggcaccg cgtggaaacg gggagattgt ggcacttgtt
     2161 gagcccgatg acctcctgcg ggaggcgtat gaagacaaga tcgccgctct aggatatgag
     2221 ccggtcggtt ttcgtacctt taatgaaatt cgcgattgga tttcaaaagg caatgaagcc
     2281 gatctggtca tggtcgacca agcgtctctt cctgaagatc aaagtcctaa ttccgtggat
     2341 ttagtgctca agaccgcctc catcatcatt ggcggaaatg atctcaaaat gaccctttca
```


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

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

NCBI's important RefSeq project: best representative sequences

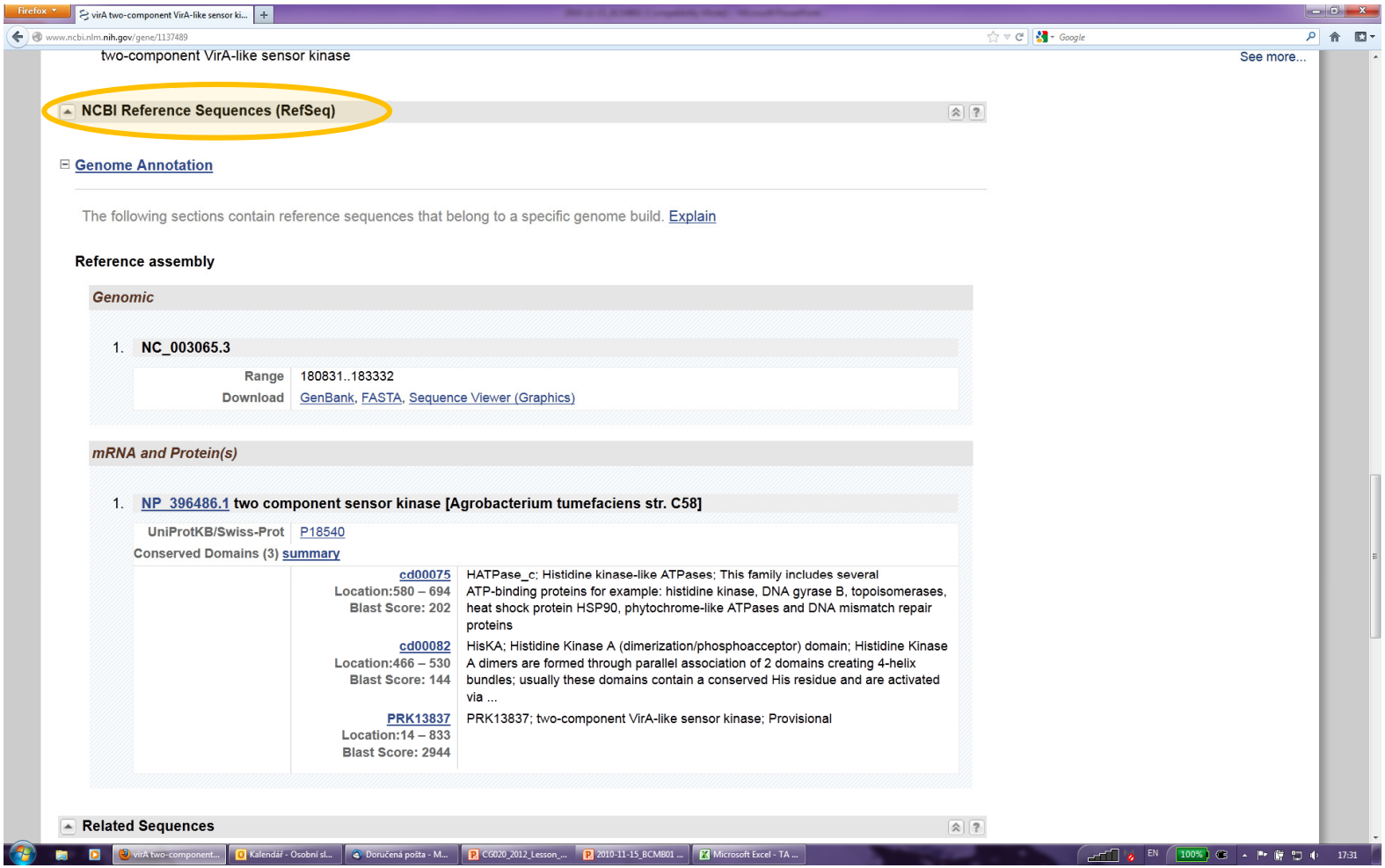
RefSeq (accessible via the main page of NCBI) provides an expertly curated accession number that corresponds to the most stable, agreed-upon "reference" version of a sequence.

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

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

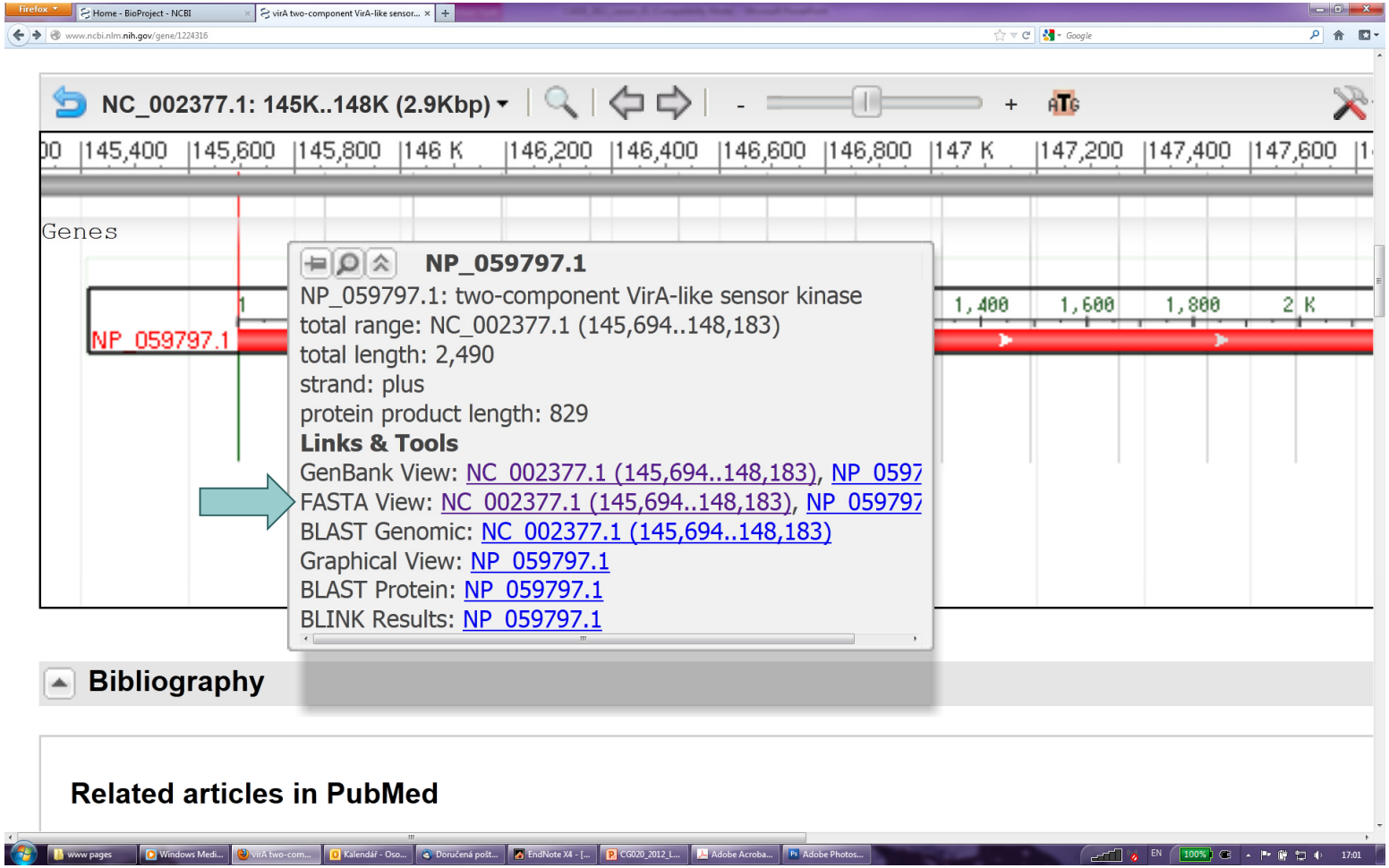
NCBI's RefSeq project: many accession number formats for genomic, mRNA, protein sequences

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

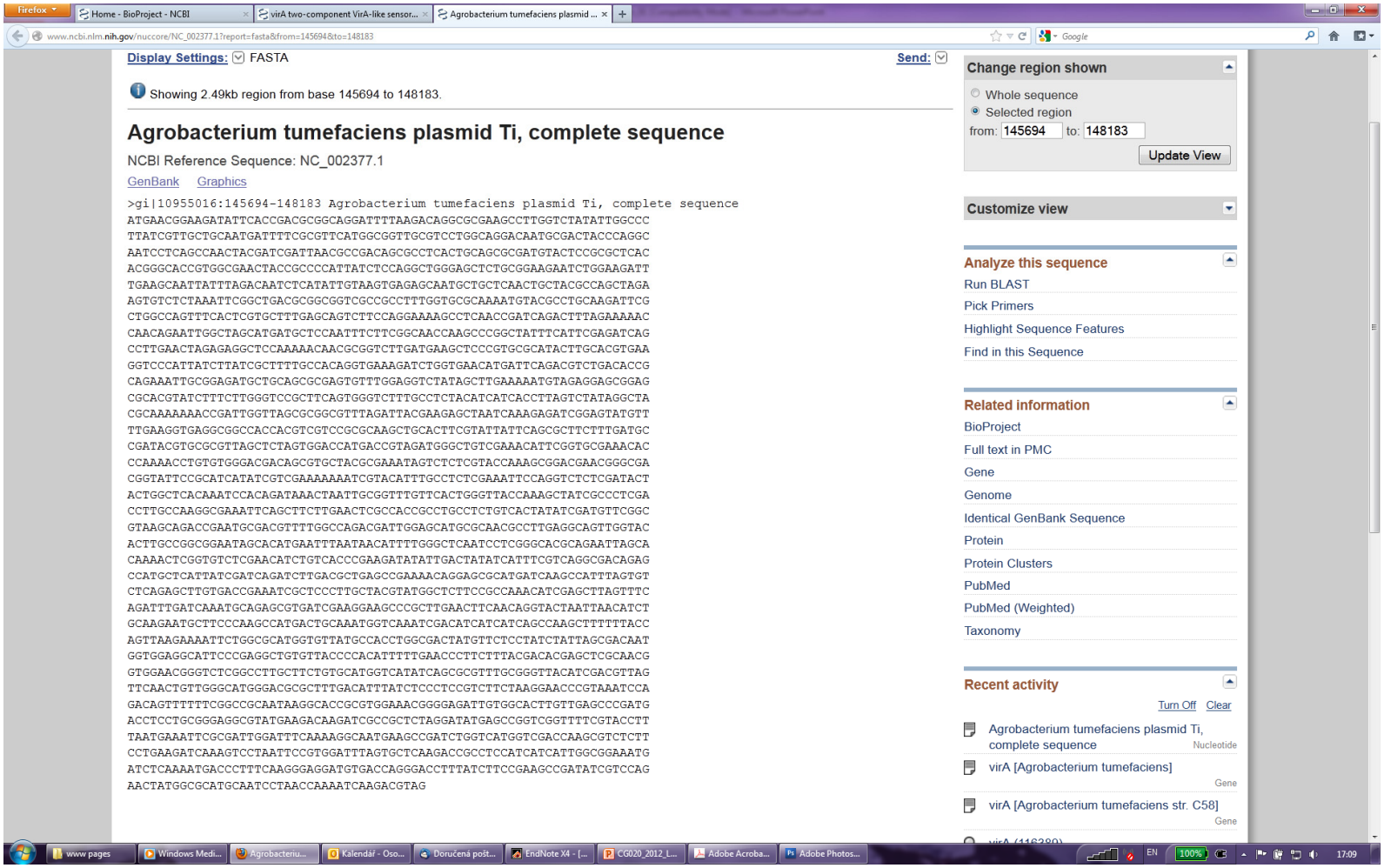
J. Pevsner,
http://www.bioinfbook.org/index.php

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



Primární databáze



EVROPSKÁ UNIE

MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY

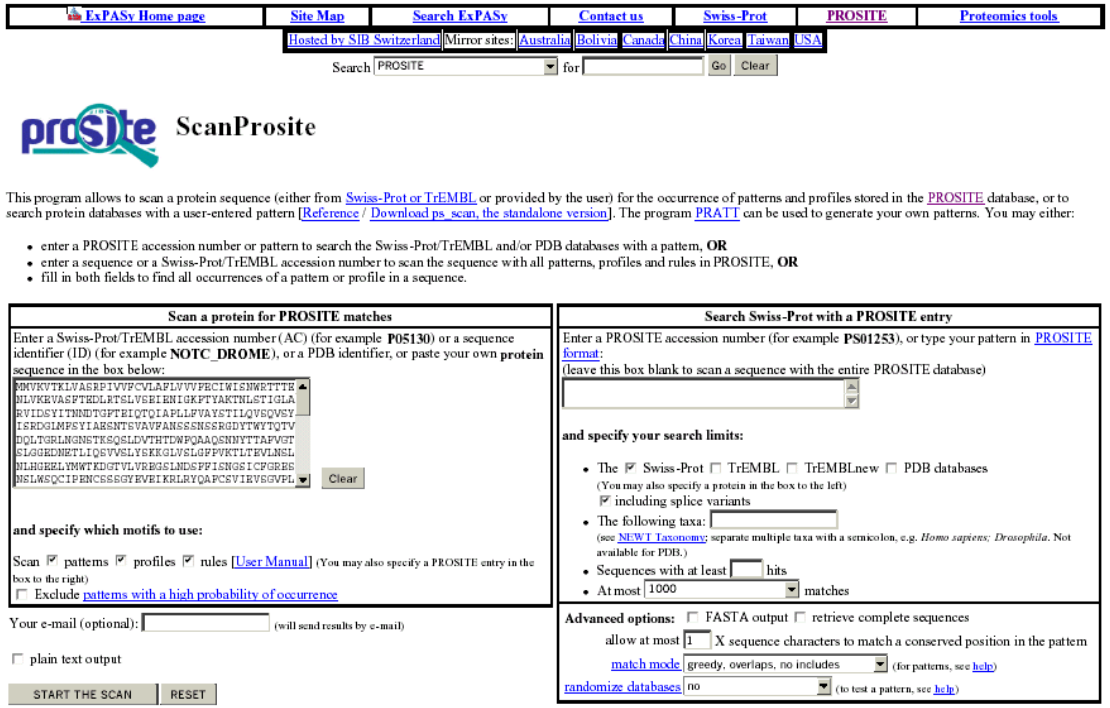
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost

INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

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

Sekundární databáze

- **Databáze funkčních** nebo **strukturních 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

Sekundární databáze

- **Databáze funkčních** nebo **strukturních 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 nkeesstYeteisns

>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 StK
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 SsR
854 - 856 ScK
864 - 866 StR
868 - 870 SeR
921 - 923 SpK
957 - 959 SvR
960 - 962 TgR
974 - 976 TsK
997 - 999 SrK
1002 - 1004 TgK
1018 - 1020 SgK
1031 - 1033 TqR
1119 - 1121 SkR

Sekundární databáze

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

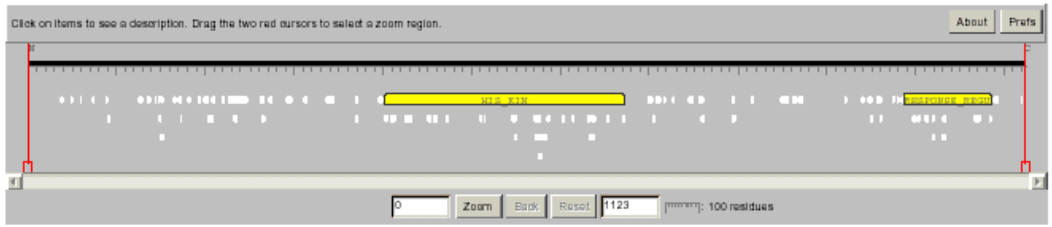
>PDOC50109 PS50109 **HIS_KIN** Histidine kinase domain [profile].

```
  402 - 671  NASHDIRGALAGMKGLIDICRDGVKPGSDVDTTLNQVNVCAKDLVALLNSVLDMSKIESG
             KMQLVREDFNLSKLLEDVIDFYHPVAMKKGVDVVLDPHDgsvfKPSNVRGDSGRLKQILN
             NLVSNAVKFTVD--GHIAVRAWAQrpgsnasvvlasypkgvskfvksmfcknkeesatye
             teisnsirnnanTMEFVFEVDDTGKGIPMEMRKSVPENYVQVREtAQGHQGTGLGLGIVQ
             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
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Sekundární databáze

- **Databáze funkčních** nebo **strukturních motivů** získaných srovnáváním primárních dat (sekvencí)

PRINTS, http://www.bioinf.man.ac.uk/dbbrowser/PRINTS/

PRINTS is a compendium of protein **fingerprints**. A fingerprint is a group of conserved motifs used to characterise a protein family; its diagnostic power is refined by iterative scanning of a *SWISS-PROT/TrEMBL* composite. Usually the motifs do not overlap, but are separated along a sequence, though they may be contiguous in 3D-space. Fingerprints can encode protein folds and functionalities more flexibly and powerfully than can single motifs, full diagnostic potency deriving from the mutual context provided by motif neighbours. References

New:

- SPRINT - *Search PRINTS-S (relational PRINTS)*
- prePRINTS - *Search PRINTS' automatic supplement*
- InterPro - *Search the integrated InterPro family database*

Direct PRINTS access:

- By accession number
- By PRINTS code
- By database code
- By text
- By sequence
- By title
- By number of motifs
- By author
- By query language

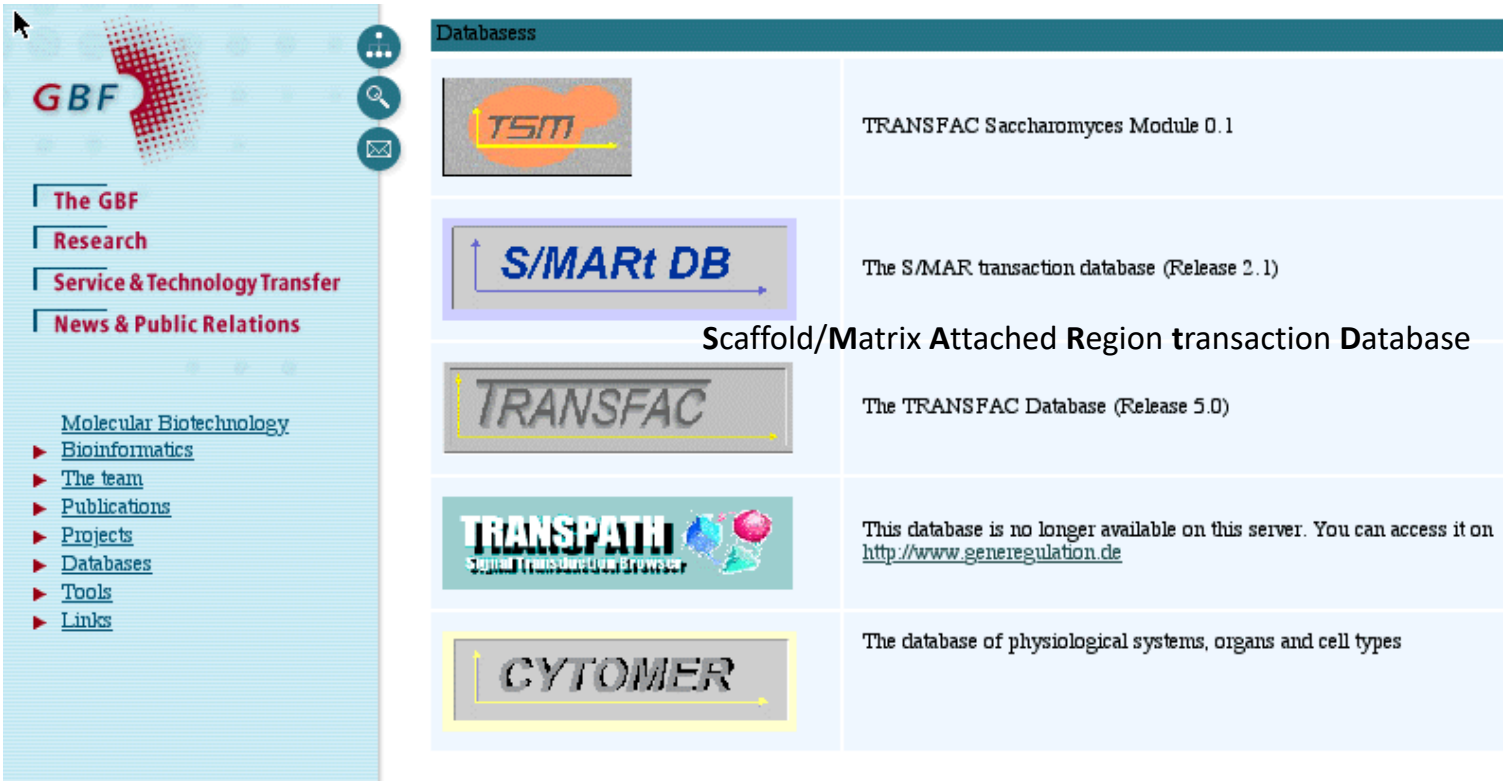
PRINTS search:

- Search PRINTS with NEW FingerPRINTScan
- FPScan
- GRAPHScan
- MULScan
- FingerPRINTScan binaries and source are available: contact scordis@bioinf.man.ac.uk

EVROPSKÁ UNIE
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

Sekundární databáze

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



Scaffold/**M**atrix **A**ttached **R**egion **t**ransaction **D**atabase

Strukturální databáze

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

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

Strukturální databáze

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

Structure Explorer - 1P5Y

RCSB PDB PROTEIN DATA BANK

Structure Explorer - 1P5Y

Title	**The Structures Of Host Range Controlling Regions Of The Capsids Of Canine and Feline Parvoviruses and Mutants**
Classification	**Virus/Viral Protein**
Compound	**Mol_Id: 1; Molecule: Coat Protein Vp2; Chain: A; Fragment: Sequence Database Residues 190-737; Engineered: Yes; Mutation: Yes**
Exp. Method	**X-ray Diffraction**

View Structure

Summary Information

View Structure

Download/Display File

Structural Neighbors

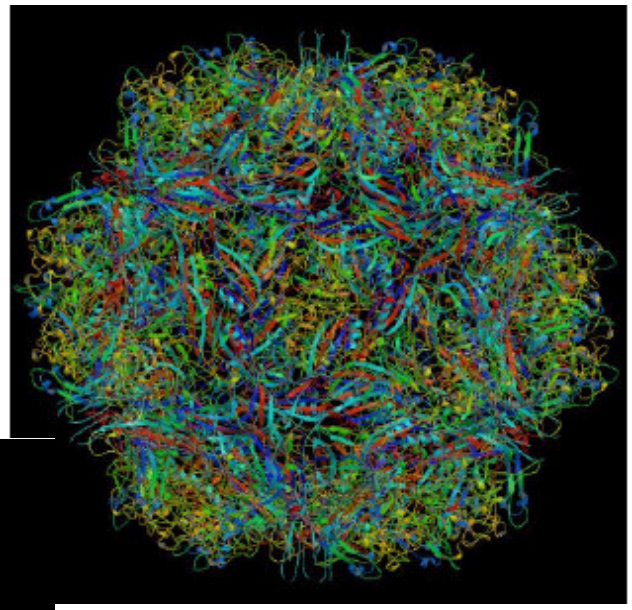
Geometry

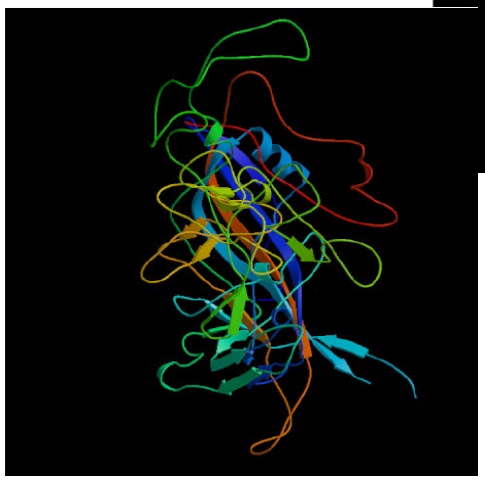
Other Sources

Sequence Details

Explore

SearchLite SearchFields



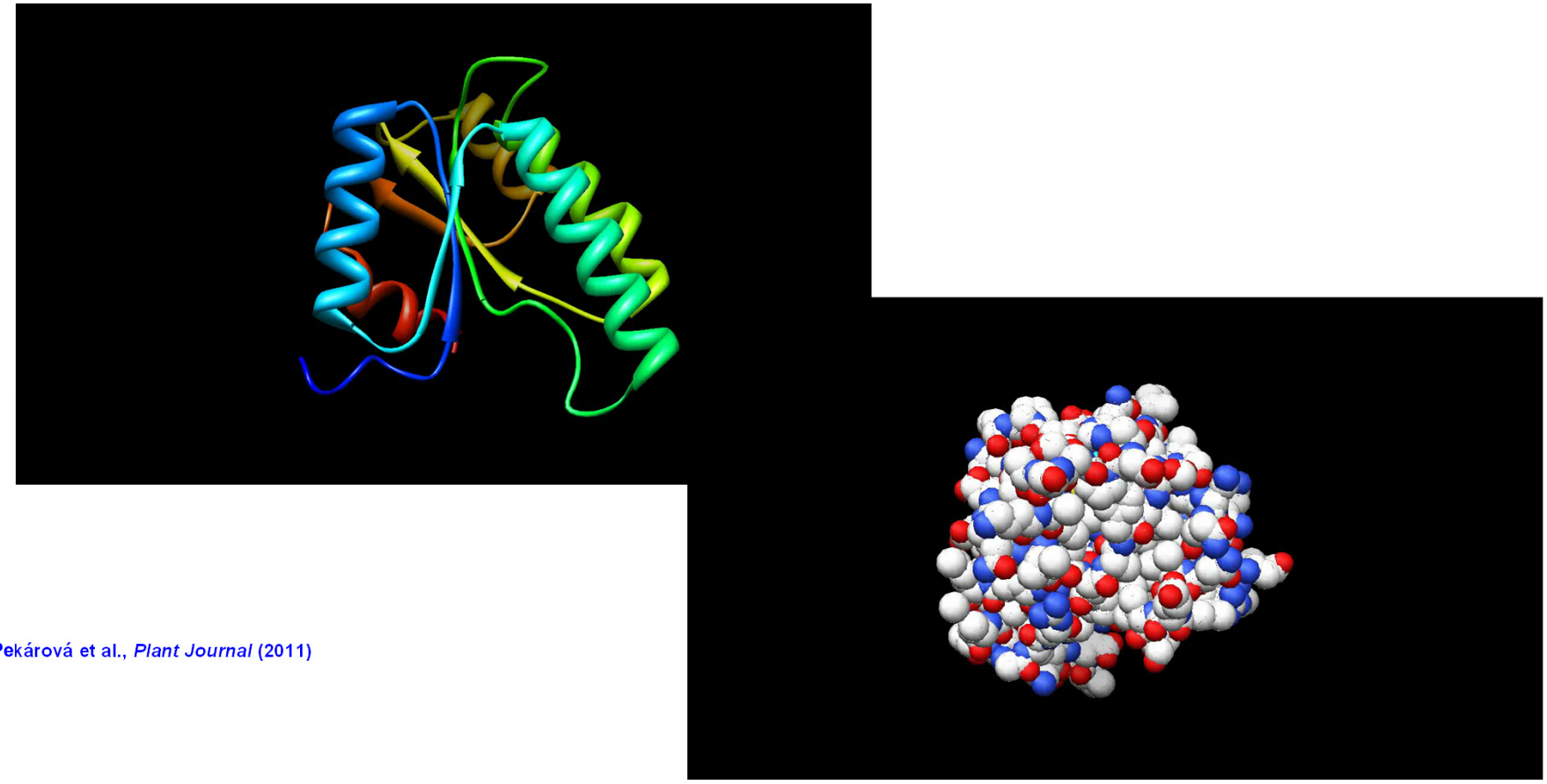


http://www.rcsb.org/pdb/cgi/explore.cgi?job=graphics;pdbId=1P5Y;page=;pid=173561064349344&bio=1&opt=show&size=500 12/29/2003

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

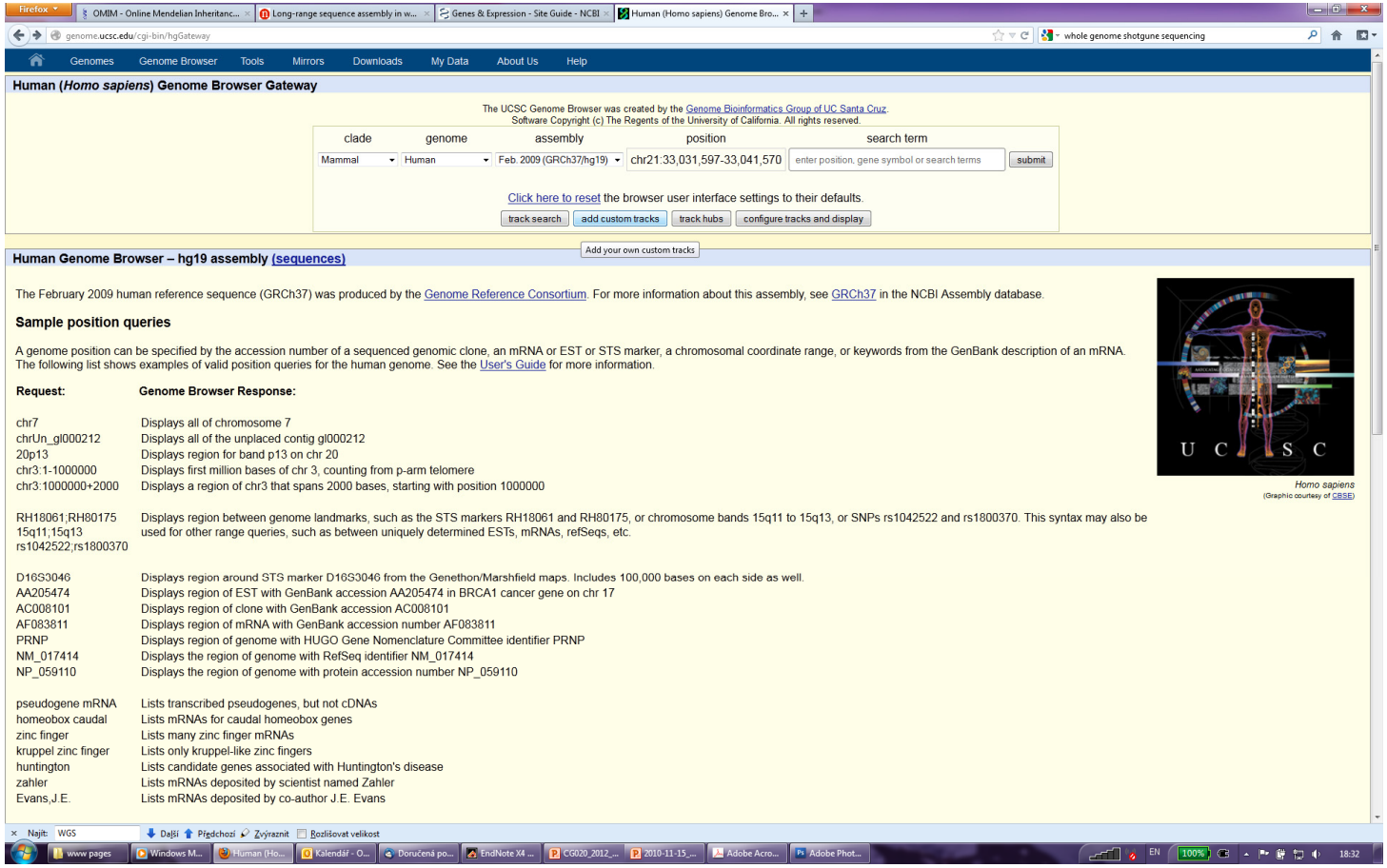
Osnova

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

EVROPSKÁ UNIE
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

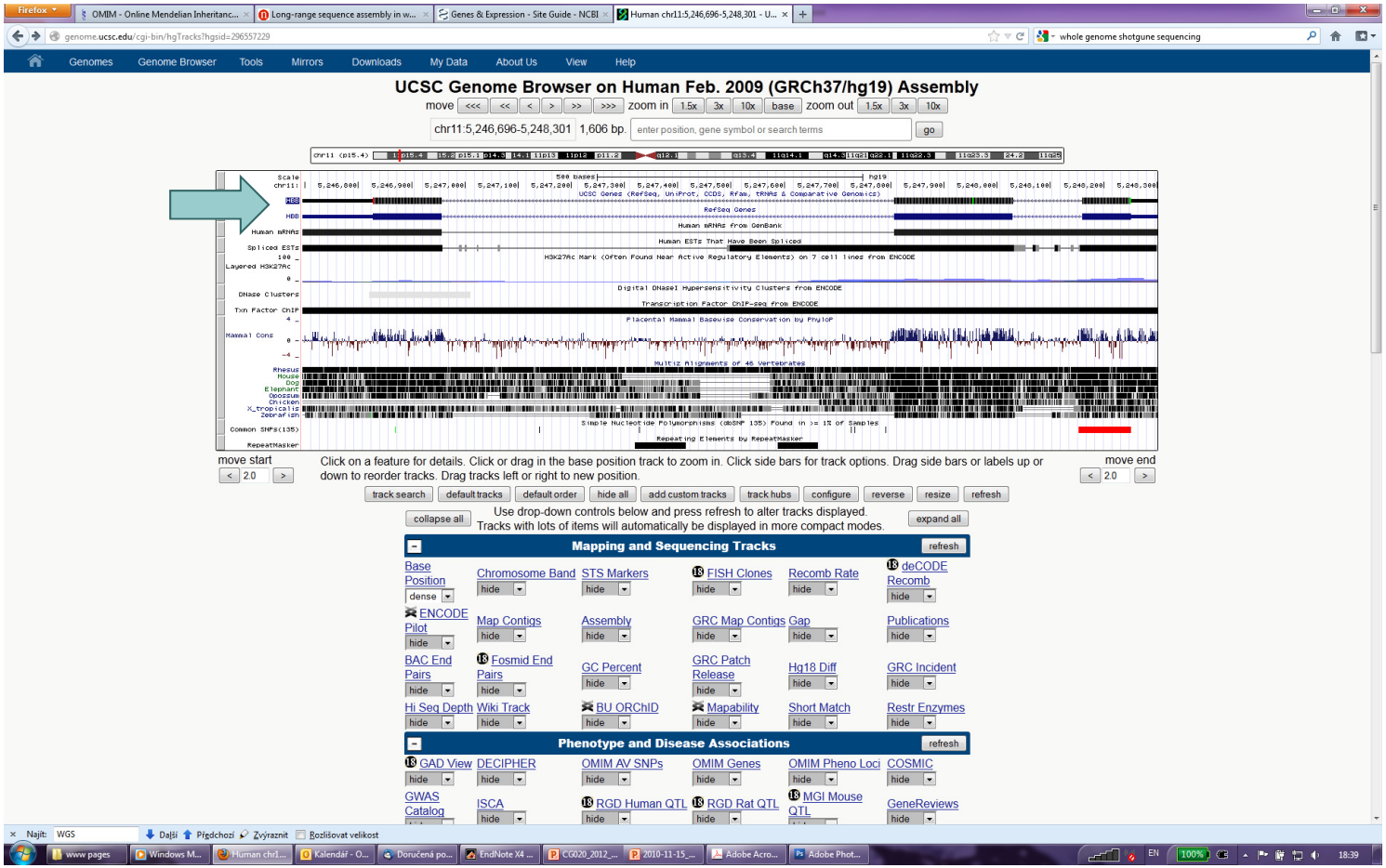
- **Human Genome Browser** http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway



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

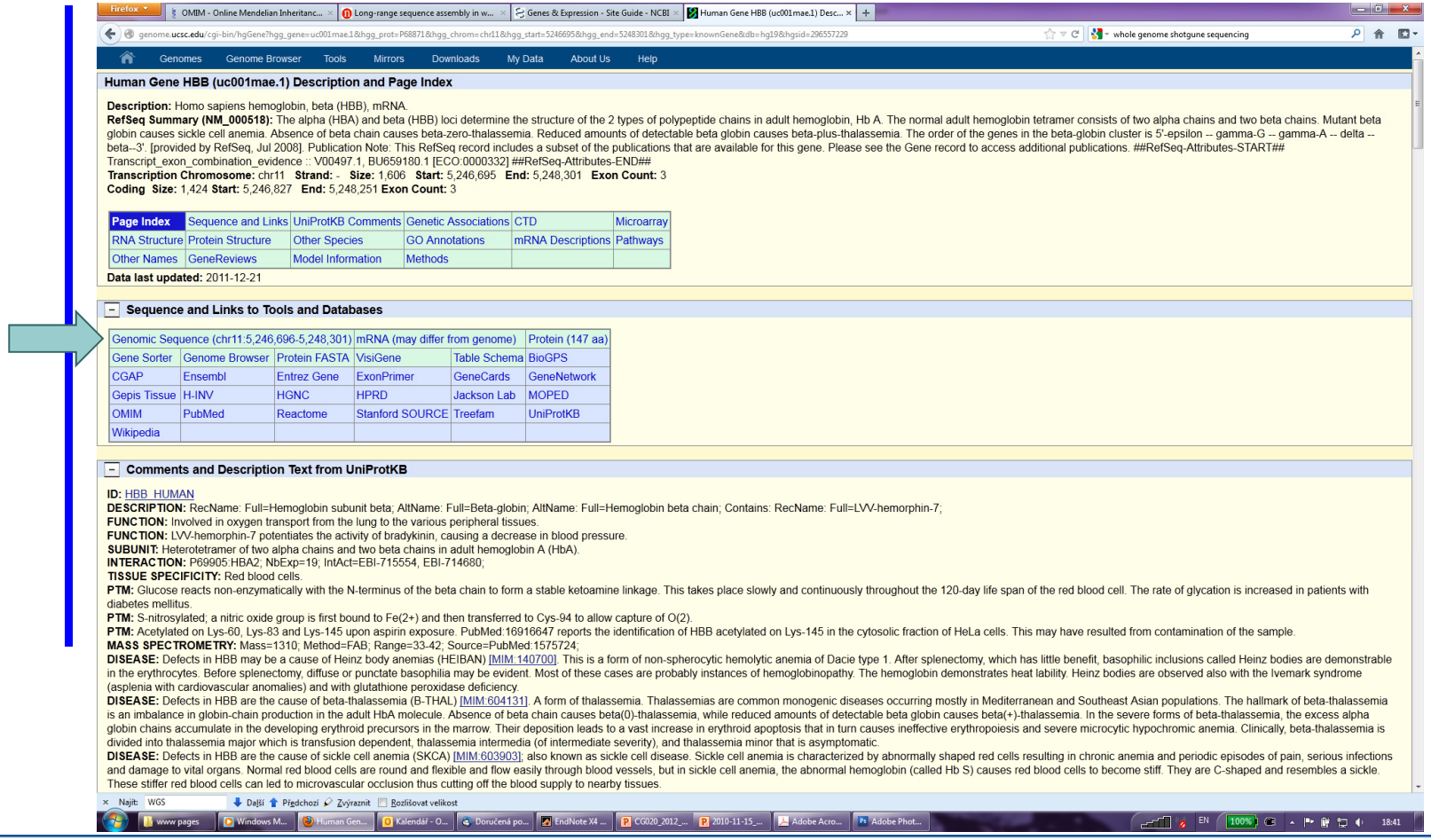
- **Human Genome Browser** http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway



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

Genomové zdroje

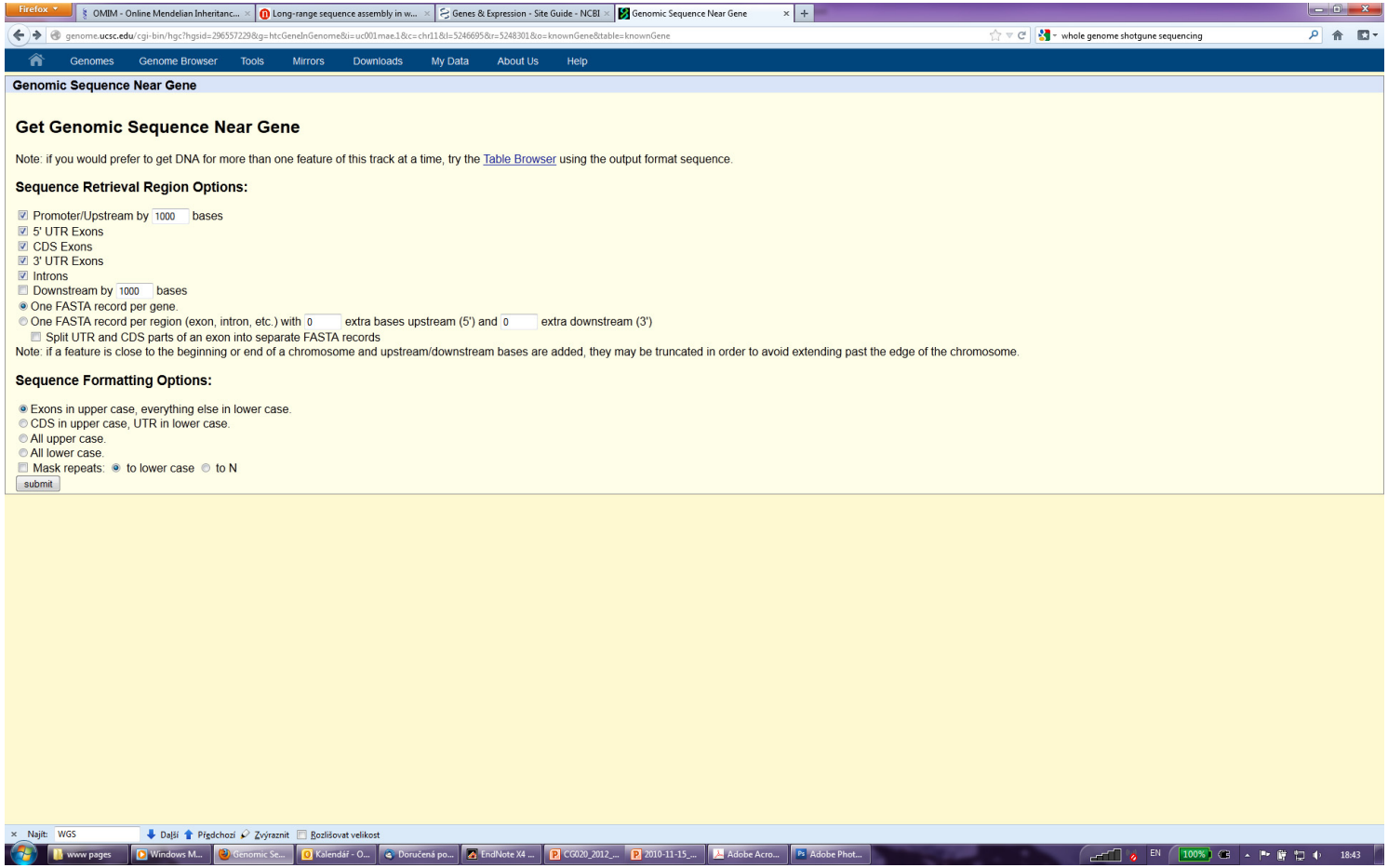
- **Human Genome Browser** http://genome.ucsc.edu/cgi-bin/hgGateway



EVROPSKÁ UNIE
MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ, MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost
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

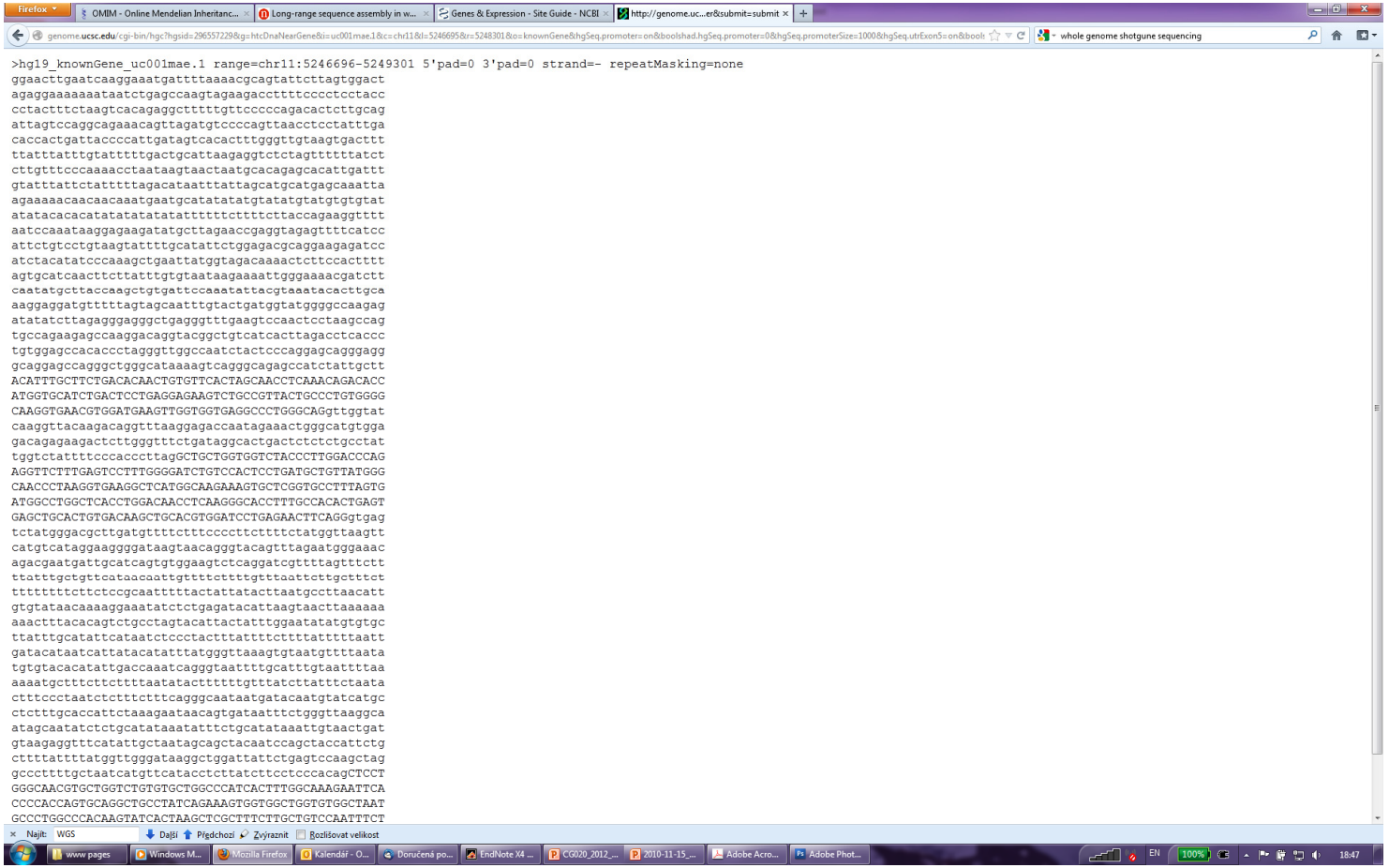
OP Vzdělávání pro konkurenceschopnost

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



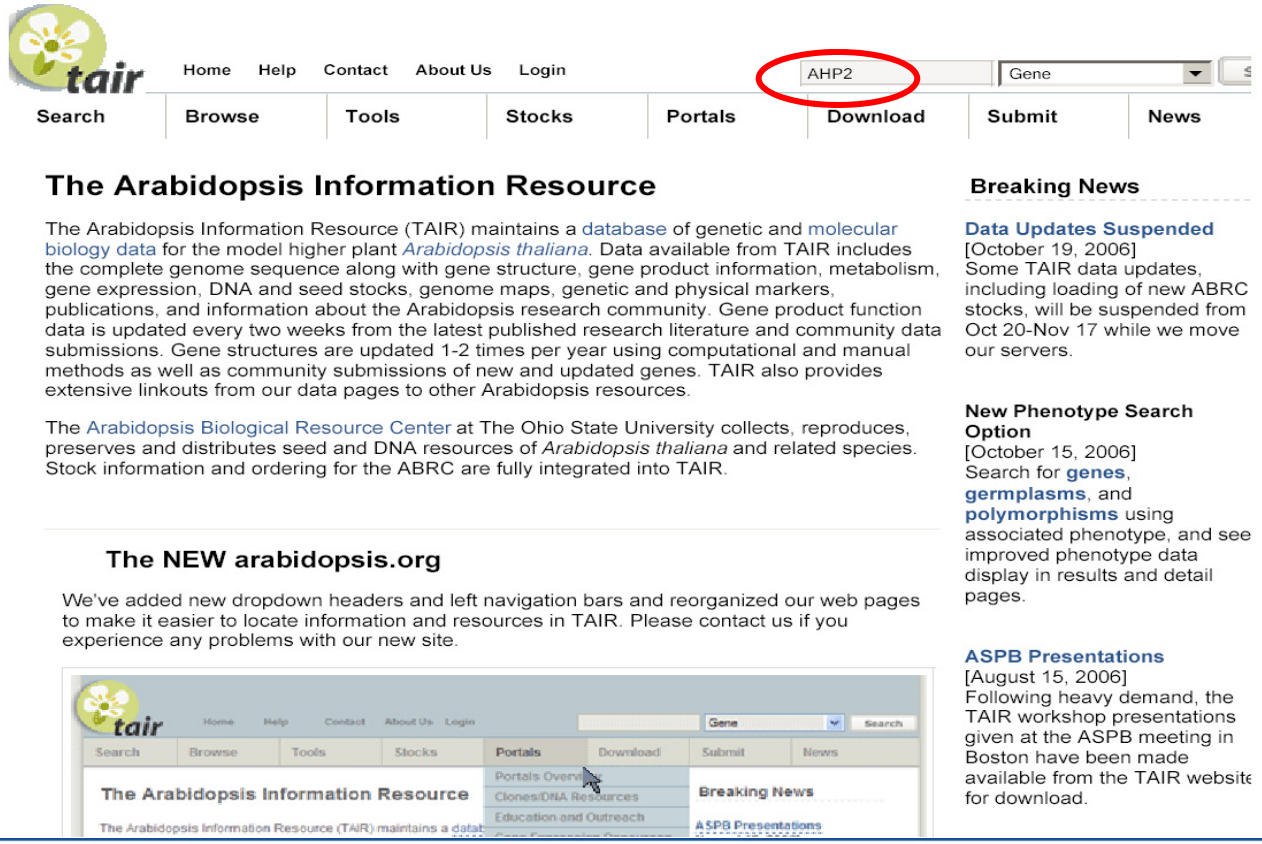
Genomové zdroje

- 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

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



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

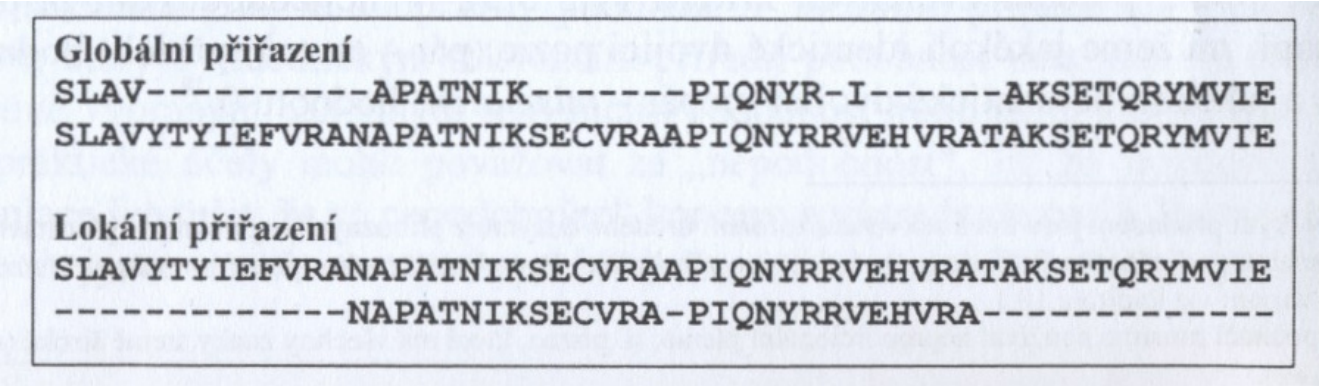
Osnova

- Schéma 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
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

- Globální vs. lokální přiřazení



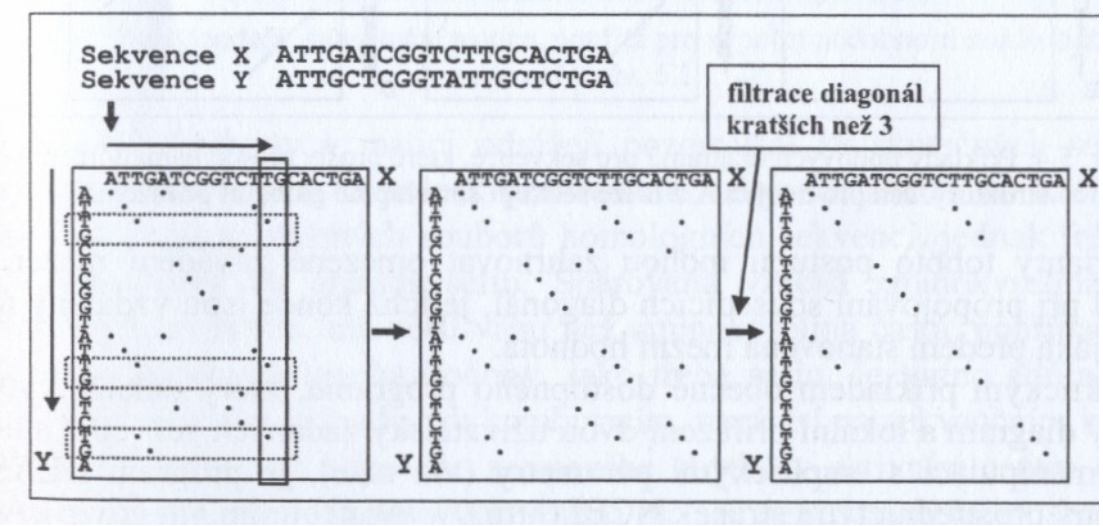
Cvrčková, Úvod do praktické bioinformatiky

- **Globální přiřazení** pouze u sekvencí, které jsou si podobné a podobné délky (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
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
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)



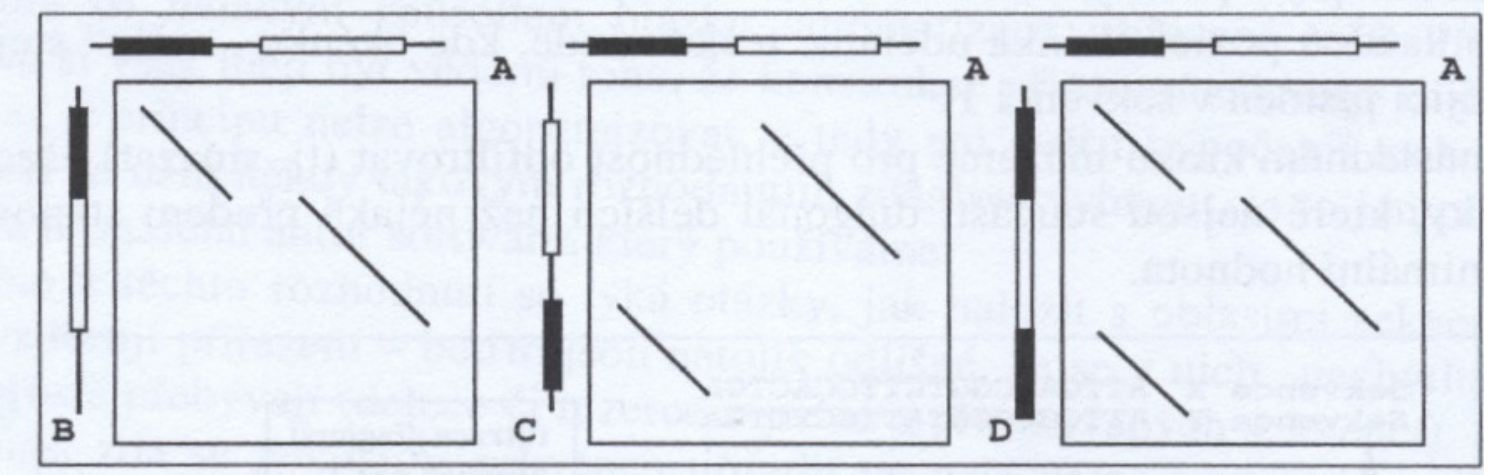
Cvrčková, Úvod do praktické bioinformatiky

  - 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



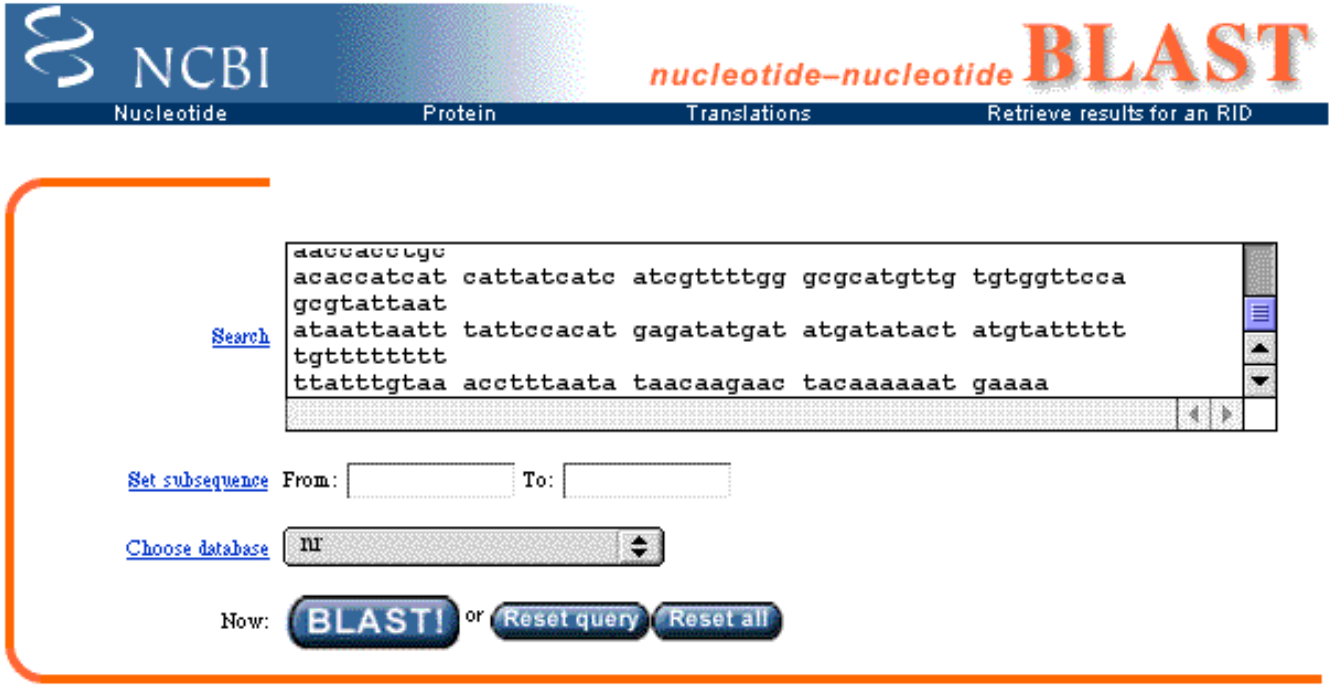
Cvrčková, Úvod do praktické bioinformatiky

- 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
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

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

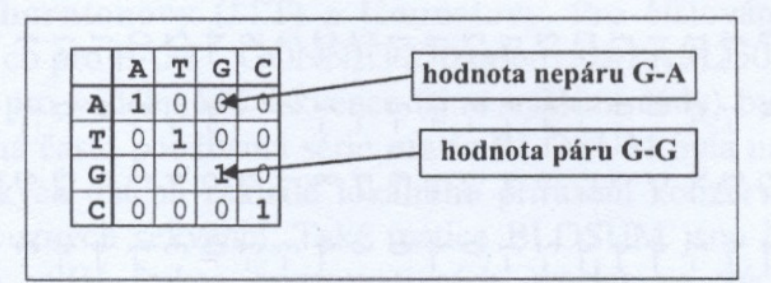


BLAST

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

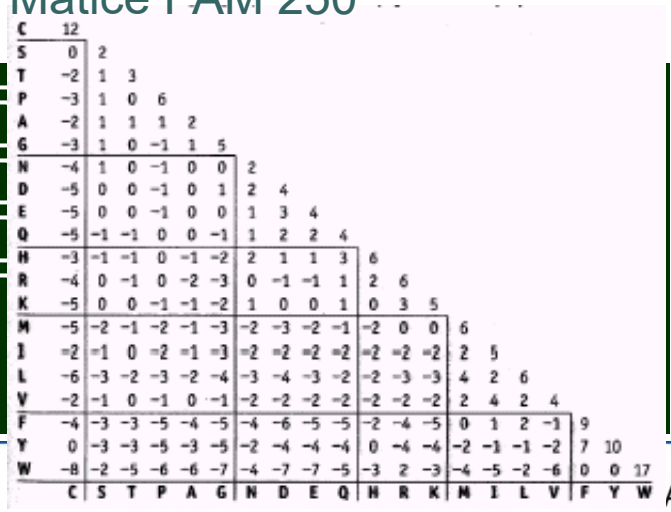
- Velikost vyhledávacího slova (word size): 10-11 bp, resp. 2-3 aa
  - Primární podobnosti (seed matches)
  - Rozšiřování oblasti homologie doprava i doleva

- Hodnocení homologie pomocí matice PAM (Point Accepted Mutation) nebo BLOSUM (BLOcks Substitution Matrix)
- Zobrazení výsledků



Cvrčková, Úvod do praktické bioinformatiky

Matice PAM 250



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

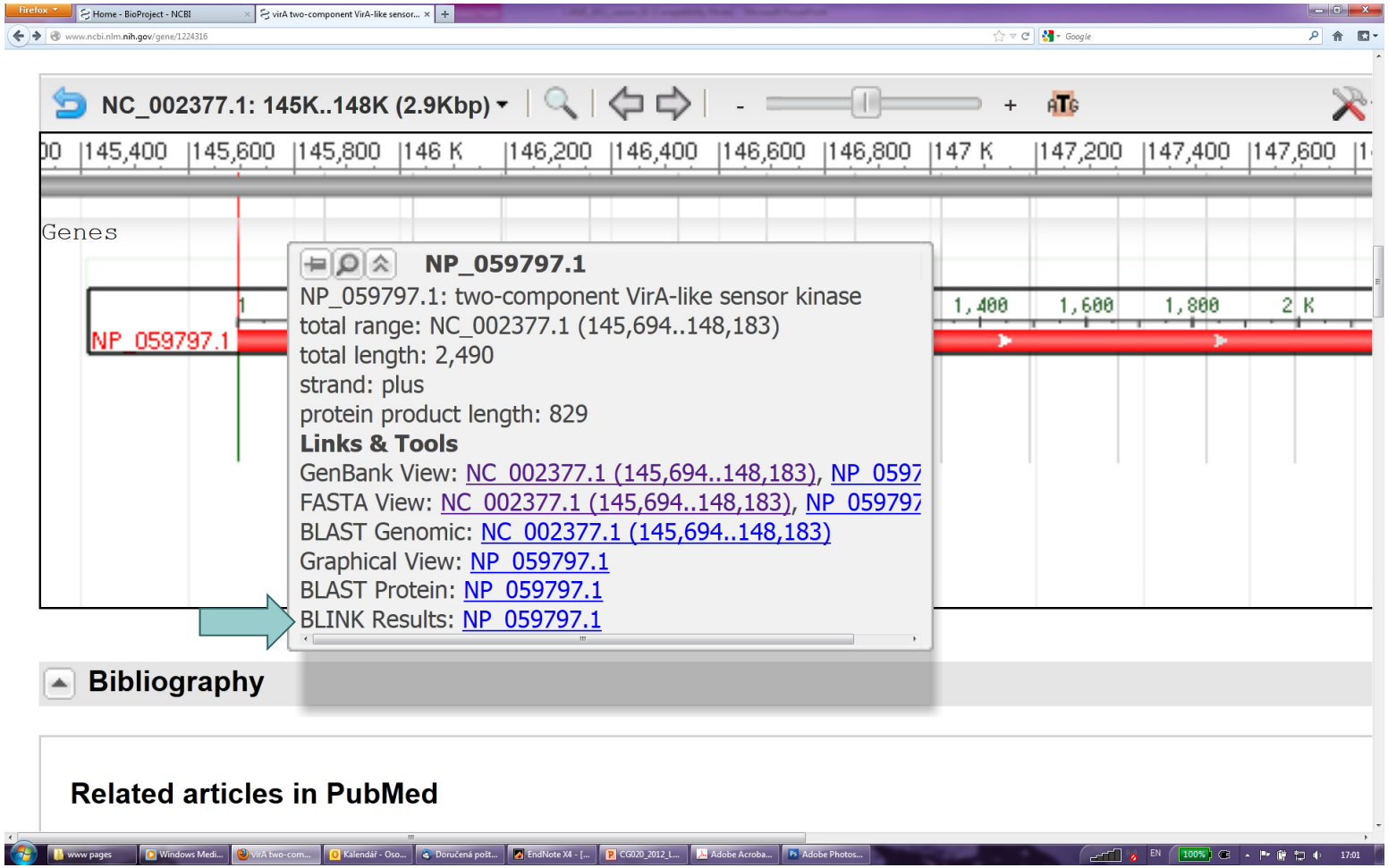
BLAST

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

- „expectancy value“ udává předpokládaný počet sekvencí se stejnou nebo lepší podobnosti 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
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

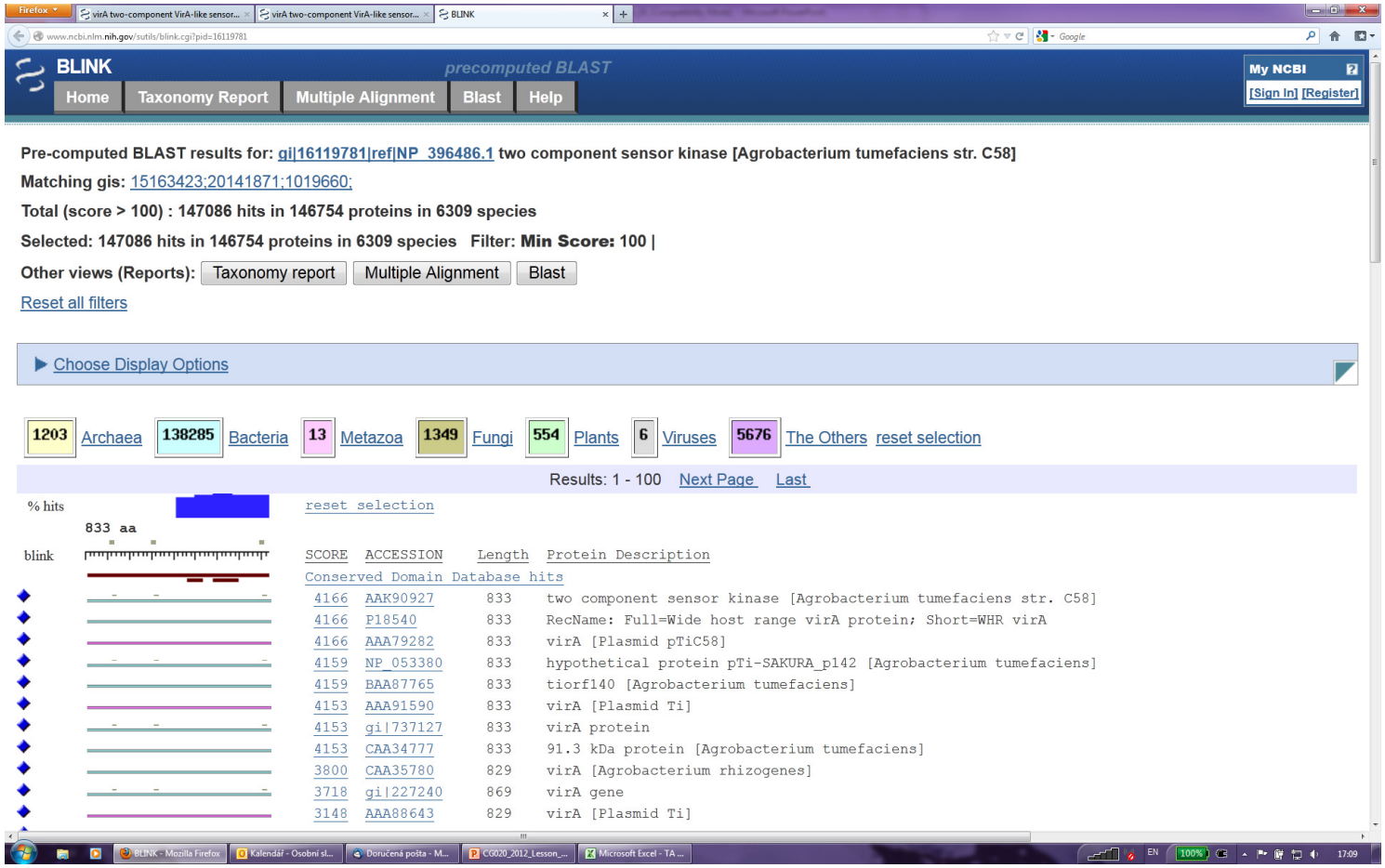
Primární databáze



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

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
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
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
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
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
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
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**nitiated **BLAST**)
    - 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
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
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

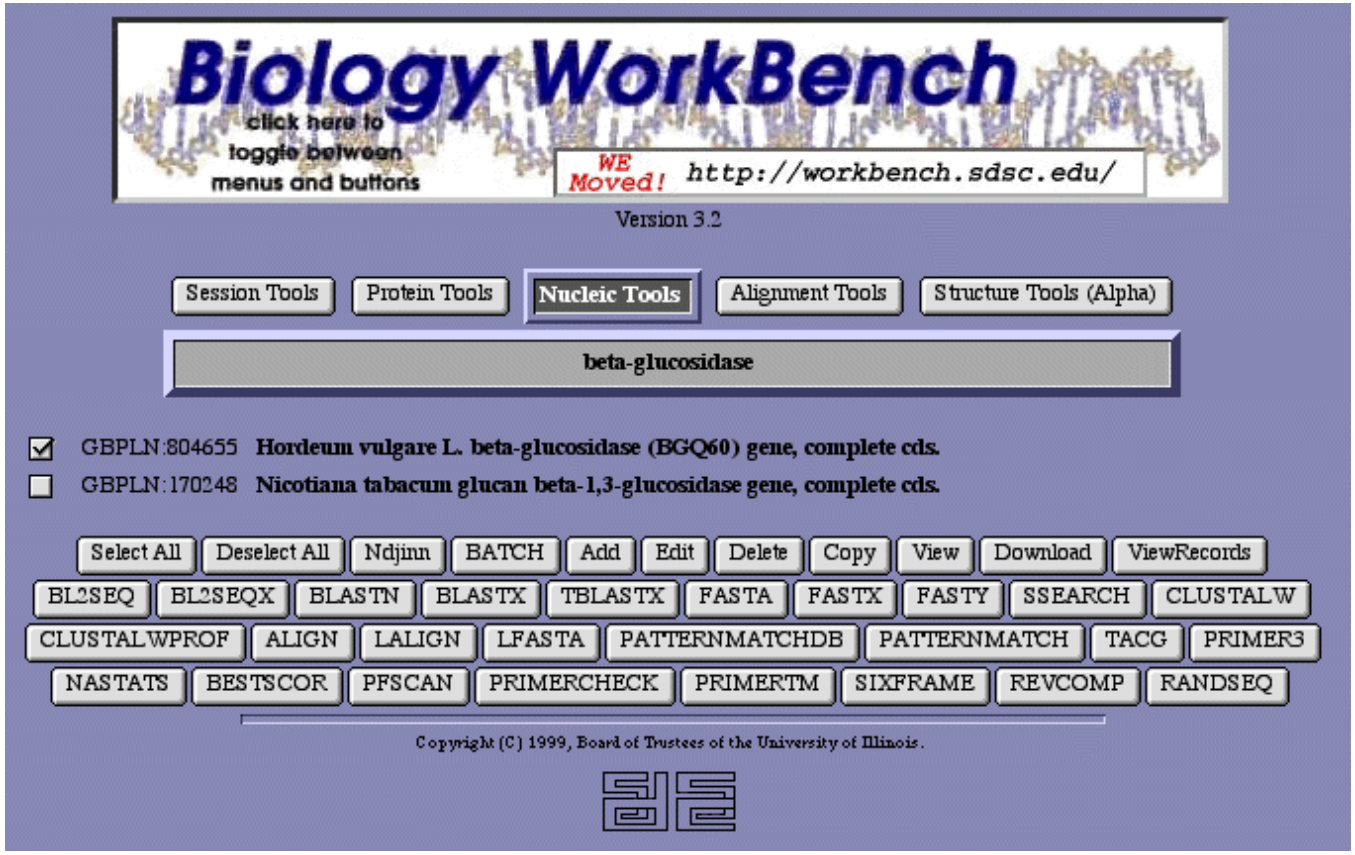
Osnova

- 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
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

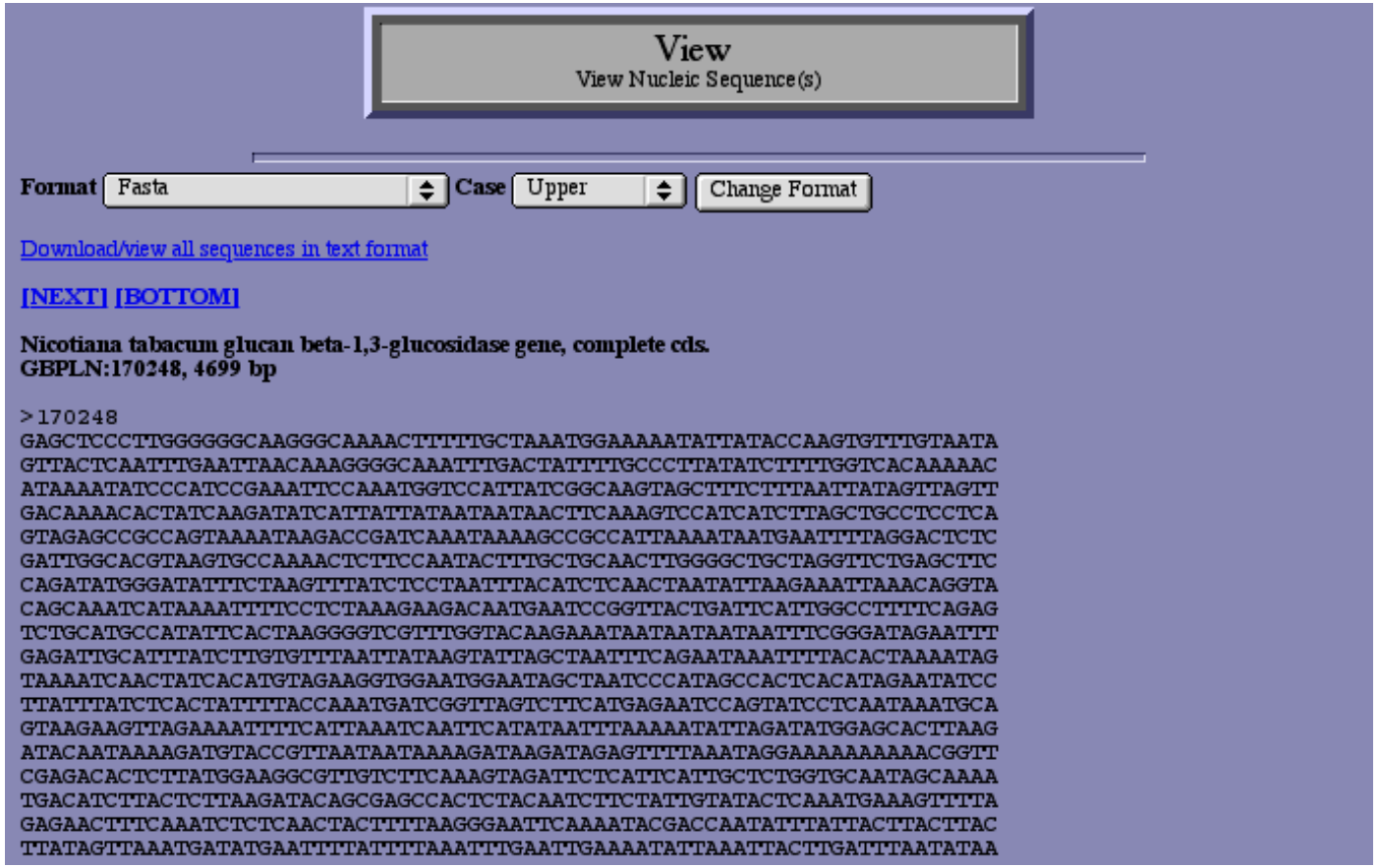
- **Biology Workbench** http://workbench.sdsc.edu/



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

- **Biology Workbench** http://workbench.sdsc.edu/



Analytické nástroje

- **Biology Workbench** http://workbench.sdsc.edu/

Regex pattern:

ctt.{1,32}ctt

0 sequences were searched

1 match was found

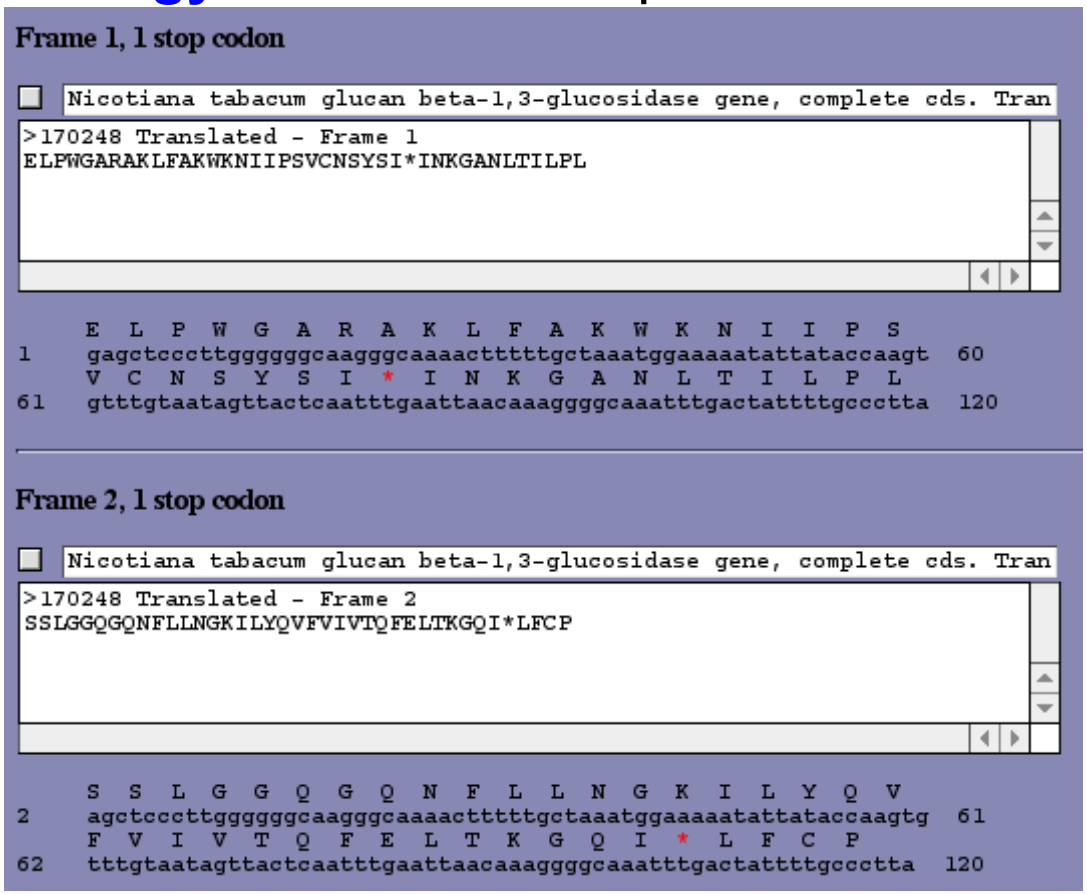
Matches are indicated in blue

>170248

GAGCTCCCTTGGGGGGCAAGGGCAAAACTTTTGCTAAATGGAAAAATATTATACCAAGTGTTTGTAATA
GTTACTCAATTTGAATTAACAAAGGGGCAAATTTGACTATTTTGCCCTTATATCTTTTGGTCACAAAAAC
ATAAAATATCCCATCCGAAATTCCAAATGGTCCATTATCGGCAAGTAGCTTTCTTTAATTATAGTTAGTT
GACAAAACACTATCAAGATATCATTATTATAATAATAACTTCAAAGTCCATCATCTTAGCTGCCTCCTCA
GTAGAGCCGCCAGTAAAATAAGACCGATCAAATAAAAGCCGCCATTAAAATAATGAATTTTAGGACTCTC
GATTGGCACGTAAGTGCCAAAACTCTTCCAATACTTTGCTGCAACTTGGGGCTGCTAGGTTCTGAGCTTC
CAGATATGGGATATTTCTAAGTTTATCTCCTAATTTACATCTCAACTAATATTAAGAAATTAAACAGGTA
CAGCAAATCATAAAATTTTCCTCTAAAGAAGACAATGAATCCGGTTACTGATTCATTGGCCTTTTCAGAG
TCTGCATGCCATATTCACTAAGGGGTCGTTTGGTACAAGAAATAATAATAATAATTTCGGGATAGAATTT
GAGATTGCATTTATCTTGTGTTTAATTATAAGTATTAGCTAATTTCAGAATAAATTTTACACTAAAATAG
TAAAATCAACTATCACATGTAGAAGGTGGAATGGAATAGCTAATCCCATAGCCACTCACATAGAATATCC
TTATTTATCTCACTATTTTACCAAATGATCGGTTAGTCTTCATGAGAATCCAGTATCCTCAATAAATGCA
GTAAGAAGTTAGAAAATTTTCATTAAATCAATTCATATAATTTAAAAATATTAGATATGGAGCACTTAAG
ATACAATAAAAGATGTACCGTTAATAATAAAAGATAAGATAGAGTTTTAAATAGGAAAAAAAAAACGGTT
CGAGACACTCTTATGGAAGGCGTTGTCTTCAAAGTAGATTCTCATTCATTGCTCTGGTGCAATAGCAAAA
TGACATCTTACTCTTAAGATACAGCGAGCCACTCTACAATCTTCTATTGTATACTCAAATGAAAGTTTTA
GAGAACTTTCAAATCTCTCAACTACTTTTAAGGGAATTCAAAATACGACCAATATTTATTACTTACTTAC
TTATAGTTAAATGATATGAATTTTATTTTAAATTTGAATTGAAAATATTAAATTACTTGATTTAATATAA
ACAATAGATATCGCTAAGTATTTACCACAAACATGGAGATACTACAGAAGATTTTATTATTTGTAACGAT
GATTAAGCAGCTATTCATCTGGTTGTGCAGGATGAAAGAAAGTAACTAGCTATAATTTCTTTTGTAAAGT

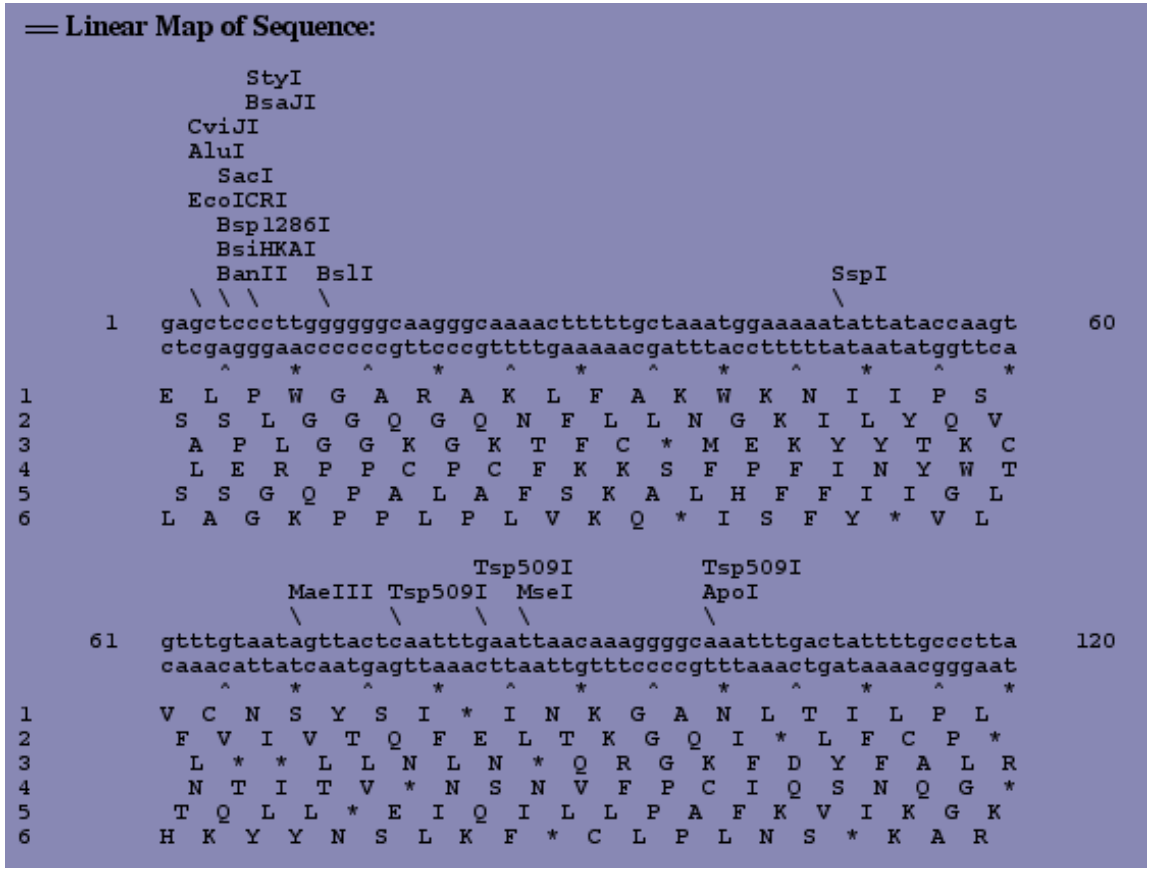
Analytické nástroje

- **Biology Workbench** http://workbench.sdsc.edu/



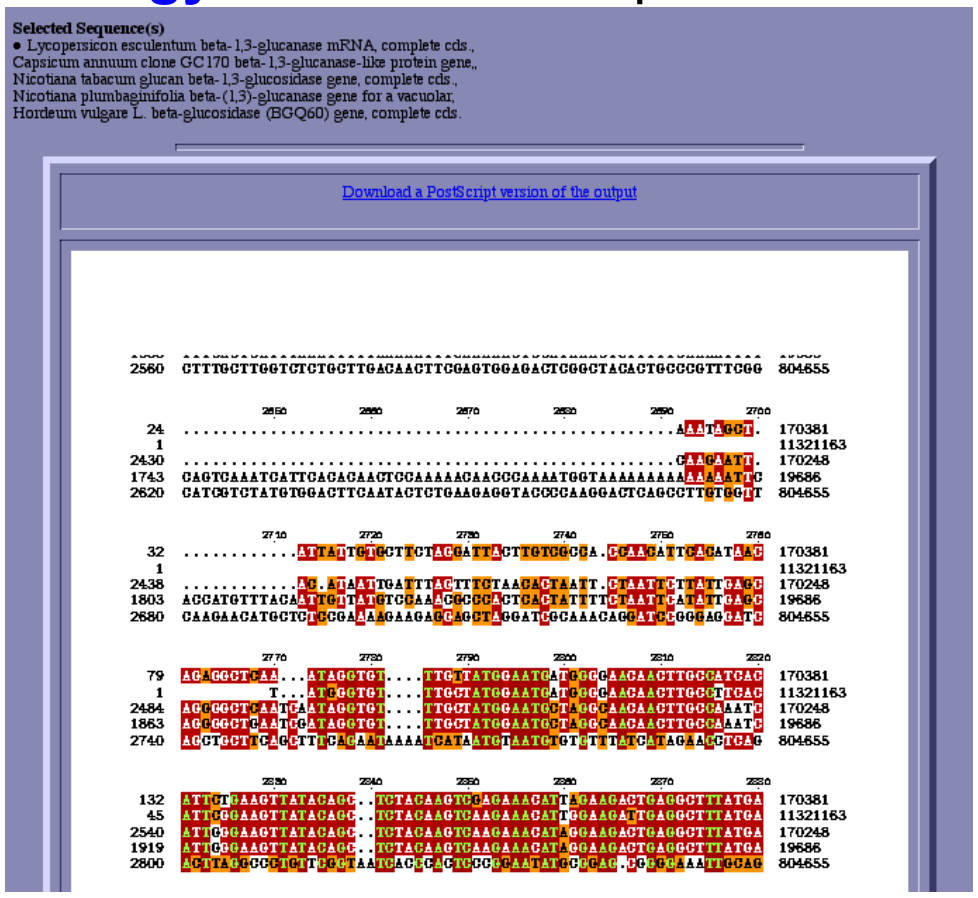
Analytické nástroje

- **Biology Workbench** http://workbench.sdsc.edu/



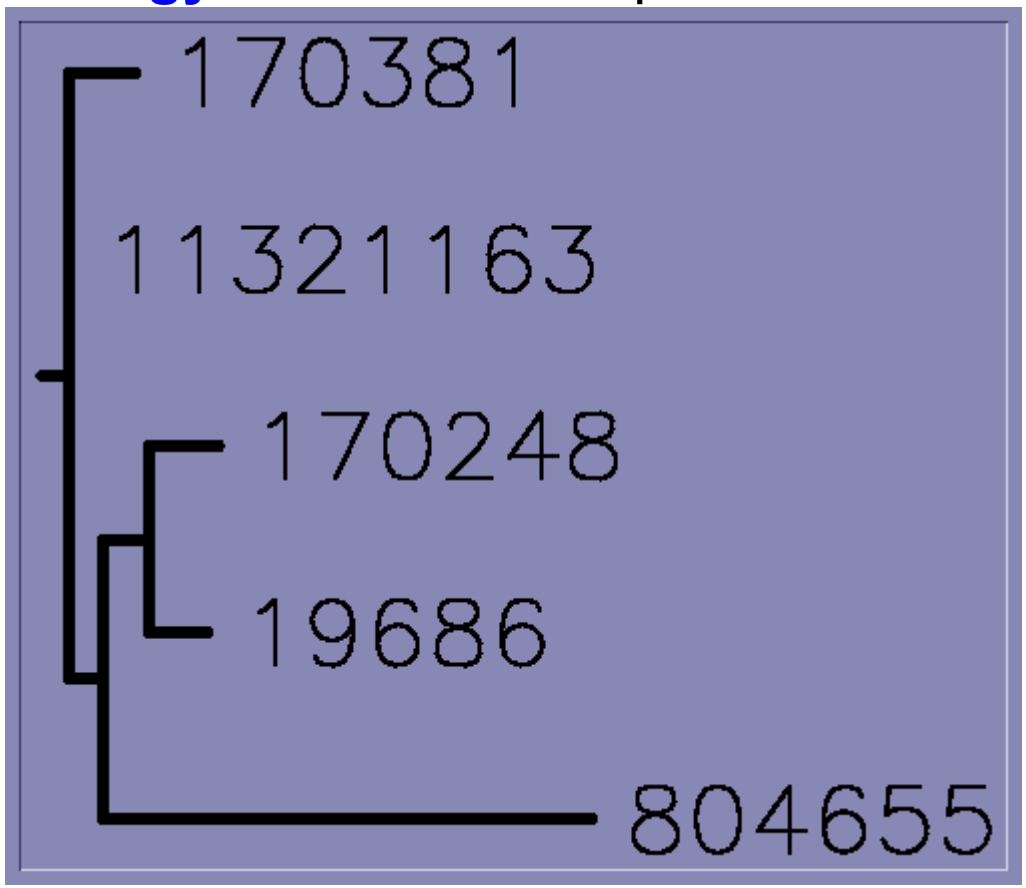
Analytické nástroje

- **Biology Workbench** http://workbench.sdsc.edu/



Analytické nástroje

- **Biology Workbench** http://workbench.sdsc.edu/



EVROPSKÁ UNIE
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

- **Virtual PCR (VPCR)** http://grup.cribi.unipd.it/cgi-bin/mateo/vpcr2.cgi

EVROPSKÁ UNIE
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

- **Virtual PCR (VPCR)** http://grup.cribi.unipd.it/cgi-bin/mateo/vpcr2.cgi

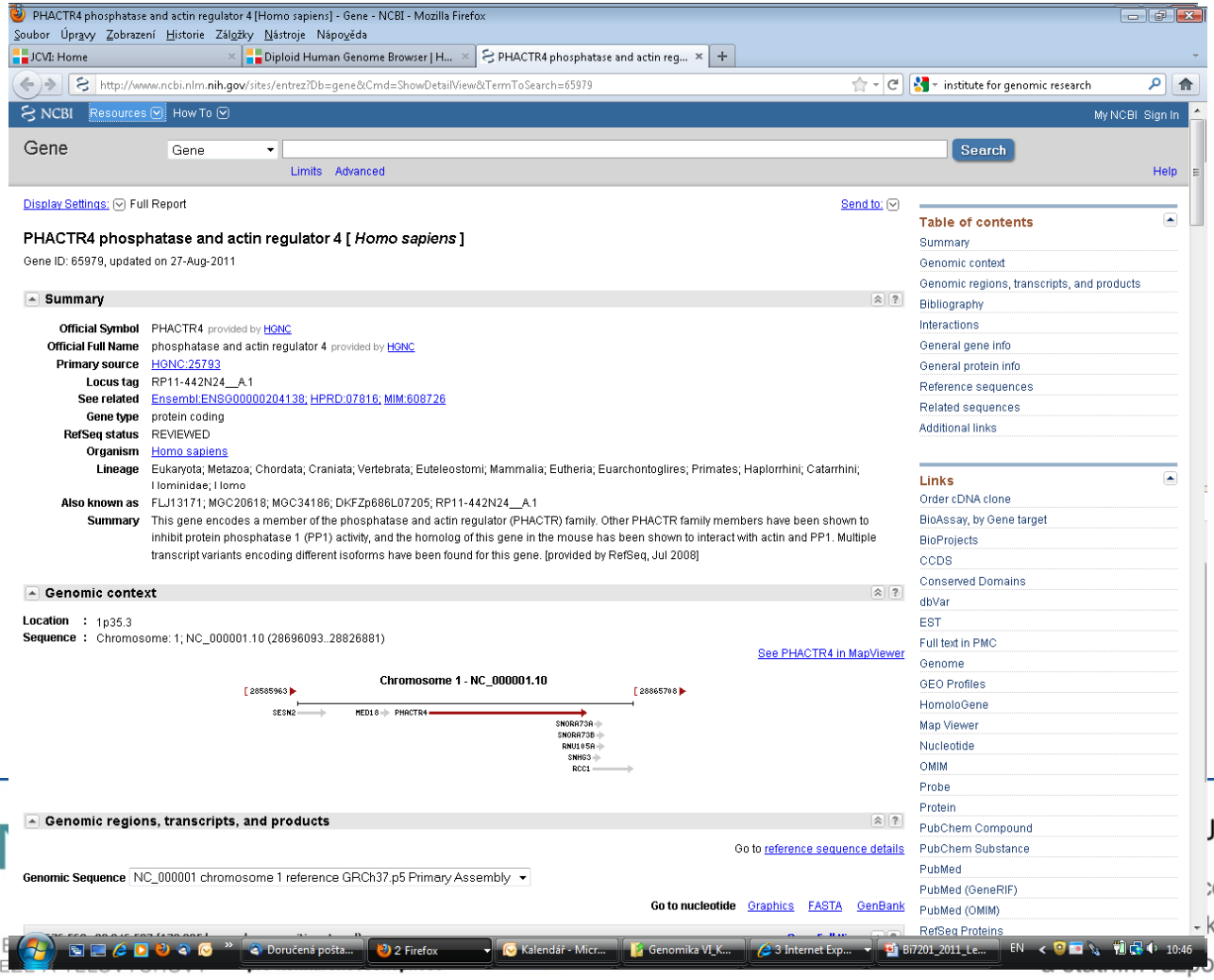
Osnova

- 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
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

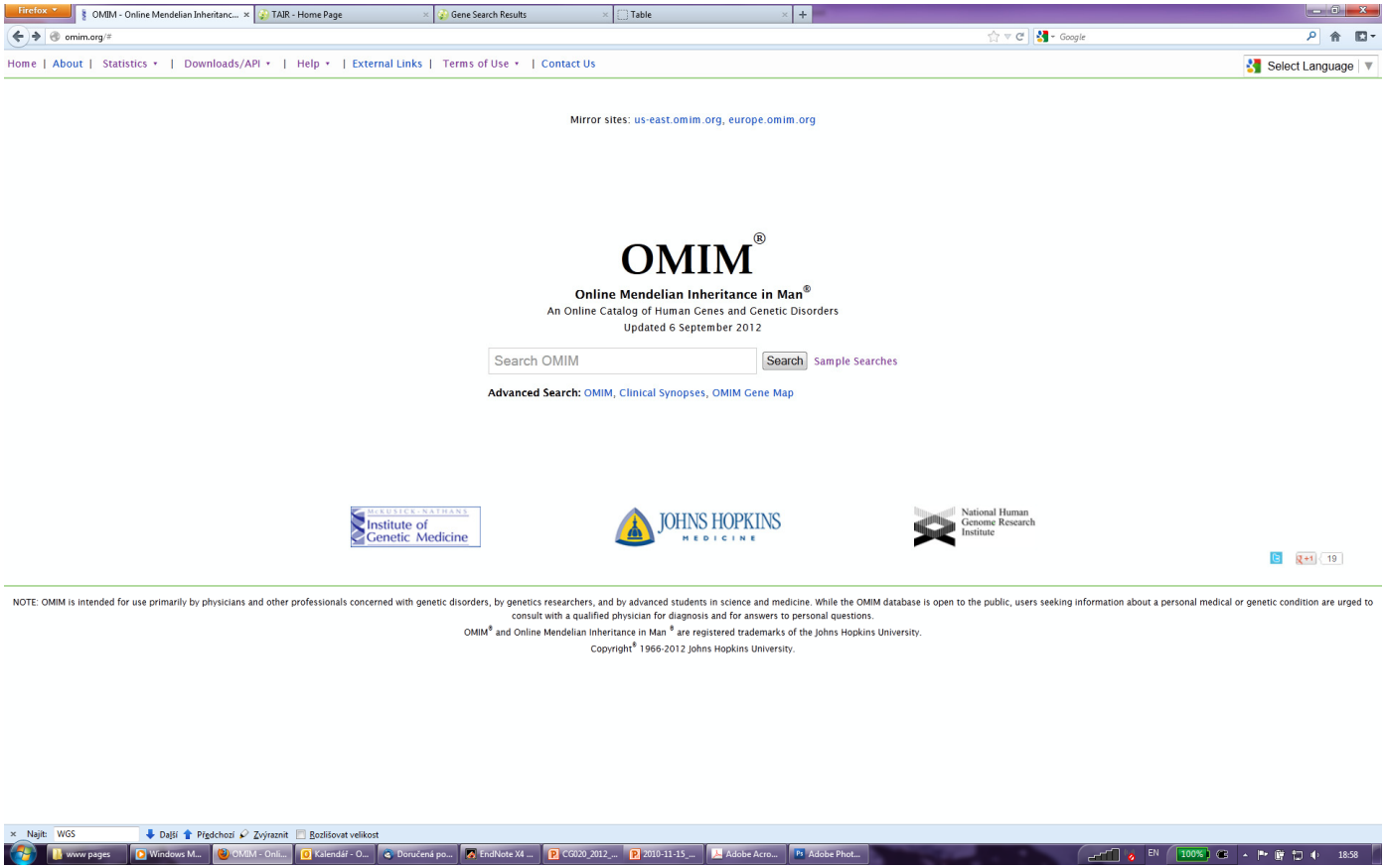
Další WWW zdroje

- TIGR (**T**he **I**nstitute for **G**enomic **R**esearch), http://www.tigr.org/software/
  - Recently part of the J. Craig Venter Institute



Další WWW zdroje

- **O**nline **M**endelian **I**nheritance in **M**an (OMIM) http://www.omim.org/



EVROPSKÁ UNIE
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
UNIVERSITAS MASARYKIANA BRUNENSIS
INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ
Tato prezentace je spolufinancována Evropským sociálním fondem a státním rozpočtem České republiky

Diskuse

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