Tema 3. Bases de datos I

Actualizado en: 24/01/2023

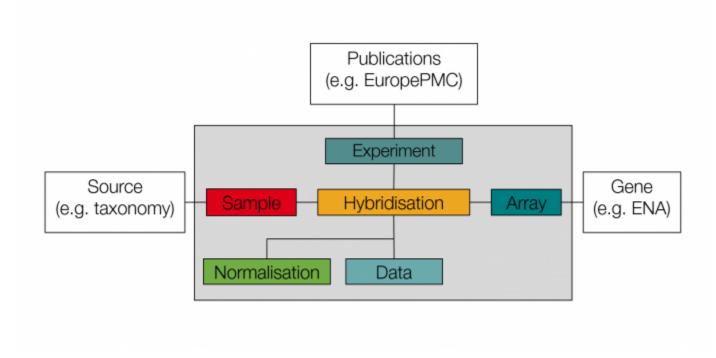
Objetivos

- · ¿Para qué se comparten los datos?
- · Cómo buscar información en el European Nucleotide Archive.
 - ¿Qué tipos de datos puedo buscar?
 - ¿Qué información puedo obtener de cada tipo de datos?
 - ¿Para qué sirven las búsquedas programáticas?

Contexto filosófico

- · La biología es una ciencia **empírica**.
- · Datos: punto de contacto entre hipótesis y realidad.
- Preservar y compartir los datos es necesario.
- · Datos primarios o Análisis o Datos secundarios
- Metadata: Conocer el contexto para usar los datos.

Metadata. *Minimum Information about a Microarray Experiment*



6 tipos de datos en MIAME y enlaces externos.

Contexto histórico

- · 1979 Los Alamos Sequence Database.
- 1980 EMBL Data Library.
- · 1982 Genbank (EEUU) y distribución de la EMBL Data Library.
- 1986 DNA Data Bank of Japan (DDBJ).
- 1988 National Center for Biotechnology Information (NCBI).
- · 1990 Proyecto Genoma Humano. EMBL Data Library ightarrow EMBL Nucleotide Sequence Database.
- 1992 NCBI se hace cargo de Genbank.
- · 2005 Formalización de la *International Nucleotide Sequence Database Collaboration* (INSDC).
- 2008 European Nucleotide Archive = EMBL Nucleotide Sequence Database + Trace Archive + Short Read Archive.
- 2011 BioProject.

International Nucleotide Sequence Database Collaboration



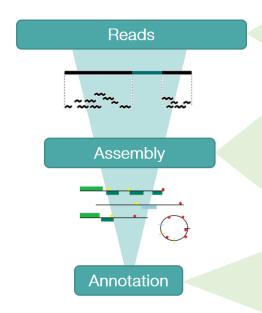
European Nucleotide Archive (ENA)

"ENA is an open, supported platform for the management, sharing, integration, archiving and dissemination of sequence data"

Página principal

Tutoriales y guías

ENA. Contenidos

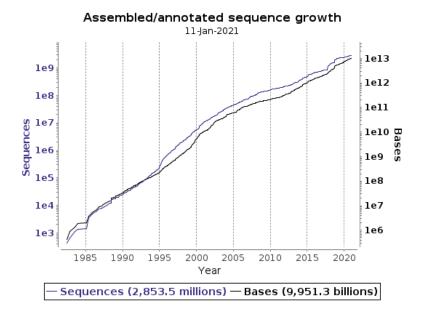


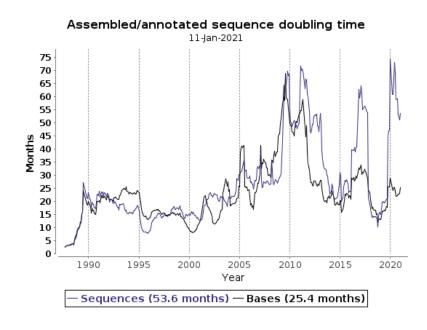
Run	Sequencing data files
Experiment	Sequencing methods

WGS set	Whole Genome Shotgun contig set
TSA set	Transcriptome assembly contig set
Scaffold	Assembled scaffold sequences
Chromosome	Fully assembled chromosomes (including organelles, plasmids and viral segments)

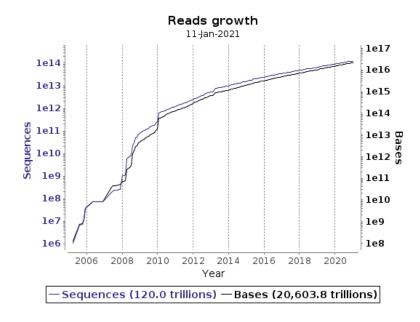
Coding sequences	Sequence regions reported as being protein- coding regions
Non-coding sequences	Sequence regions reported as representing non- protein-coding (RNA) genes

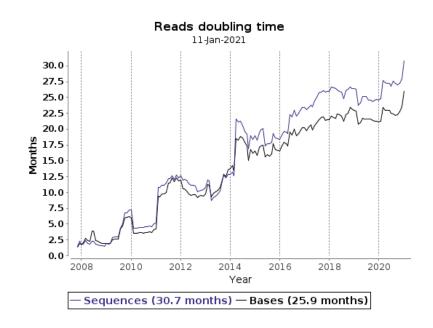
ENA. Estadísticas





ENA. Estadísticas





ENA. Búsqueda avanzada

- · Tipo de datos deseados.
- · Filtros o términos de la consulta (*Query*).
- · Inclusión/exclusion de registros conocidos (opcional).
- · Campos de información solicitados.
- · Número máximo de resultados.

ENA. Tipos de datos

- Studies
- · Studies used for raw reads
- · Studies used for nucleotide sequence analyses from reads
- · Samples
- Environmental samples
- Experiments used for raw reads
- · Raw reads
- · Nucleotide sequence analyses from reads
- · Genome assemblies
- Genome assembly contig sets (WGS)
- Transcriptome assembly contig sets (TSA)
- Nucleotide sequences
- Protein coding sequences
- Non-coding sequences
- · Taxonomic classification

ENA. Filtros

- · Taxonomy and related: taxonomia NCBI, división taxonómica, etc.
- · Geographical location: Área rectangular o circular sobre mapa o país.
- **Geography**: Altitud.
- · Collection event information: fecha de recolección, etc.
- Sampling information: identificador de muestra, etc.
- · Sample state and conditions: tejido, sexo, edad, tipo celular...
- · Database record: fecha de publicación, tipo de datos, palabras clave...
- · Accessions: número de registro de la muestra, de la secuencia...

• ...

ENA. Ejemplos de búsquedas avanzadas

- · Lecturas cortas de genoma de Neandertal.
- · Estudios que contengan muestras humanas de Albania.
- · Mujeres participantes en el 1000 Genomes Project.
- Genomas de cloroplastos de coníferas.
- Lecturas cortas nuevas no humanas de enero.

Algunas búsquedas no se ajustan al esquema de la búsqueda avanzada

EBI Search

Búsqueda de texto libre en múltiples bases de datos. Ejemplos:

- covid-19 OR sars-cov-2 OR (2019 AND ncov)
- · escherichia NOT coli
- prostate AND cancer
- publication_date:[2010 TO 2011]

Búsquedas programáticas. ENA Portal

Busca lecturas cortas de SARS-Cov2 de muestras italianas, mostrando: número de registro, número de bases, fecha de recolección, país, enlace ftp al archivo fastq, código md5 del archivo y número de muestra, todo en formato tsv:

```
curl -X POST -H "Content-Type: application/x-www-form-urlencoded" \
-d 'result=read_run&query=tax_eq(2697049)%20AND%20country%3D%22Italy%22&
fields=accession%2Cbase_count%2Ccollection_date%2Ccountry%2Cfastq_ftp%2C
fastq_md5%2Cread_count%2Csample_accession&format=tsv' \
"https://www.ebi.ac.uk/ena/portal/api/search"
```

Búsquedas programáticas. ENA Browser

Busca las 5 secuencias no codificantes más relevantes para los términos *tRNA* y *Listeria*:

```
curl -X GET --header 'Accept: application/json' \
'https://www.ebi.ac.uk/ena/browser/api/text/textsearch?domain=non-coding
&query=tRNA%20AND%20Listeria&limit=5'
```

Conclusiones

- Los datos son para compartirlos.
- · Una base de datos integrada facilita los metaanálisis.
- · Consultar las bases de datos de forma automática ayuda a:
 - Repetir la búsqueda y actualizar los resultados.
 - Comunicar con precisión el método de búsqueda.
 - Construir nuevos servicios web.