

Tematyka BIOLOGICZNE BAZY DANYCH

Tematyka seminariów:

1. Omówienie baz danych: Omówienie baz danych: NCBI, PubMed, Gene Bank, Genes, dbSNP, OMIM, KRN
2. Omówienie baz danych: Ensembl, Reactome, Gene Ontology, MedlinePlus, GeneCards
3. Omówienie baz danych: HGNC, BLAST, UCSC Genome Browser, Protein Data Bank, UniProt, Pfam, Expasy, Prosite, IntAct, STRING, MODBase, PhosphoSite, Biocarta
4. Omówienie baz danych: Primer3Plus, UCSC In-Silico PCR, FAST PCR, Primer3, REBASE,

Tematyka ćwiczeń:

1. Ćwiczenia praktyczne z posługiwania się bazami: NCBI, PubMed, OMIN, KRN np.: należy podać ilość zachorowań na raka sutka w konkretnym województwie, uzupełnić informacje o czasopiśmie, znaleźć artykuły różnych naukowców jak i konkretne informacje w publikacjach naukowych, poszukać podanych jednostek chorobowych i sprawdzić czy są dostępne informacje na temat diagnostyki oraz leczenia, sprawdzić patogenność zmian
2. Ćwiczenia praktyczne z posługiwania się bazami: Gene Bank, Genes, dbSNP, Ensembl np.: poszukać informacje na temat konkretnego genu: podać nazwę genu, w jaki sposób się dziedziczy, położenie na chromosomie, sąsiedztwo z innymi genami, ilość egzonów, transkryptów, jakie ma znaczenie kliniczne, jakie są warianty alleliczne, w jakich procesach bierze udział dany gen, odszukać podane SNP w egzonie, wskazać znane mutacje danego genu, odnaleźć rs.
3. Ćwiczenia praktyczne z posługiwania się bazami Reactome, Gene Ontology, BLAST, HGNC, MedlinePlus, GeneCards, UCSC Genome Browser np.: wyszukiwanie sekwencji homologicznych, polimorfizmów, podobnych sekwencji (DNA, RNA, białko), należy odszukać sekwencję aminokwasową, podać ontologii
4. Mapowanie genomów, markery DNA, markery polimorficzne, mapy genetyczne, fizyczne, markery mikrosatelitarne – poszukiwanie markerów STS, korzystanie z bazy UCSC Genome Browser

5. Ćwiczenia praktyczne z posługiwania się bazami: Protein Data Bank, UniProt, Pfam, Expasy, Prosite, IntAct, STRING, MODBase, PhospoSite, Biocarta np.: należy podać informację o białku, jego charakterystykę, domeny, interakcje z innymi białkami, podać miejsce fosforylacji, znaleźć ścieżki sygnałowe
6. Ćwiczenia praktyczne z projektowania primerów za pomocą poznanych baz Primer3Plus, UCSC In-Silico PCR, FAST PCR, Primer3, sprawdzenie SNP-ów w sekwencji startera, szukanie enzymów restrykcyjnych z bazy REBASE
7. Podsumowanie zajęć, zaliczenie

Proponowana literatura

1. Bioinformatyka. podręcznik do analizy genów i białek. red. A.D. Baxevanis , B.F.F. Ouellette PWN 2010
2. Mrozek D. Bioinformatyczne bazy danych- rola, miejsce i klasyfikacja [w] Bazy danych: Struktury, Algorytmy, Metody. Wydawnictwa Komunikacji i Łączności, Warszawa 2006, s.117-128
3. Benson D.A., Karsch-Mizrachi I., Lipman D.J., Ostell J., Wheeler D.L. GenBank: update. Nucleic Acids Res Vol. 32, 2004 s 23-26
4. Hogue C., Ohkawa H., Bryant S. A dynamic look at structures. WWW-Entrez and the Molecular Modelling Database. Trends Biochem. Sci. 21, 1996 s 226-229
5. Wheeler D.L., Chappey C., Lash A.E., Leipe D.D. Database resources of the National Center for Biotechnology Information. Nucleic Acids Res 28(1), 2000 s 10-14
6. McEntyre J., Lipman D PubMed bridging the information gap. CMAJ. 164(9), 2001 s1317-1319
7. Landsman D., Gentleman R., Kelso J., Ouellette B.F.F., (2009), Database,