

2.Termin BCDS-Seminar

Allgemeines

Ressourcensammlung auf

www.biophysika.de/bioinformatik

Themen heute

- DNA-Tools
- Protein-Tools

DNA-Tools

Zugang zu DNA-Tools

- Software-Download (Betriebssystem-spezifisch)
→ Insbesondere: Softwarepakete (Suites)
- Webinterface: Aktueller Browser (+Java)
→ Insbesondere: Viele einzelne vs. annotierte Sammlung
- Was wird im Arbeitskreis verwendet?
- Proprietäre besser als freie Software?
- Generelle Empfehlung: Vertraut nie nur einem Programm, vergleicht!

DNA-Tools

Orientierung: Dauerhafte Linkarchive

**List of Open Source Bioinformatics
Software (Wikipedia)**

**List of Sequence Alignment Software
(Wikipedia)**

Denn Webressourcen sind unbeständig oder werden obsolet. Bleibt auf dem Stand der Zeit!

DNA-Tools

Installierbare Software

Beispiel: **EMBOSS**

European Molecular Biology Open Software Suite

Akzeptiert viele gängige Dateiformate

Beinhaltet >200 Anwendungen

- Sequenzalignment (lokal, global, multipel)
- Schnelle Datenbanksuche nach Sequenzmustern
- u.v.m.

Online-Version: <http://emboss.bioinformatics.nl/>

Windows-Installation: </EMBOSS/windows/>

[EMBOSS-Tutorial](#) (eines von vielen)

DNA-Tools

Aufgaben

1) Geht auf <http://www.ebi.ac.uk/> und besorgt Euch die Sequenz des humanen `pax6` Gens im `.fasta` -Format.

2) Geht auf NCBI und speichert die mRNA aus einer cDNA-Library im `.fasta` -Format ab. Suchanfrage: `MGC [Keyword] AND pax6 [Gene Name] AND human [Organism]` .

(MGC: Mammalian Gene Collection)

3) Geht auf <http://emboss.bioinformatics.nl/> , sucht nach der Anwendung `dotup` und erstellt einen Dotplot der Sequenzen, die Ihr gespeichert habt. Alle dots repräsentieren Nukleotid-Matches. Falls zu viel Rauschen vorhanden ist, erhöht die Wortgröße. Wieviele ähnliche Regionen findet Ihr?

[Dotplots](#) verwendet man für schnelle, grobe Sequenzvergleiche auf Ähnlichkeiten. Als "Rauschen" werden dabei zufällige Ähnlichkeiten bezeichnet, das man durch Variation der Wortgröße verringern kann.

Übrigens: `read the manual` ist generell sehr informativ, übersichtlich und nützlich!

DNA-Tools

Aufgaben

4) Ruft auf <http://emboss.bioinformatics.nl/> die Anwendung `needle` auf. Ihr ladet die beiden Sequenzen hoch, um ein globales Alignment durchzuführen. Dabei kann man die [Gapgrößen](#) einstellen.

Macht mehrere Durchläufe mit `needle`, wobei Ihr die Gap-Parameter variiert. Bei welcher Einstellung werden alle Exons erkannt? Tip: `gap extension penalty` verkleinern.

5) Benutzt `plotorf`, um alle 6 offenen Leserahmen der cDNA-Sequenz darzustellen. Welcher Leserahmen enthält die längste CDS?

(ORF: Open Reading Frames, F1: Forward Sense strand 1, R1 Reverse sense strand 1)

6) Wiederholt es mit `getorf` und identifiziert die Start- und Stop-Position.

7) Translatiert diese CDS (Coding Sequence) mit `transeq` in den Aminosäurecode. (cDNA laden, `begin/end in input sequence option` eintragen, `nucleotide, code to use: standard`)

8) Öffnet `remap` und lasst Euch Bindestellen für Restriktionsenzyme anzeigen.

DNA-Tools

NCBI Map Viewer

Gen auf Chromosom lokalisieren (gene mapping)

- 1) Öffne NCBI Map Viewer
- 2) Auswahl `Homo sapiens`
- 3) Sucht nach `HFE` (hereditary hematochromatosis) auf Chromosom 6
- 4) Rote Markierung, wieviele Hits?
- 5) Quick Filter: `Gene`
- 6) Klick `Genes_cyto`, → Cytogenetische Karte von Chromosom 6 erscheint
`6p22.3` bedeutet: Chromosomenzahl 6, kurzer Arm p, 22.3 Band-Nummer
(Bei Färbung im Labor entstehen helle und dunkle Bande, je höher die Band-Nummer, desto weiter entfernt vom Centromer)

DNA-Tools

The Sequence Manipulation Suite

- Webinterface von Bioinformatics.org
- Download: http://www.bioinformatics.org/SMS/d_load.html

Aufgabe:

Sucht Euch 2-3 Tools aus, probiert sie aus und stellt sie kurz vor.

Beispiel: Multiple Alignment Show, Darstellung bereits alignierter Sequenzen

DNA-Tools

The Sequence Manipulation Suite 2

Ebenfalls Webinterface, andere Tools

Aufgabe: Sucht Euch wieder 2-3 Tools aus und probiert sie aus.

DNA-Tools

In silico Restriktionsverdau ganzer Genome

Zeigt an, welche Restriktionsendonukleasen (Schnittenzyme) an welchen Stellen eines prokaryotischen Genoms binden

Parameter:

- Größe der Schnittfragmente
- Art des Schnitts: gerade Enden (blunt), Enden mit Überhang (overhang ends)

Optional: Bestimmte Endonuklease auswählen

Aufgabe: Probiert es an einem Genom Eurer Wahl aus

DNA-Tools

Pub DNA Finder

Query-Sequenz im .fasta -Format eingeben und nach Referenzen in Pubmed suchen

DNA-Tools

Sequence Conversion Tool

Listet sämtliche Sequenzformate und entsprechende Konvertierungstools auf

DNA-Tools

Life Science Tools

DNA-Tools

**Readseq - Biosequence Conversion
Tool**

DNA-Tools

Mobyle Portal

DNA-Tools

EBI Tools

DNA-Tools

Sequence Extractor

DNA-Tools

e-PCR

DNA-Tools

NCBI Sequence Viewer

DNA-Tools

[1000 Genomes Browser](#)

DNA-Tools

Zu guter Letzt

Empfehlenswerte Lernressource:

[NCBI: A Science Primer](#)

Schnelleinführung in Datenbanken, Tools, molekularbiologische Methoden, Bioinformatik für Anfänger und zum Auffrischen