

Что такое биоинформатика?

Банк SwissProt

# Что такое биоинформатика?

---

- Исследование информационных процессов в биологических системах (клетках, органах, организме, популяции).
- Изучение и внедрение в компьютерную науку «биологических» методов анализа информации (нейросетей, генетических алгоритмов, нечеткой логики и др.).
- Применение компьютерных методов для решения биологических задач.
- Телепатия, парапсихология, информационные поля и т.п.



# Биоинформатика

---

Исследование информационных процессов в биологических системах (клетках, органах, организме, популяции).

Изучение и внедрение в компьютерную науку «биологических» методов анализа информации (нейросетей, генетических алгоритмов, нечеткой логики и др.).

**Применение компьютерных методов для решения биологических задач.**

Телепатия, парапсихология, информационные поля и т.п.

# Примеры задач биоинформатики

---

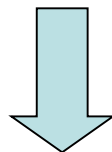
- Разработка алгоритмов для анализа большого объема биологических данных
  - Алгоритм поиска генов в геноме
- Анализ и интерпретация биологических данных таких, как нуклеотидные и аминокислотные последовательности, структура молекул белков, структура комплексов молекул белков с другими молекулами.
  - Изучение структуры активного центра белка
- Разработка программного обеспечения для управления и быстрого доступа к биологическим данным
  - Создание банка данных аминокислотных последовательностей

# Что понимать под биоинформатикой?

---

Как видим, смысл термина ещё уже...

Применение компьютерных методов для решения биологических задач



Применение компьютерных методов для решения задач  
**молекулярной биологии**

... и ещё уже...

Компьютерный анализ экспериментальных данных о структурах биологических макромолекул (белков и нуклеиновых кислот) с целью получения биологической информации

# Итак...

Биоинформатика = вычислительная молекулярная биология

**Почему так сузился смысл термина?**

gatcctccatatacaacggtatctccacctcaggtttagatctcaacaacggaaccattg  
ccgacatgagacagttagggtatcgtcgcgagagttacaagctaaaacgagcagtagtcagct  
ctgcatctgaagccgctgaagttctactaaggggtggataacatcatccgtgcaagaccaa  
gaaccgccaatagacaacatatgtaacatatttaggatatacctcgaaaataataaacg  
ccacactgtcattattataattagaaacagaacgcacaaaattatccactatataattcaa  
agacgcgaaaaaaaaagaacaacgcgctcatagaacttttggcaattcgcgctcacaataa  
atthttggcaacttatgthttcctcttcgagcagtagctcgcgagccctgtctcaagaatgta  
aataccatcgtagggtatgggttaaagatagcatctccacaacctcaaagctccttgccga  
gagtcgcccctcctttgtcgcgagtaatthttcactthttcatatgagaacttatthttcttattc  
thttactctcacatcctgtagtgattgacactgcaacagccaccatcactagaagaacaga  
acaattacttaatagaaaaattatatcttcctcgaaacgattthctctgcttccaacatcta  
cgtatatcaagaagcattcacttaccatgacacagcttcagattthcattattgctgacag  
ctactatatacactactccatctagtagtgccacgccttatgaggcatatcctatcggaa  
aacaataccccccagtgcccaagagtcaatgaatcgtttacattthcaaattthccaatgata  
cctataaatcgtctgtagacaagacagctcaaataacatacaattgcttcgacttaccga  
gctggctthtcgthttgactctagthttctagaacgthttctcagggtgaacctthctctgacttac  
tatctgatgcgaacaccacgthttgtatthtcaatgtaatactcgcgaggggtacggactctgccc  
acagcacgthctthgaacaatacataccaattthgtthttacaaaccgthccatccatctcgc  
tatcgtcagattthcaatctattggcgtthtttaaaaaactatggthtataactaacggcaaaa  
acgctctgaaactagatcctaatagaagthctcaacgthgactthttgaccgthtcaatgthtca  
ctaacgaagaatccattgtgthcgtattacggacgthttctcagthtgataatgcccgttac  
ccaattggctgthttcttcgattctggcgcgagthtgaagthtactgggacggcaccggthgataa  
actcggcgcgattgctccagaaacaagctacagthttthgtcatcatcgcctacagacattgaag  
gaththttctgcccgtthgagthtagaattcgaattagthcatcggggctcaccagthtaactacct  
ctattcaaaatagthttgataatcaacgthtactgacacagthtaacgthttcatatgacttac  
ctctaaactatgthttatctcgcgatgacgatcctatthttctctgataaattgggthtctataa

В конце 1970-х годов был изобретён относительно быстрый и дешёвый метод экспериментального определения последовательности оснований в ДНК





# Для хранения все возрастающей информации о последовательностях ДНК в 1982 году был основан GenBank

**GenBank** — хранилище последовательностей нуклеиновых кислот в виде компьютерных файлов

**Объем GenBank'a:**

**1982:** 680 338 букв в 606 последовательностях

**1992:** 101 008 486 букв в 78 608 последовательностях

**2002:** 28 507 990 166 букв в 22 318 883 последовательностях

**2004:** 44 575 745 176 букв в 40 604 319 последовательностях

**2005:** 56 037 734 462 букв в 52 016 762 последовательностях  
(из ~165 000 организмов)

Размер файлов — 196 Gb

# Пионеры биоинформатики

---

1962



## Лайнус Полинг

- Анализ аминокислотных последовательностей глобинов нескольких позвоночных
- Гипотеза **молекулярных часов**

Zuckerlandl, E., and L. Pauling. **1962**. Molecular disease, evolution, and genic heterogeneity. Horizons in Biochemistry, Academic Press, New York, 189-225.

Zuckerlandl, E., and L. Pauling. **1965**. Evolutionary divergence and convergence in proteins. Evolving Genes and Proteins, Academic Press, New York, 97-166.

# Пионеры биоинформатики

1965



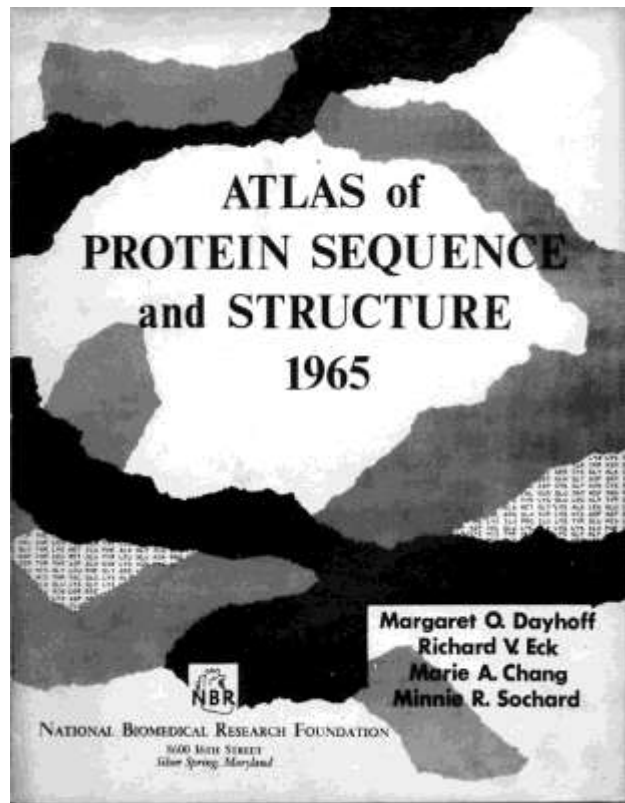
## Маргарет Дейхофф

- Однобуквенный код аминокислот  
A,C,D,E,F,G,H...
- Матрицы аминокислотных замен  
PAM (Point Accepted Mutation)

Атлас последовательностей белков и их структур (1965)

# Первый “банк данных”

1965 -1978



Атлас белковых последовательностей и их структур

Первая версия атласа содержала описание **65 (!)** последовательностей белков

# Банки данных

- **Архивные**

(примеры: PDB, GenBank)

за содержание каждой записи отвечает её автор-экспериментатор

- **Курируемые**

за содержание записей отвечают специальные люди — кураторы

- **Автоматические**

записи генерируются компьютерными программами

# Банк данных Swiss-Prot

---

1986



**Swiss-Prot** – база знаний о  
белковых последовательностях

- Курируемая база данных
- “**Золотой стандарт**” аннотации

# Банк данных Swiss-Prot

---



С 1987 поддерживается в сотрудничестве между

Swiss Institute of Bioinformatics (**SIB**)  
European Bioinformatics Institute (**EBI**)

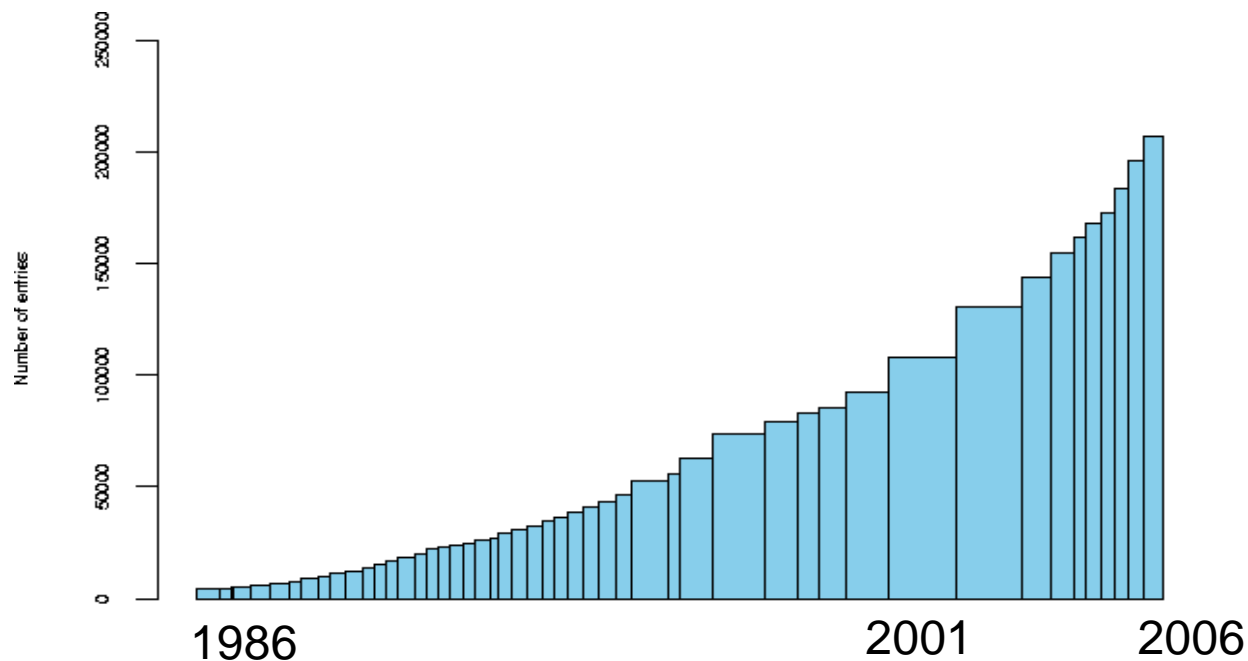


## Амос Байрох

Руководитель группы Swiss-Prot в  
Швейцарском Институте Биоинформатики

# Банк данных Swiss-Prot

## Статистика роста количества документов



Текущий релиз **48.9** (24 января 2006) содержит 206586 документов



# Банк данных TrEMBL

---



**TrEMBL (Tr**anslated **EMBL)**

Формальная трансляция всех кодирующих  
нуклеотидных последовательностей из банка EMBL

Автоматическая классификация и аннотация

Текущий релиз **31.9** (24 января 2006) содержит 2 586 884 документа

# Тенденция объединения

---

2002



**PIR** Protein Information Resource



# Банк данных UniProt

---



## UniProt (Universal Protein Resource)

- UniProt Knowledgebase – **SwissProt+TrEMBL**
- UniProt Archive – **UniParc**
- UniProt Reference – **UniRef**

ttttacctcttttagtgatattgtgatagagcaaaaaatcccgcacattgtgtcgggattgttttaaaccttgttgattttaattttcaatcgcttctttattaaagaagtagtggtgccc  
acaacactcacattgcatatcaatacggcctttatgttcggctaataatcttctgcaatttcttcatcagagatgagcagtagatgcagaactagaacgctcagcagagcagccaca  
gaaaaattgacatcttgtgctggataaagattaacggtttcttctgtatataaacgataggagtaacttctctgcagggagaccaataattcttcatctttactgttgctgagc  
gtagttaaatgctcaaaatcttctggtgtaccagaaccatcaggcataattgtaataacatacctgctgcccactggcttgccttcatattctccagtacgaataattaattgagttg



GenBank



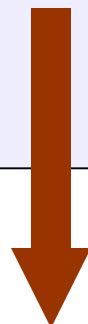
EMBL



DDBJ



компьютерный поиск гена, трансляция и компьютерная аннотация



Базы данных научной литературы



~2 500 000 последовательностей

Экспертиза



~200 000 последовательностей



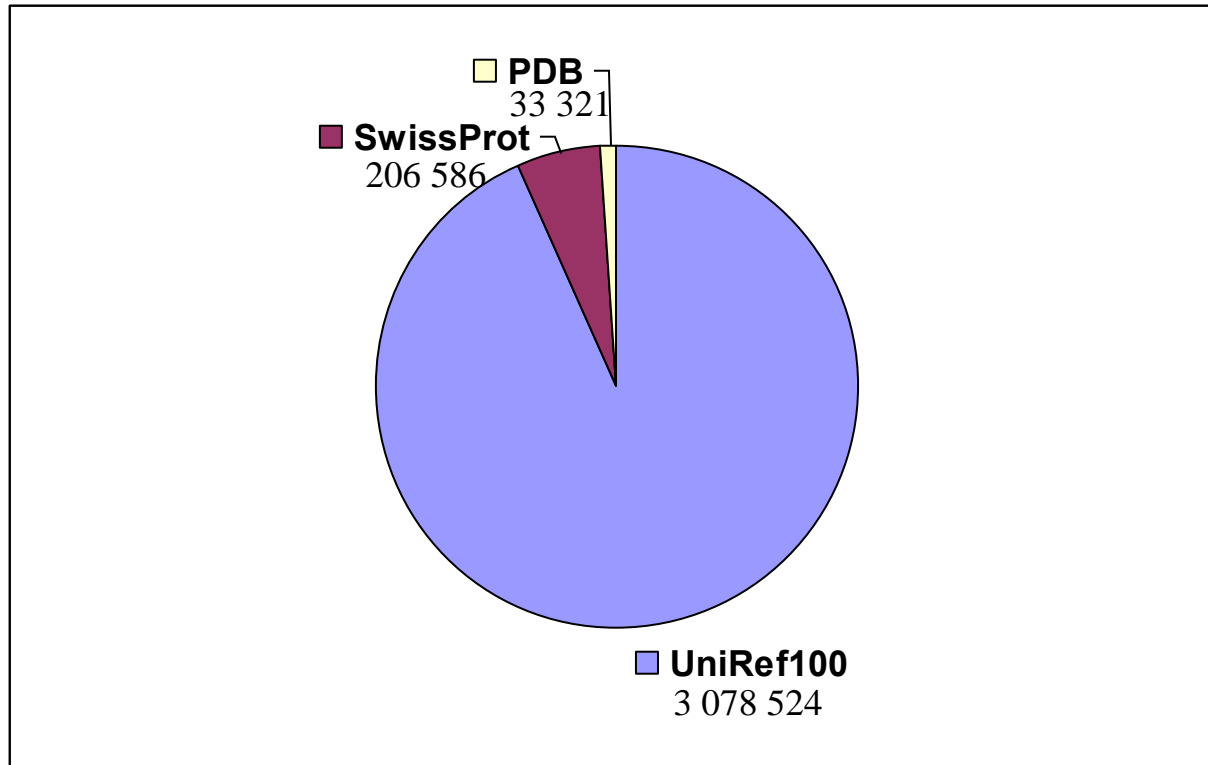
UniParc  
(UniProt Archive)



UniRef  
(UniProt non-redundant Reference databases)



# Соотношение числа белков, представленных в разных банках



**Последовательностей во много раз больше, чем структур!**

**Большинство последовательностей не аннотированы!**

# Документ банка данных Swiss-Prot

```
ID YSEA_STACA STANDARD; PRT; 165 AA.
AC P47995;
DT 01-FEB-1996 (Rel. 33, Created)
DT 01-FEB-1996 (Rel. 33, Last sequence update)
DT 13-SEP-2005 (Rel. 48, Last annotation update)
DE Hypothetical protein in secA 5' region (ORF1) (Fragment).
OS Staphylococcus carnosus.
OC Bacteria; Firmicutes; Bacillales; Staphylococcus.
OX NCBI_TaxID=1281;
RN [1]
RP NUCLEOTIDE SEQUENCE [GENOMIC DNA].
RC STRAIN=TM300;
RA Freudl R.;
RL Submitted (JUN-1994) to the EMBL/GenBank/DBJ databases.
CC -!- SIMILARITY: Belongs to the ribosomal protein S30Ae family.
CC -!- CAUTION: This is a conceptual translation.
CC -!- CAUTION: Ref.1 sequence differs from that shown due to frameshifts
CC in positions 25 and 46.
CC -----
CC This Swiss-Prot entry is copyright. It is produced through a collaboration
CC between the Swiss Institute of Bioinformatics and the EMBL outstation -
CC the European Bioinformatics Institute. There are no restrictions on its
CC use as long as its content is in no way modified and this statement is not
CC removed.
CC -----
CC DR EMBL; X79725; CAA56161.1; ALT_FRAME; Genomic_DNA.
CC DR PIR; S47148; S47148.
CC DR InterPro; IPR003489; Ribosomal_S30S54.
CC DR Pfam; PFO2482; Ribosomal_S30AE; 1.
CC KW Hypothetical protein.
CC FT NON_TER 1 1
CC SQ SEQUENCE 165 AA; 19138 MW; BF8CB91ADE194DDO CRC64;
    LERYFTNVPN VNAHVKVKTY ANSSKIEVTI PLNDVTLRAE ERNDDIYAGI DKITNKLECQ
    VRKYKTRVNR KKRKESHEP FPATPETPPE TAVDHDKDDE IEIIRSKQFS LKPMDSEEAV
    LQMDLLGTDF FIFNDRETDG TSIVYRRKDG KYGLIETVEK LICDI
```

Описание документа: идентификатор,  
имя, дата создания и модификации

Аннотация  
последовательности

Последовательность

# Основные поля записи SwissProt

- ID
- AC
- DE
- OS
- OC

И сама последовательность, конечно.