Podstawowe narzędzia informatyczne w biologii molekularnej

I. Przeszukiwanie bazy literaturowej PubMed

Połącz się ze stroną <u>http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/</u>

- 1. W bazie PubMed znajdź artykuły autorstwa promotora Twojej pracy licencjackiej, następnie połącz się ze stroną <u>http://admin-apps.isiknowledge.com/JCR/JCR</u> i zsumuj IF jego/jej prac z ostatnich 4 lat; wybierz pracę o najwyższym IF i srpawdź ile razy była cytowana (http://scholar.google.pl/)
- 2. Przeszukaj bazę PubMed w poszukiwaniu prac o technikach transformacji roślin (*Arabidopsis thaliana*) przy użyciu bakterii *Agrobacterium tumefaciens*; znajdź:
 - pracę przeglądową poświęconą powyższej technice
 - prace naukowe poświęcone najnowszym osiągnięciom w tej dziedzinie
 - pracę źródłową, za pomocą strony <u>http://scholar.google.pl/</u>

II. Przeszukiwanie baz sekwencji nukleotydowych i aminokwasowych; analiza sekwencji DNA i białek.

- 1. Połącz się ze stroną <u>http://www.ncbi.nlm.nih.gov/</u> Znajdź sekwencję aminokwasową białka ATBRM z *Arabidopsis thaliana* w bazie sekwencji "Protein"
 - za pomocą narzędzi do analizy sekwencji białek SMART (<u>http://smart.embl-heidelberg.de/</u>) odszukaj domeny funkcjonalne białka ATBRM; na podstawie odszukanych domen zaproponuj molekularną funkcję białka ATBRM
 - używając narzędzia Interaction Network ze strony SMART stwórz listę białek oddziałujących z ATBRM, podaj uzasadnienie każdej z interakcji
 - za pomocą narzędzia BLAST (<u>http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi</u>) przeszukaj bazę sekwencji białkowych odnalezioną sekwencją białka ATBRM; sprawdź, czy inne organizmy (drożdże, zwierzęta) posiadają białka homologiczne dla ATBRM; na podstawie opisów odnalezionych homologów zaproponuj molekularną funkcję ATBRM

- 2. Zaprojektuj doświadczenie polegające na sklonowaniu sekwencji kodującej ATBRM do wektora pUC18
 - pobierz z bazy sekwencji nukleotydowych (<u>http://www.ncbi.nlm.nih.gov/</u>) sekwencję plazmidu pUC18 (posłuż się numerem GI:209211 w celu wyszukania sekwencji plazmidu)
 - za pomocą programu Nebcutter (<u>http://tools.neb.com/NEBcutter2/</u>) odszukaj enzymy, które posiadają jedno miejsce trawienia w wektorze pUC18 i nie trawią w obrębie sekwencji kodującej ATBRM
 - zaprojektuj primery do sklonowania sekwencji kodującej ATBRM w wektorze pUC18
- Zaprojektuj primery do analizy poziomu ekspresji mRNA ATBRM (użyj numeru GI 145362204)
 - za pomocą programu Primer BLAST (<u>http://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/</u>) odszukaj pary primerów, które obejmują sekwencje intronowe lub znajdują się na granicach egzon-egzon

III. Analiza transkryptomiczna z użyciem baz danych mikromacierzowych

Połącz się ze stroną http://www.bar.utoronto.ca/

- 1. Za pomocą narzędzia Arabidopsis eFP Browser określ wzór ekspresji tkankowej genu ATBRM (At2g46020), sprawdź czy jego wzór ekspresji zmienia się w odpowiedzi na czynniki stresowe oraz ustal, na jakim etapie rozwoju ATBRM jest wyrażany.
- 2. Za pomocą narzędzia Expression Angler odszukaj geny wykazujące pozytywną bądź negatywną korelację poziomu ekspresji z genem ATBRM