CC471 – Biologia Computacional

Organizador del Curso:

Prof. Ciro Nuñez Iturri ciro.nunez.i@uni.edu.pe



CC471 – Biologia Computacional

- 1)Introduccion al curso y sus objetivos
- 2) Organización del curso y contenido
- 3) Conceptos Básicos de Biología Molecular
- 4) Problemas Clásicos de BioInformática



1. Introduccion y objetivos

Pre Requisitos:

- 1)CH061 Biologia (Conocimentos Básicos de Biología Molecular)
- 2)CC302 Lenguaje Paralelo Distribuido, Orientado a Objetos (Programación, desarrollo y análisis de algoritmos)



1. Introduccion y objetivos

Objetivos para el semestre:

Introduccion a la Biologia Computacional:

- 1)Entender y resolver Problemas Fundamentales de Bilología Computacional
- 2)Conocer y aplicar Técnicas y algoritmos para el análisis de datos que se aplican el campo de la Biologia.
- 3)Entender como funcionan los métodos aplicados

Desarrollar la Habilidad para iniciar un trabajo de investigación:

1)Practicas con datos reales.



1. Introduccion y objetivos - Información del curso

Clases de Teoría: Los Lunes de 17. A 20 hrs. Aula R1/411

Clases de Laboratorio: Los Viernes de 08 a 10 hrs. Sala 1.



1. Introduccion y objetivos - Información del curso

- 1. Examen parcial
- 2. Examen Final
- 3. Proyecto de curso
- 4. 4 Practicas Calificadas
- 5. 4 Practicas de Laboratorio calificadas.
- 6. Examen sustitutorio.



2. Organización del curso

ı	PROG. ANALITICO	UNIDAD	CONTENIDO	CALENDARIO DE EVALUACIONES
	1 (20.08.18 al 24.08.18)	Conceptos introductorios	Introducción; 2. Conceptos básicos de Biologia Molecular; 3. Problemas clasicos de Bioinformática; 4. Herramientas de recolección y almacenamiento de secuencias de laboratorio;	Laboratorio Dirigido 1
4	2 (27.08.18 al 01.09.18)	Conceptos introductorios	5. Recursos de Software, introducción a BLAST, CLUSTAL; 6. Cadenas, Grafos y algoritmos	Laboratorio Dirigido 2
	3 (03.09.18 al 07.09.18)	Alineamiento de secuencias	Introducción al alieneamiento de secuencias; 2 comparación de pares de secuencias; 3. Alineamiento de secuencias Global; 4. Alineamiento de secuencias múltiples.	Laboratorio Dirigido 3
-	5 (10.09.18 al 14.09.18)	Alineamiento de secuencias	Cadenas Ocultas de Markov; 6. Metodos exactos, aproximados y heuristicos del alineamiento de secuencias, 7. Problemas derivados del alineamiento de secuencias.	Practica calificada 1; Laboratorio Calificado 1
	6 (17.09.18 al 21.09.18)	Clustering	El Problema del Clustering; 2. Clustering Jerárquico. 3. Algoritmo Neighbour Joining; y. Algoritmo Average Linkage. 4. Clustering no jerarquico o K-means. 5. EST clustering	Laboratorio Dirigido 4
	7 (24.09.18 al 28.09.18)	Arboles Filogenéticos	Introducción a la Filogenia.; 2. Algoritmos Comunes; 3. Aplicaciones Biológicas.	Lanoratorio Dirigido 5
-	3 (01.10.18 al 05.10.18) 9 (08.10.18 al 12.10.18)	_	Algoritmos Exactos; 5 Algoritmos Probabilisticos Examen Parcial	Practica calificada 2; Laboratorio Calificado 2 Examen parcial



2. Organización del curso

J	9 (08.10.18 al	12.1	0.18	Examen Parcial	Examen Parcial	Examen parcial
	10 11	(15.10.18 al				1.El Problema de Double Digest y Partial Digest. EXPOCIENCIA	Laboratorio Dirigido 6
					Mapeo de	2; Tecnicas utilizadas en el mapeo de secuencias. 3; Mapeo con non – Unique Probes ; 4. Mapeo con Unique Probes;	Practica calificada 3;
1	12	(29.10.18 al	02.	.11.1	Secuencias	Probes ; 4. Mápeo con Unique Probes;	Laboratorio Dirigido 7
	13	(05.11.18 al	09.	11.1	Mapeo de Secuencias	4; Mapeo con Unique Probes 5. Grafos de Intervalos;	Laboratorio Dirigido 8
STATE OF	14	(12.11.18 al	16.	.11.1	Mapeo de Secuencias	6.Mapeo con señales de frecuencias de restricción.	Laboratorio Calificado 3
WILLIAM IN	15	(19.11.18 al	23.	.11.1	Introduccion a la estructura de proteinas	Fundamentos Biológicos de las Proteinas; 2. Motivacion para la predicción de estructuras de las proteinas	Laboratorio Dirigido 9
	16	(26.11.18 al	30.	.11.1	Introduccion a la estructura de proteinas	Alieneamiento rígido de Proteinas. 4; Tecnica de alineamiento por Hashing geométrico	Practica calificada 4
	17	(03.12.18 al	07.	12.1	Introduccion a la estructura de proteinas	Prediccion de las estructuras de las proteinas	Laboratorio Calificado 4
	18	(10.12.18 al	14.	12.1	Examen Final	Examen Final	Examen Final
	19	(17.12.18 al	21.	12.1	Examen Sustitutorio	Examen sustitutorio	Examen sustitutorio

BIBLIOGRAFIA

- Clote, P. and Backofen, R. Computational Molecular Biology, An Introduction. Wiley, 2000.
- 2. Jones, N. A. and Pevzner, P. A. An Introduction to Bioinformatics Algorithms. The MIT Press. 2004.
- Mount, D. W. Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001

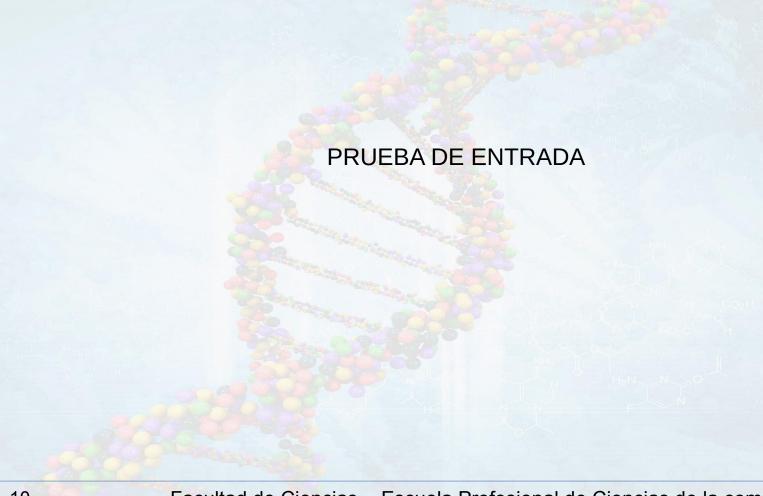


2. Organización del curso

Bibliografía de Consulta

- 1) Clote, P. and Backofen, R. Computational Molecular Biology, An Introduction. Wiley, 2000.
- 2) Jones, N. A. and Pevzner, P. A. An Introduction to Bioinformatics Algorithms. The MIT Press. 2004.
- 3) Mount, D. W. Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001
- 4) Materiales del Curso en http://www.mega.nz





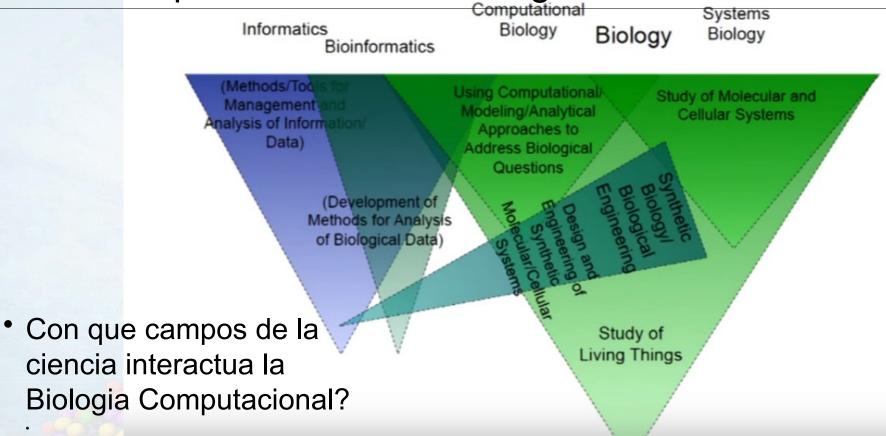


- 1)Que es la Bio Informática? El uso de técnicas computacionales, matemáticas y estadísticas para el análisis, interpretación y generación de datos biológicos. Según el National Institute of Health (NIH) es: "La investigación desarrollo o aplicación de herramientas computacionales para expandir el uso de datos biológicos, médicos, o de comportamiento, incluyendo las herramientas para adquirir, guardar, organizar, analizar o visualizar dicha información "
- 2) Algunos datos Históricos:
 - 1958 Primera secuencia de Proteina
 - 1975 Primera Secuencia de ADN
 - 1986 Desarrollo de PCR (Polymerase Chain Reaction) Generar copias de fragmentos de ADN
 - Inicio de la era genómica.

- 1)Por que usar Biología computacional?
- 2)Por que ha llegado a ser tan importante en estos ultimos años?

.







- 1)Con que campos de la ciencia interactua la Biologia Computacional?
 - Genomica Ciencia que estudia el Genoma (Todos los Genes de un organismo)
 - Transcriptómica El estudio de los elementos involucrados en el proceso de transcripción de información del Genoma para la generación de proteinas
 - Proteómica Estudio de las Proteínas de los organismos
 - Metabolismo Procesos Fisicos y quimicos
 - Análisis Filogenéticos Clasificacón de las especies según su información genética.



Algunas aplicaciones de la Proteómica y Genomica



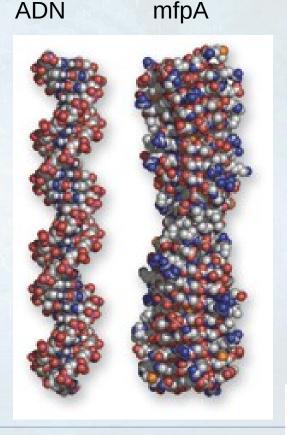
Algunas aplicaciones de la Proteómica y Genomica

- · Entendimiento de los procesos biológicos básicos
- Diagnóstico y tratamiento de enfermedades
- Diseño de medicamentos
- · Protección de la vida de plantas y animales
- Entender los princijos de la resistencia de las bacterias
- · Resolver problemas del medio ambiente
- Desarrollar nuevas fuentes de energía
- Mejorar procesos industriales
- Estudiar los cambios evolutivos en los organismos



Entender la resistencia de las Bacterias a los Antibióticos

- El antibiótico Fluoroquinolone mata la bacteria de la tuberculosis al adherirse a una proteina vital (complejo DNA-DNA gyrasa).
- La bacteria resistente codifica una nueva proteina mfpA parecida al ADN
- mfpA compite con el ADN para adherirse al antibiótico Fluoroquinolone, haciendola resistente a ese antibiotico.



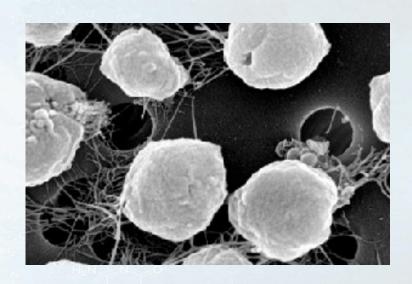


Archea que produce metano

Methanocaldococcus jannaschii, produce metano, una importante fuente de energía.

Codifica enzimas que soportan altas temperaturas y presiones.
Puede utilizarse en procesos

Methanocaldococcus jannaschii



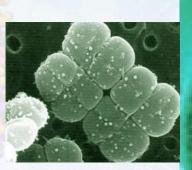


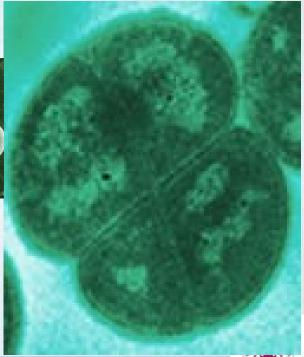
industriales

Deinococcus radiodurans

Sobrevive extremadamente altos niveles de radiación

 Es una bacteria que puede resistir dosis de irradiacion hasta de 1500 Kilorads (niveles cientos de veces más altos de lo que soportan otros organismos) Con potencial para limpiar desechos radioactivos.





1) Que es la Biología Molecular?

- Disciplina Cientifica que tiene como objetivo el estudio de los procesos que se desarrollan en los seres vivos desde el punto de vista molecular.
- Dentro del Proyecto Genoma Humano se definió como "El estudio de la estructura, función y composición de las moléculas biológicamente importantes."

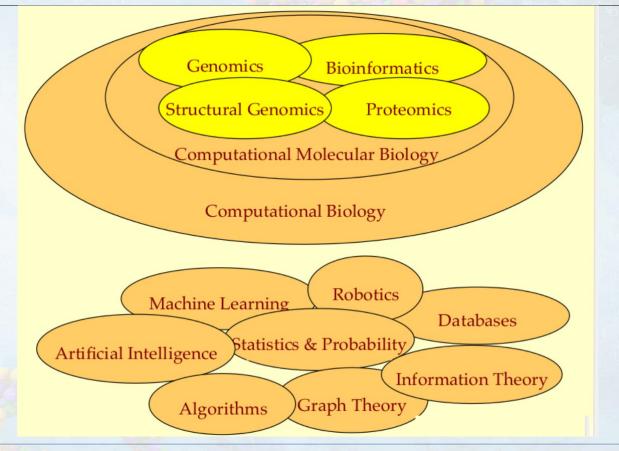


- 1) Los Sistemas Biológicos son digitales por naturaleza: Las primeras formas de vida basadas en ADN ya estaban guardando, procesando, copiando información digital codificada en 4 letras A,C,G, y T. Esta información genética - digital puede persistir atraves de miles de años
- 2)Las ciencias que se benefician del procesamiento de datos, como la Biología computacional, y que demuestran las bondades del procesamiento de grandes cantidades de datos, impulsan el desarrollo y la inversion en nuevas tecnologías para obtener, procesar y analizar cada vez mas data.



- 3) Grandes avances en el poder de cómputo en ultimos años
- 4)Consideraciónes de tiempo de ejecución y requerimientos de memoria
- 5) Algoritmos de Machine learning para reconocer patrones complejos.
- 6) Visualizacion de información Biológica
- 7) Simulacion y modelamiento de información biológica
- 8)Experimentacion etica en silicio en vez de en organismos vivos







Objetivos de la biología computacional

Aprender y Generalizar: Descubrir estructuras conservadas, modelos de secuencias, estructuras, interacciones, metabolismos y quimica a paertir del estudio de muestras

- Prediccion: Inferir la función o estructura de nuevos genes secuenciados, de genomas, proteinas o proteomas a partir de estas generalizaciones
- Organizar e integrar: Desarrollar metodos sistemáticos para estudiar interacciones moleculares, el metabolismo, expresion de genes, señales celulares...
- Simulacion: Modelar la expresion de genes, la regulación de genes, el configuracion de las proteinas, la interacción entre proteinas, metabolismos...

 • Ingeniería : Construir: Nuevos organismos, funciones , regulacion de genes y
- proteinas
- Terapia Genetica: Estudiar Genes especificos o mutaciones para el tratamiento de enfermedades.



El Genoma Humano es secuenciado - Junio 2003.

Celera





President Clinton and geneticists J. Craig Venter (left) and Francis Collins (right) celebrate.

Craigh Vender; Francis Collins

Proyecto Genoma Humano



El Genoma Humano es secuenciado - Junio 2003.

- 23 pares de Cromosomas
 3.2 Billones de bases (Base Pairs bp)
 - Cerca de 30,000 Genes
 - Solo el 2 % del genoma humano "codifica"

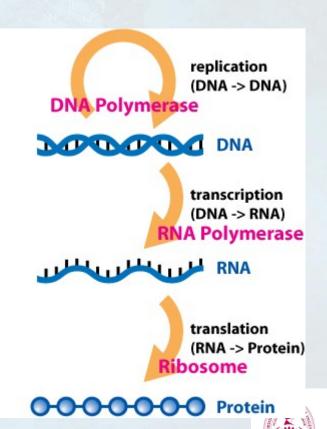
 - El tamaño promedio de un Gene es 4000 bp
 El Gene que codifica la Distrofina es uno de los mas largos 2.4 Mbp.
 - El 99.9 % del Genoma de 2 personas es identico.

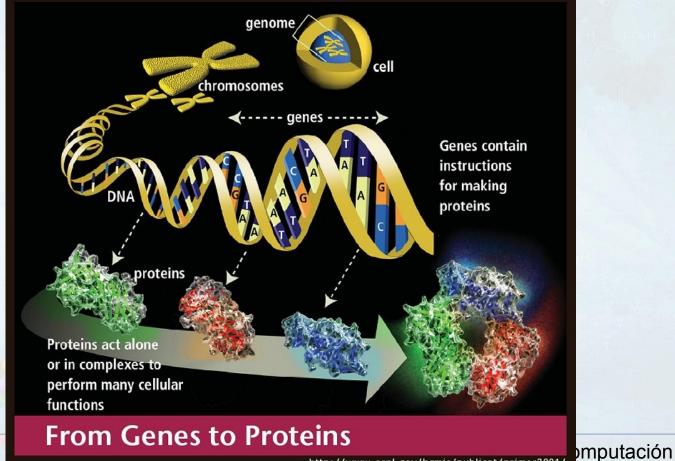


El Dogma Central de la Biología Molecular

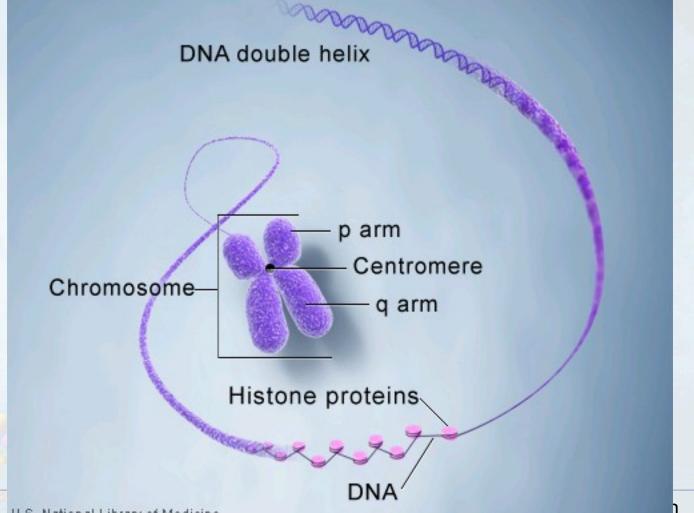
ADN ___ ARN ___ Proteina

Muestra cómo la información genética es grabada e interpretada en la celula: El Código genético de un organismo se graba en el ADN, el cual se transcribe en el ARN, el cual finalmente se traduce en una proteina. Las proteinas llevan a cabo la mayoria de las funciones de la celula, tales como la habilidad de moverse (Motilidad), la regulación y la replicación. Algunos Virus y Retrovirus son excepciones a este Dogma

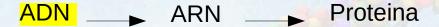






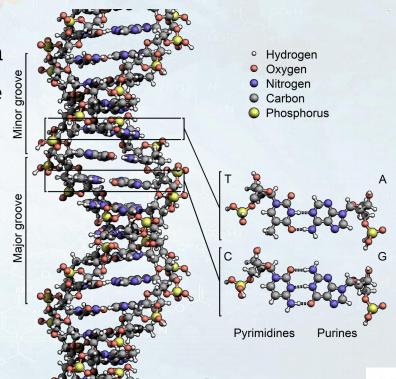


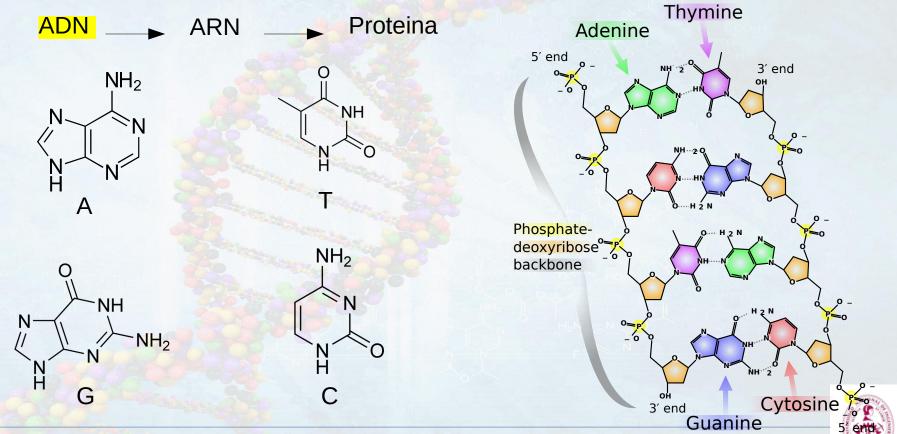


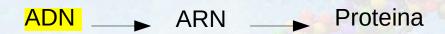


ADN – Acido Desoxirribonucleico. Macro molecula que contiene la información genética de un organismo. Contiene regiones llamadas genes que codifican las proteinas a producirse. Existen otras regiones regulatorias que influencian el nivel de expresion de los genes.

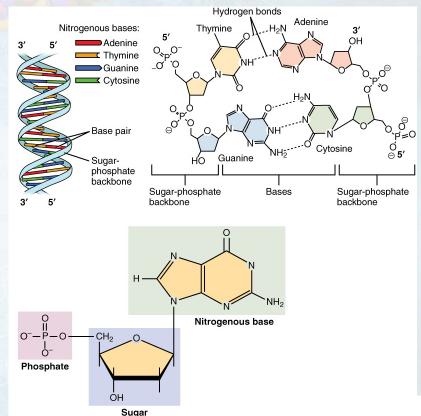
Estructura: El ADN está compuesto de 4 Nucleótidos: A(Adenina), C(Citosina), T(Timina) y G(Guanina). A y G son Purinas (Dos anillos) mientras C y T son Pirimidinas (Un anillo). A y T se conectan por 2 enlaces de hidrógeno, mientras que C y G con tres enlaces ,por lo que estos enlaces son más fuertes. -Las bacterias que viven en aguas termales tienen el 80% de G-C





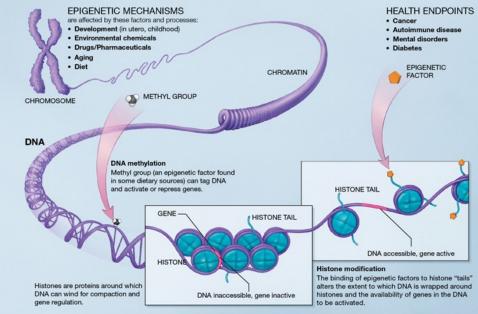


complementarios, es decir los enlaces A-T y T-A; G-C y C-G siempre ocurren en ese orden y entre esos pares de bases Los Hilos del ADN tambien tienen direccionalidad que se refiere a las posiciones en el anillo de la pentosa, donde se conecta la columna de fosfatos. Generalmente las enzymas ADN y ARN polimerasa se sintetizan en la dirección 5' a 3' y por convención se escriben de 5' a 3'



ADN ARN Proteina

En los niveles de Estructura del ADN, aparte de la asociacion por pares de bases, (Niveles 1 y 2) Estan la torcion de ADN que forma la escalera en forma helicoidal (Nivel 3), y la forma como el ADN se compacta al rededor de pequeñas proteinas llamadas Histones Estas estructuras de ADN-Histones se compactan aun mas en una estructura de cromatina. La expresion de los Genes (o su activación) se puede regular modificando esta cromatina

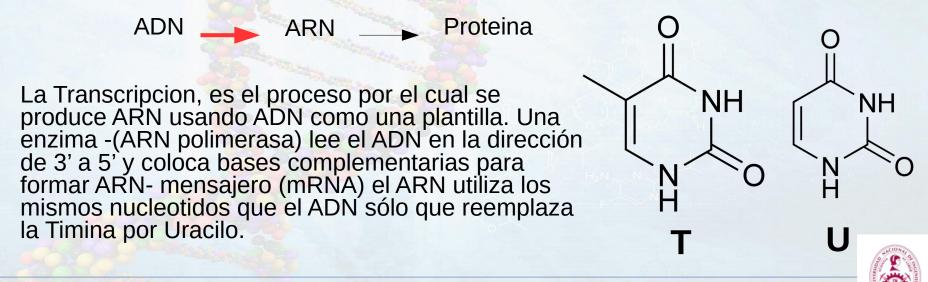




La Estructura del ADN con sus enlaces débiles de hidrógeno permite que los hilos puedan ser facilmente separados para la Replicación de ADN, lo que también permite la transcripción (a ARN), la traducción (A proteina), la recombinacion de fragmentos y la reparación de ADN, entre otros procesos.

En la replicación la copia de ADN resultante cuenta con un Hilo de origen y un Hilo

con bases complementarias nuevas



ADN ___ ARN __ Proteina

El ARN se produce cuando se transcribe el ADN, es estructuralmente similar al ADN, con las siguientes diferencias:

- 1. El nucleotido Uracilo se utiliza en lugar de Timina
- 2. ARN contiene Ribosa en lugar de Desoxiribosa. A Desoxiribosa le falta una molecula de oxig<mark>eno en la posición 2' enco</mark>ntrada en la Ribosa. 3. El ARN solo tiene un Hilo mientras ADN tiene 2.

Las moleculas de ARN son un paso intermedio para codificar una proteina.



ADN ___ ARN __ Proteina

Existen varios tipos de ARN

1. ARN – Mensajero (mRNA) Contiene información para hacer proteinas y es traducido en una secuencia de proteina.

2. ARN de Transferencia (tRNA) Especifica la traduccion de codon a aminoacido. Contiene tres bases complementarias (anti-Codón) al codón del mRNA, y carga el aminoacido correspondiente a su anti-codón adherido a su extremo 3'

3. ARN - Ribosomal (rRNA) forma el corazon del ribosoma - que es el organelo

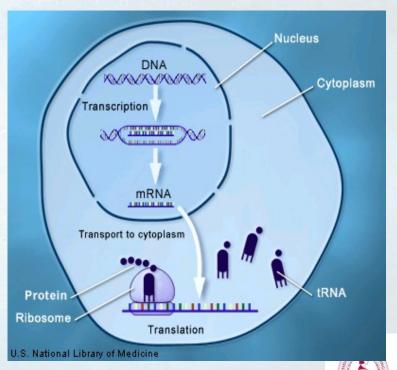
responsible de la traducción de mRNA a Proteina.

- 4.snRNA "Small Nuclear RNA" se encarga de remover introns, es decir segmentos que no codifican fragmentos de proteinas, de las secuencias del mRNA.
- 5. Existen otras clases de RNA que aún se están estudiando.



ADN ___ ARN ___ Proteina

Traduccion. La estructura primaria de una proteina esta dada por la secuencia de aminoacidos que laconforman. Ya que existen 20 aminoacidos posibles, estos son codificados utilizando los 4 nucleotidos que se utilizan en el mARN, de hecho se codifican mediante una secuencia de 3 nucleotidos en mRNA denominados codones. Un determinado codon especifica un aminoacido, o constituye un codon de stop, el cual finaliza la traducción de la proteina. Ya que existen 64 secuencias de codones y solo 20 aminoacidos – se dice que el código es degenerado, es decir algunos aminoacidos se especifican por multiples codones.



ADN ___ ARN ___ Proteina

Codificación de aminoacidos mediante codones en el mRNA

SECOND POSITION

	U	С	A	G	
U	phenyl- alanine	serine	tyrosine	cysteine	U C
	leucine		stop	stop	Α
			stop	tryptophan	G
С	leucine	proline	histidine	arginine	U
					C
			glutamine		Α
					G
A	isoleucine	threonine	asparagine	serine	U C
			lysine	arginine	A
	* methionine				G
G	valine	alanine	aspartic acid	glycine	U
					C
			glutamic		Α
			acid		G

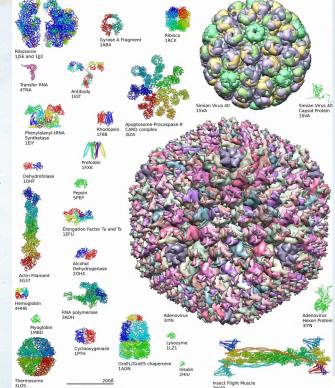
* and start



THIRD POSITION

ADN ____ ARN ____ Proteina

Proteina. Es la molécula responsable de la mayoría de las funciones y tareas de la celula. Puede tener diversas funciones: enzimaticas, transporte, sistema inmunológico. Las proteinas estan constituidas por cadenas de aminoacidos. Cada Aminoacido tiene propiedades especiales de tamaño, carga, forma, y acidez. Ademas de la secuencia de aminoacidos, la interacción entre ellos determina la forma tridimensional de la proteina y por consiguiente su función. La tarea de determinar la forma de una proteina a partir de su secuencia, es un problema aun no resuelto en Biologia Computacional

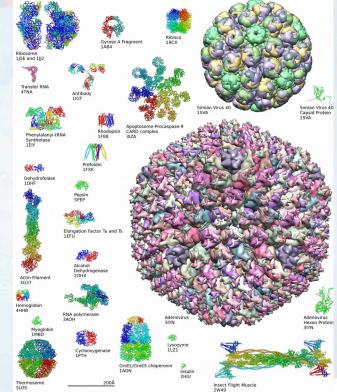




ADN ___ ARN ___ Proteina

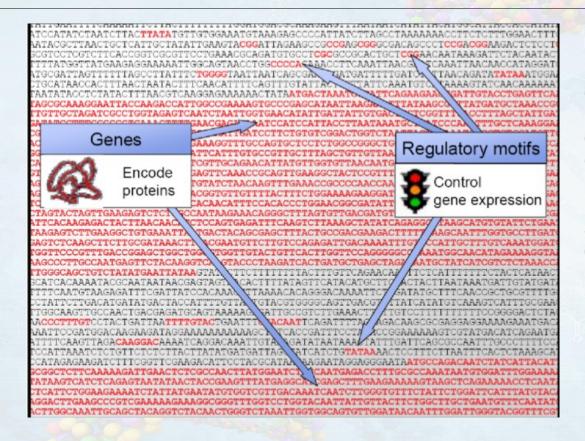
Ejemplos de Proteinas:

La Hemoglobina Lleva el oxígeno a todas partes del cuerpo
Canales Ionicos – Proteinas que controlan el flujo de señales en el cerebro permitiendo el flujo de moléculas en las neuronas
Enzimas en la saliva, el estómago y el intestino delgado ayudan a la digestion de los alimentos Proteinas en los Musculos Actina y miocina permiten el movimiento muscular
Anticuerpos Son proteinas que ayudan a defender el cuerpo contra virus y bacterias.





4. Problemas Clásicos de Bioinformática



Partiendo del Genoma de la Levadura: conociendo un conjunto de bases dado, 1. cómo podemos identificar donde estan los genes que codifican proteinas? 2.Donde estan las regiones regulatorias de los genes? 3.Cual es la funcion de cada gen?



4. Problemas Clásicos de BioInformática

- 1)Secuenciamiento de Proteinas
- 2) Secuenciamiento de ADN
- 3)Organizar la Informacion en bases de datos que los investigadores puedan acceder y actualizar
- 4)Programas y algoritmos para el análisis de secuencias
- 5) Alineamiento de secuencias
- 6)Encontrar alineamientos locales en sequencias
- 7) Descubrir alieneamientos en multiples secuencias
- 8) Descubrir relaciones evolutivas utilizando secuencias
- 9) Interpretar la informacion de manera biológicamente útil
- 10) Predecir la secuencia de proteinas a partir de la traduccion de secuencias de ADN.



5. Que es lo que sigue?

 Determinar la función de los genes y los elementos que regulan los genes a lo largo del genoma

• Encontrar variaciones en la secuencia de ADN entre las personas y determinar su significado. Estas pequeñas diferencias pueden ayudar a predecir el riesgo de una persona en particular a padecer ciertas enfermedades y su respuesta a ciertos medicamentos.

• Descubrir las estructuras tridimensionales de las proteínas e identificar sus funciones.

• Explore cómo el ADN y las proteínas interactúan entre sí y con el ambiente para crear sistemas vivos complejos.

• Desarrollar y aplicar estrategias basadas en el genoma para la detección temprana, diagnóstico y tratamiento de la enfermedad.

 Secuencia los genomas de otros organismos, para comparar genes similares entre especies.

Desarrollar nuevas tecnologías para estudiar genes y ADN a gran escalay almacenar datos genómicos de manera eficiente.
 Continuar explorando los problemas éticos, legales y sociales planteados por investigación genómica.



5. Que es lo que sigue?

Proyecto HAPMAP: (Haplotype Map) El proyecto de mapeo de variaciones Genéticas. Describe las variaciones genéticas, dónde están localizadas en el Genoma y que tan comunes son en diferentes poblaciones atraves del mundo

- Descubrimiento de genes relacionados a enfermedades,
- Terapias Genéticas

Pharmacogenomics: Farmacología y Genomica.

- Descubrimiento de medicamentos efectivos basados en el profile genetico
- Reducción de reacciones adversas

ENCODE: Enciclopedia de elementos funcionales

• El Estudio de la expresion de los genes.



6. Recursos en linea

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ (Nacional Center for Biotechnology Information – NCBI)
http://www.ebi.ac.uk/ (European Bioinformatics Institute- EBI- EMBL)
http://www.ddbj.nig.ac.jp/ (DNA Databank of Japan- DDBJ)
http://www-nbrf.georgetown.edu (Protein Information Resource- PIR)
http://www.uniprot.org/ (uniprot) resource of protein sequence and functional information

http://ndbserver.rutgers.edu/ (Nucleic Acid Database - NDB)

http://www.rcsb.org/(Protein Data Bank- PDB)



Biotechnology Information

All Databases ▼

Search

NCBI Home

Resource List (A-Z)

All Resources Chemicals & Bioassays

DNA & RNA

Data & Software

Domains & Structures

Genes & Expression Genetics & Medicine

Genomes & Maps

Homology Literature

Proteins

46

Sequence Analysis

Taxonomy Training & Tutorials

Variation

Welcome to NCBI

The National Center for Biotechnology Information advances science and health by providing access to biomedical and genomic information.

About the NCBI | Mission | Organization | NCBI News & Blog

Submit

Deposit data or manuscripts into NCBI databases



Develop

Use NCBI APIs and code

libraries to build applications

Download

Transfer NCBI data to your computer



Learn

Find help documents, attend a class or watch a tutorial



Analyze

Identify an NCBI tool for your data analysis task



Research

Explore NCBI research and collaborative projects



Popular Resources

PubMed Bookshelf

PubMed Central

PubMed Health

BLAST Nucleotide

Genome

SNP

Gene

Protein

PubChem

NCBI News & Blog

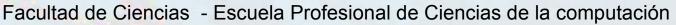
Yellow fever mosquito, 6 other organisms in July RefSeg genome annotations 17 Aug 2017

In July, the NCBI Eukaryotic Genome

Annotation Pineline released new

August 30 NCBI Minute: NCBI Hackathons, a framework for rapid prototyping of pipelines for bioinformatics, biomedical informatics and genomics







Explore EMBL-EBI and our mission

The European Bioinformatics Institute (EMBL-EBI) shares data from life science experiments, performs basic research in computational biology and offers an extensive user training programme, supporting researchers in academia and industry. We are part of EMBL, Europe's flagship laboratory for the life sciences.

More about EMBL-EBI and our impact >











We provide freely available

We contribute to the

We provide advanced

We help disseminate cutting-

We support, as an ELIXIR



Help Contact

BLAST Align Retrieve/ID mapping

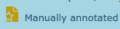
Peptide search

The mission of UniProt is to provide the scientific community with a comprehensive, high-quality and freely accessible resource of protein sequence and functional information.

UniProtKB

UniProt Knowledgebase

Swiss-Prot (555.100)



and reviewed.

TrEMBL (88,032,926)

Automatically annotated and not reviewed.



Literature citations

Cross-ref. databases

))) K



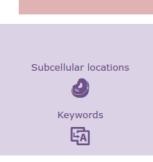
Supporting data

Taxonomy

4

Diseases

XXX



Proteomes

***** 1









A pseudogene turns into an active DNA methyltransferase dedicated to male fertility

UniProt release 2017 06

Eukaryotic sex: good ideas shared with viruses | Change of cross-references to PATRIC | New file listing deleted and subsequently reinst...

UniProt release 2017 05

A certain taste for light | Extension of controlled vocabulary for PTM to glycosylation sites | Addition of GO annotation to UniRef90 an...



Getting started

Q Text search

Our basic text search allows you to search all the resources available

UniProt data

♣ Download latest release

Get the UniProt data

Protein spotlight



Becoming One July 2017

There are different ways of producing

An Information Portal to 132905 Biological Macromolecular Structures

Search by PDB ID, author, macromolecule, sequence, or ligands

Advanced Search | Browse by Annotations

Go













Welcome



Q Search

Visualize

Analyze

♣ Download

Learn

A Structural View of Biology

This resource is powered by the Protein Data Bank archive-information about the 3D shapes of proteins, nucleic acids, and complex assemblies that helps students and researchers understand all aspects of biomedicine and agriculture, from protein synthesis to health and disease.

As a member of the wwPDB, the RCSB PDB curates and annotates PDB data.

The RCSB PDB builds upon the data by creating tools and resources for research and education in molecular biology, structural biology, computational biology, and beyond.

Video: How Enzymes Work



August Molecule of the Month Glutathione Transferases

6. Recursos en Linea - NCBI

Find bioassays in which a given drug is active Find bioassays that test a particular disease or protein target Save text searches and set up automated searches with E-mailed results Submit data to NCBI Submit sequence data to NCBI Retrieve all sequences for an organism or taxon Find the function of a gene or gene product Find expression patterns Find genes associated with a phenotype or disease Obtain genomic sequence for/near a gene, marker, transcript or protein View all SNPs associated with a gene Find human variations associated with a phenotype or disease Display genomic annotation graphically Compare protein homologs between two microbial genomes Find sequenced genomes, including those in progress, for a taxonomic group Download the complete genome for an organism

