

Corso di Bioinformatica

http://compgen.bio.unipd.it/~stefania/Didattica/AA2010-2011/Bioinformatica_BTS/Bioinfo_BTS.html

Per ogni punto dell'esercitazione copiare ed incollare le informazioni richieste in un file sotto forma di breve testo con figure, in modo da assemblare un traccia di relazione con brevi commenti.
Alla fine inviare via mail la relazione prodotta nel corso dell'esercitazione (stefania.bortoluzzi@unipd.it).
Salvare il file della relazione ogni 5'!

I ESERCITAZIONE

Ricerca in ENTREZ

ENTREZ (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Entrez/index.html>) e' un'importante sistema per la ricerca di informazioni biologiche che fornisce un'interfaccia unificata per accedere a molti database differenti per contenuto ed organizzazione.

The screenshot shows the NCBI Entrez search engine interface. At the top, there is a navigation bar with the NCBI logo and the text 'Entrez, The Life Sciences Search Engine'. Below this is a search bar with the text 'Search across databases' and a 'GO' button. The main content area is a grid of database categories, each with an icon and a brief description. The categories are arranged in two columns. The first column includes PubMed, PubMed Central, Nucleotide, Protein, Genome, Structure, Taxonomy, SNP, Gene, HomoloGene, PubChem Compound, PubChem Substance, and Genome Project. The second column includes Books, OMIM, Site Search, UniGene, CDD, 3D Domains, UniSTS, PopSet, GEO Profiles, GEO DataSets, Cancer Chromosomes, PubChem BioAssay, GENSAT, Journals, and MeSH. Each category has a small 'i' icon next to it, likely for help or information.

Per ogni punto dell'esercitazione copiare ed incollare le informazioni richieste in un file Word.

1 Ricerca bibliografica in ENTREZ Books:

- Dare un'occhiata a "Book List".
- Cercare Apoptosis.
- Cercare Cadherins in Cancer medicine.

2 Ricerca bibliografica in ENTREZ PubMed:

- Trovare l'articolo piu' recente sul rhabdomyosarcoma embrionale (embryonal rhabdomyosarcoma[Title]).

- Trovare un articolo su Science riguardante la produzione in vitro di un genoma di *Mycoplasma genitalium*.

3 Retrieval di sequenze con ENTREZ Nucleotide:

- Cercare sequenze del citocromo b (gene mitocondriale) di qualsivoglia specie di storione (acipenser, cytb).

4 Retrieval di sequenze con ENTREZ Protein:

- Cercare la sequenza della PROTEINA umana nebulin annotarsi la lunghezza e copiare la sequenza in formato FASTA nel file Word.

5 Entrez Genome:

The screenshot displays the NCBI Entrez Genome database interface. At the top, there are navigation tabs for 'Limits', 'Preview/Index', 'History', 'Clipboard', and 'Details'. The main content area features a bar chart titled 'Total species (6079)' and 'Total records (11420)'. The chart is divided into two sections: 'Total species (6079)' and 'Total records (11420)'. The first section shows counts for Viruses (2327), Fungi (2227), Bacteria (1360), Archaea (67), Viroids (40), and Plasmids (36). The second section shows counts for Viruses (3549), Eukaryota (1189 chromosomes, 2225 organelles, 42 plasmids), Bacteria (2144 chromosomes, 2030 plasmids), and Archaea (88 chromosomes, 67 plasmids). Below the chart are three text boxes providing updates on genome sequencing milestones, microbial genome resources, and SNP identification in *Salmonella enterica* serovar Enteritidis.

Consultare le seguenti pagine, a da ciascuna provare a raggiungere le informazioni relative ad un diverso genoma completo:

- Entrez genome project (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/entrez?db=genomeprj>) → *Propionibacterium acnes* KPA171202. Quanti geni protein coding contiene questo genoma batterico?
- Map Viewer (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/mapview/>) → invertebrates → insects → *D. melanogaster* seguire i diversi link fino ad “entrare” mediante Mapview nel cromosoma X, osservare le diverse mappe mostrate in parallelo. Quanti geni sono contenuti nel cromosoma? Dalla tabella dei protein coding genes dedurre le coordinate del gene per la “L-lactate dehydrogenase” e scaricare la sequenza della proteina codificata in formato FASTA.
- Genomes (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genomes/>) → Human Genome Resources (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/genome/guide/human/>). Scaricare la sequenza della regione “D loop” del genoma mitocondriale umano in formato FASTA.