

Методы

поиска информации

в Молекулярной Биологии

Докладчик: vantip



Кто я такой?

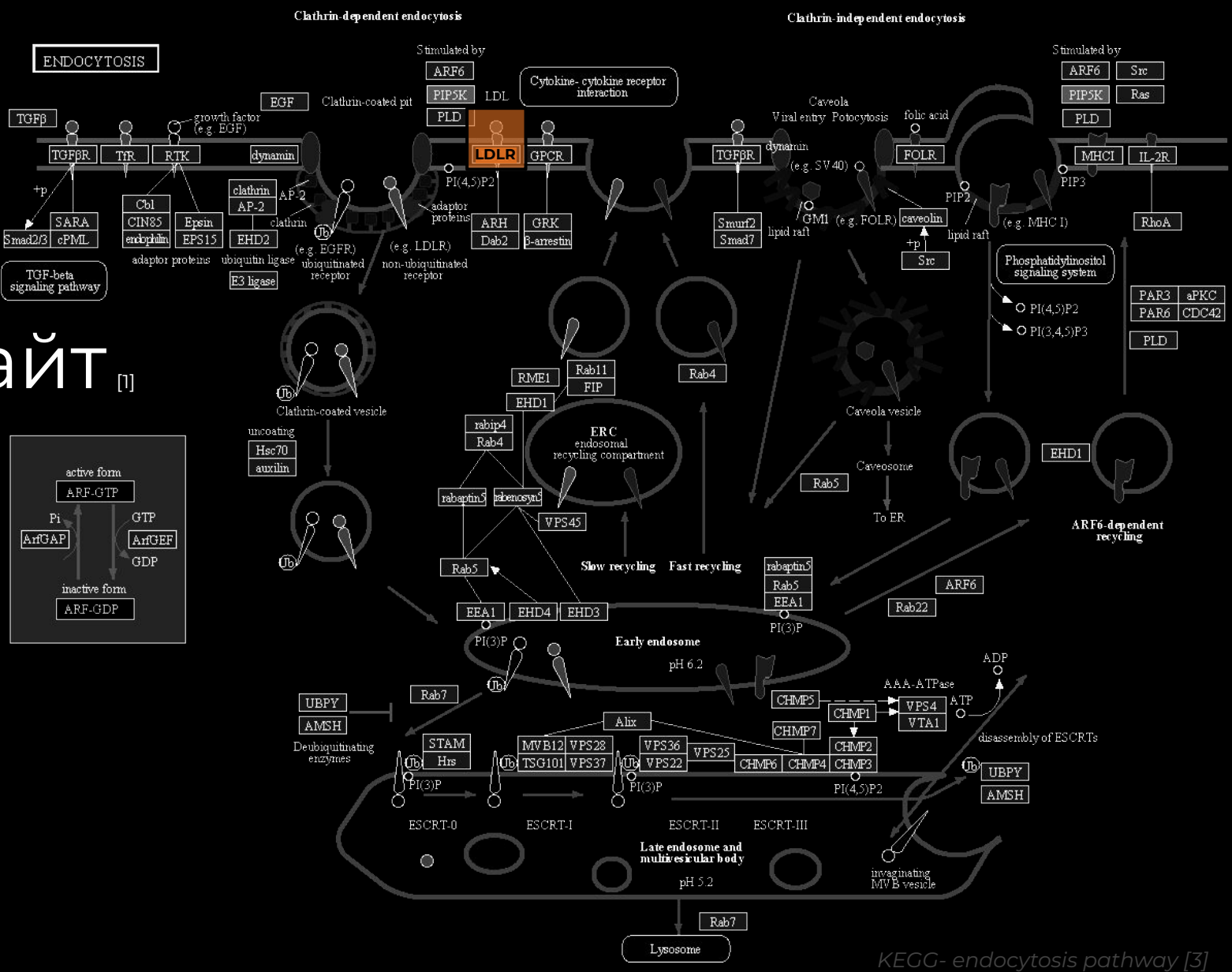
OSINT mindset conference #2
Методы поиска информации в
Молекулярной Биологии
vantip



Молекулярный биолог



- Петабайт - 2⁵⁰ байт [1]
- He .csv
- 60% [2]



Кейс: количество
рецептора LDL в
клеточной линии
MDA-MB-231

<https://doi.org/10.12716/jneuro.20181183243-47>

Роль микроРНК в патогенезе ишемического инсульта

А.Б. НОВИКОВА*, Г.М. МИНИБАЕВА

ФГБОУ ВО «Башкирский государственный медицинский университет» Минздрава России, Уфа, Россия

Ишемический инсульт (ИИ) — одна из основных причин смертности и инвалидизации во всем мире. Среди всех ИИ кардиоэмболические инсульты (КЭИ) составляют до 40%. На основании анализа литературы изложены современные представления о роли и месте кардиоэмболической патологии в патогенезе КЭИ. Ведущей причиной КЭИ считается нормальная мерцательная аритмия. Многочисленные попытки изучить и доказать генетическую природу развития ИИ привели к открытию новых маркеров — микроРНК. МикроРНК — регуляторы экспрессии генов, которые регулируют транскрипцию матричных РНК и играют ключевую роль в патогенезе ИИ. В обзоре обобщены сведения о микроРНК, их способности одновременно регулировать несколько генов-мишеней, а также их значимость в качестве потенциальных диагностических и прогностических биомаркеров ИИ.

Ключевые слова: ишемический инсульт, кардиоэмболический инсульт, микроРНК, биомаркеры.

A role of microRNA in the pathogenesis of ischemic stroke

L.B. NOVIKOVA, G.M. MINIBAEVA

Bashkir State Medical University, Ufa, Russia

Ischemic stroke (IS) is one of the leading causes of death and disability worldwide. Among all the causes of IS, cardioembolic stroke (CEI) accounts for up to 40%. Based on the literature data, modern ideas about the role and location of cardiac diseases in the pathogenesis of CEI are presented. The leading cause of CEI is non-rheumatic atrial fibrillation. Numerous attempts to study and prove the genetic nature of the development of IS led to the discovery of new markers — microRNAs, the regulators of gene expression, that inhibit mRNA translation and play a key role in the pathogenesis of IS. This review summarizes the current knowledge of microRNAs, their ability to simultaneously regulate several target genes, and their significance as potential diagnostic and prognostic biomarkers in IS.

Keywords: ischemic stroke, cardioembolic stroke, microRNA, biomarkers.

Одной из наиболее важных медико-социальных проблем являются сосудистые заболевания головного мозга, значимость которых определяется высокой долей в структуре заболеваемости и смертности населения, а также значительными показателями трудовых потерь и инвалидизации при инсульте [1]. Ежегодная смертность от инсульта в России — одна из наиболее высоких в мире (175 случаев на 100 тыс. населения в год). Инсульт является ведущей причиной инвалидизации населения. Больные, перенесшие инсульт, накладывают особые обязательства на членов семьи, значительно снижая их трудовую потенциал. Затраты на лечение и реабилитацию больных после перенесенного инсульта являются тяжелым социально-экономическим бременем для общества в целом [2]. Все это обуславливает интерес к проблеме инсульта, поиску путей профилактики и эффективного лечения [3].

В нашей стране среди болезней системы кровообращения первое место занимает артериальная гипертензия: 7801,4 случая на 100 тыс. взрослого на-

селения [4–6]. Снижение повышенного АД уменьшает абсолютный риск развития инсульта на 1,04% за 5 лет, а относительный — на 38,0% [7, 8]. В разработке концепции гетерогенности ишемического инсульта (ИИ) значительное место занимает исследование кардиоэмболических, которые составляют 22–40% всех ИИ [9–11].

У 75% больных с ИИ наблюдается разная кардиальная патология, включая хроническую сердечную недостаточность, ИБС, аритмии, пороки сердца, кардиомиопатии, врожденные аномалии сосудов, опухоли [12]. Кардиоэмболический инсульт (КЭИ) ассоциирован с тяжелыми нарушениями двигательных, речевых, координаторных функций, высоким риском рецидива, существенным снижением качества жизни пациентов [10, 13]. В связи с этим актуальным является своевременное распознавание КЭИ и определение оптимальной стратегии его вторичной профилактики.

На сегодняшний день описано более 20 причин развития кардиоэмболического, наиболее значимой среди

Alternating verbs	Non-alternating verbs
write 0.61	hang 0.56
sing 0.67	wear 0.71
drink 0.67	say 0.75
eat 0.74	catch 0.76
play 0.74	show 0.77
pour 0.76	make 0.78
watch 0.77	let 0.78
pack 0.78	open 0.81
steal 0.80	take 0.83
push 0.80	see 0.87
pull 0.80	like 0.87
put 0.80	get 0.87
explain 0.81	find 0.87
read 0.82	give 0.88
hear 0.87	bring 0.89
	want 0.89
	put 0.90
Mean 0.76	Mean 0.81

Figure 6: Similarity with the base profile for Alternating and Non-alternating verbs.

than verbs with stronger preferences. We use the cosine measure to estimate the similarity between two profiles p and q :

$$\text{cosine}(p, q) = \frac{p \cdot q}{|p| \cdot |q|} \quad (9)$$

The similarity values for the Alternating and Non-alternating verbs are shown in Figure 6. The larger values represent more similarity with the base profile, which means a weaker selectional preference. The means for the Alternating and Non-alternating verbs were respectively 0.76 and 0.81, which confirm the hypothesis that verbs participating in implicit object alternations select more strongly for the direct objects than verbs that do not. However, like Resnik (1996), we find that it is not possible to set a threshold that will distinguish the two sets of verbs.

5 Conclusions

We have proposed a cognitively plausible model for learning selectional preferences from instances of verb usage. The model represents verb selectional preferences as a semantic profile, which is a probability distribution over the semantic properties that an argument can take. One of the strengths of our model is the incremental nature of its learning mechanism, in contrast to other approaches which learn selectional preferences in batch mode. Here we have only reported the results for the final stage of learning, but the model allows us to monitor the semantic

profiles during the course of learning, and compare it with child data for different age groups, as we do with semantic roles (Alishahi and Stevenson, 2007). We have shown that the model can predict appropriate semantic profiles for a variety of verbs, and use these profiles to simulate human judgments of verb-argument plausibility, using a small and highly noisy set of training data. The model can also use the profiles to measure verb-argument compatibility, which was used in analyzing the implicit object alternation.

References

- Alm, S. and Light, M. (1999). *Hiding a semantic hierarchy in a Markov model*. In *Proc. of the ACL Workshop on Unsupervised Learning in Natural Language Processing*.
- Alishahi, A. and Stevenson, S. (2005). *A probabilistic model of early argument structure acquisition*. In *Proc. of the CogSci 2005*.
- Alishahi, A. and Stevenson, S. (2007). *A computational usage-based model for learning general properties of semantic roles*. In *Proc. of the EmpCogSci 2007*.
- Anderson, J. R. (1994). *The adaptive nature of human categorization*. *Psychological Review*, 98(3): 369–429.
- Brookmann, C. and Lapata, M. (2003). *Evaluating and combining approaches to selectional preference acquisition*. In *Proc. of the EACL 2003*.
- Ciaramita, M. and Johnson, M. (2000). *Explaining away ambiguity: Learning verb selectional preference with Bayesian networks*. In *Proc. of the COLING 2000*.
- Clark, S. and Weir, D. (2002). *Class-based probability estimation using a semantic hierarchy*. *Computational Linguistics*, 28(2): 187–206.
- Collins, M. (1999). *Head-Driven Statistical Models for Natural Language Parsing*. PhD thesis, University of Pennsylvania.
- Holmes, V. M., Stone, L., and Cappellet, L. (1989). *Lexical expectations in parsing complement-verb sentences*. *Journal of Memory and Language*, 28: 668–689.
- Levin, B. (1993). *English verb classes and alternations: A preliminary investigation*. The University of Chicago Press.
- Li, H. and Abe, N. (1998). *Generalizing case frames using a Bayesian and the MLE principle*. *Computational Linguistics*, 24(2): 217–244.
- Light, M. and Greiff, W. (2002). *Statistical models for the induction and use of selectional preferences*. *Cognitive Science*, 26(3): 269–281.
- MacWhinney, B. (1995). *The CHILDES project: Tools for analyzing talk*. Lawrence Erlbaum.
- Miller, G. (1990). *WordNet: An on-line lexical database*. *International Journal of Lexicography*, 1(3).
- Nation, K., Marshall, C. M., and Altmann, G. T. M. (2003). *Investigating individual differences in children's real-time sentence comprehension using language-mediated eye movements*. *J. of Experimental Child Psychol.*, 86: 314–329.
- Resnik, P. (1996). *Selectional constraints: An information-theoretic model and its computational realization*. *Cognition*, 61: 127–199.

Единица информации -
результат эксперимента

Форма информации -
опубликованное исследование

Типы информации



Открытая:

- Статьи
- Базы данных
- Тезисы

Закрытая:

- Платные статьи
- Коммерческие базы данных
- Коммерческая тайна*

Инструменты поиска



1 Эксперимент

2 Поисковые системы
(Google Scholar, PubMed)

3 Базы данных

4 Мета-анализ

Поисковые системы





Поисковые системы

Google Scholar - междисциплинарный поиск

Источник: статьи, книги, патенты, диссертации

Поиск: совпадение в тексте статьи

PubMed - область биология и медицина

Источники: статьи

Поиск: MeSH (Medical Subject Headings)

Прочие фиши: API, PMCID, каталогизация

Поисковые системы

☰

Google Академия

MDA-MB-231 LDLR

🔍

📖

Статьи

Результатов:

примерно 3 560

 (0,09 сек.)

PubMed®

mda-mb-231 ldlr

×

Search

Advanced

Create alert

Create RSS

User Guide

Save

Email

Send to

Sort by:

Best match

Display options ⚙️

MY NCBI FILTERS 🗒

10 results

⏪ ⏩ Page 1 of 1 ⏪ ⏩

RESULTS BY YEAR

↕️ ⏴ ⏵

☐

1

Cite

Share

Migration of **MDA-MB-231** breast cancer cells depends on the availability of exogenous lipids and cholesterol esterification.

Antalis CJ, Uchida A, Buhman KK, Siddiqui RA.

Clin Exp Metastasis. 2011 Dec;28(8):733-41. doi: 10.1007/s10585-011-9405-9. Epub 2011 Jul 9.

PMID: 21744083

Addition of LDL to the LD medium reduced **LDLR** mRNA levels in MCF-10A cells only. We asked if ACAT1 activity was associated with the expression of the **LDLR** in **MDA-MB-231** cells. **LDLR** mRNA in **MDA-MB-231** cells was substan ...



Поисковые системы

Лipoppотеины низкой плотности

Материал из Википедии — свободной энциклопедии

[\[править \]](#) [\[править код \]](#)

Лipopпотеины низкой плотности (**ЛПНП**, ЛНП, англ. *Low density lipoprotein, LDL*) — класс **липопротеинов крови**, являющийся наиболее атерогенным. ЛПНП образуются из **липопротеинов очень низкой плотности** в процессе липолиза. Этот класс липопротеинов является одним из основных переносчиков **холестерина** в крови. Холестерин ЛПНП часто именуется «плохим холестерином» из-за его связи с риском **атеросклероза**.

Частица ЛПНП содержит в качестве **белковой** компоненты одну молекулу **аполипопротеина В-100** (апоВ-100), который стабилизирует структуру частицы и является **лигандом** для ЛПНП **рецептора** (ЛПНП-Р). Размеры ЛПНП варьируют от 18 до 26 нм^[1].

Содержание [\[скрыть\]](#)

- Образование и функция
- Роль в патологии
- Поглощение клетками
- Рекомендованные концентрации
- Способы нормализации уровня ЛПНП
 - Немедикаментозные методы снижения ЛПНП
 - Медикаментозные методы снижения ЛПНП
- См. также
- Примечания
- Ссылки

Образование и функция [\[править \]](#) [\[править код \]](#)

ЛПНП образуются из **ЛПОНП** в процессе гидролиза последних под действием сначала **липопротеинлипазы**, а затем **печёночной липазы**. При этом относительное содержание **триглицеридов** в частице заметно падает, а **холестерина** растёт. Таким образом, ЛПНП являются завершающим этапом обмена эндогенных **(синтезированных в печени) липидов** в организме. Они переносят в организме холестерин, а также **триглицериды**, **каротиноиды**, **витамин Е** и некоторые другие липофильные компоненты.

[4]



Поисковые системы

Google Академия

Статьи

За все время

С 2024

С 2023

С 2020

Выбрать даты

По релевантности

По дате

Любые статьи

Обзорные статьи

☐ включая патенты

☒ показывать цитаты

☒ Создать оповещение

hepatic cell line

human hepatic cell line **hepg2**

drug hepatotoxicity testing hepatic cell lines

highest potential hepatic cell lines

cell lines hepatic fibrosis

cell lines drug metabolism studies

comparison with established cell lines

cell line utility

hepatic cells leptin receptor action

cell

Comparison of in vitro assays of **cellular** toxicity in the human **hepatic cell line** HepG2

S Miret, EM De Groene, W Klaffke - SLAS Discovery, 2006 - Elsevier

... All assays were performed using a human **hepatic cell line** (**HepG2**) and compounds of previously reported apoptotic or necrotic activity. The following results have not been supported ...

☆ Сохранить Цитировать Цитируется: 163 Похожие статьи Все версии статьи (10)

Hepatic cell lines for drug hepatotoxicity testing: limitations and strategies to upgrade their metabolic competence by gene engineering

M Teresa Donato, R Jover... - Current drug ..., 2013 - ingentaconnect.com

... of **hepatic**-derived **cell lines** and recombinant **cell** models expressing drug biotransformation enzymes and their suitability for drug metabolism and hepatotoxicity studies. These **cellular** ...

☆ Сохранить Цитировать Цитируется: 110 Похожие статьи Все версии статьи (4)

Similarities and differences in the expression of drug-metabolizing enzymes between human **hepatic cell lines** and primary human hepatocytes

L Guo, S Dial, L Shi, W Branham, J Liu, JL Fang... - Drug metabolism and ..., 2011 - ASPET

..., hepatoma **cell lines**, and transfected nonhepatoma, **hepatic cell lines** have been ... **cell lines** (**HepG2**, Huh7, SK-Hep-1, and Hep3B), and one transfected human liver epithelial **cell line**. A ...

☆ Сохранить Цитировать Цитируется: 374 Похожие статьи Все версии статьи (15)

HepG2 LDLR number

Advanced Create alert Create RSS User Guide

Save Email Send to Sort by: Best match Display options

11 results

Page 1 of 2

HepG2 LDLR number

Результатов: примерно 16 800 (0,11 сек.)

Зачем нужно знать
количество?

[Home](#) > [Bulletin of Mathematical Biology](#) > [Article](#)

Mathematical Model for Low Density Lipoprotein (LDL) Endocytosis by Hepatocytes

Original Article | [Open access](#) | Published: 21 August 2008

Volume 70, pages 2303–2333, (2008) | [Cite this article](#)

[Download PDF](#) 

 You have full access to this [open access](#) article



Bulletin of Mathematical Biology

[Aims and scope](#) →

[Submit manuscript](#) →

2 2. Model development

In this section, we formulate the mathematical model that we use to study the dynamics of LDL endocytosis by hepatocytes or **HepG2 cells** which is a cell line derived from a patient

Как сравнить с MDA-MB-231?

Parameter	Description	Dimensional value
	Number of pits per cell	180
	Number of receptors per cell	32,000
P_m	Maximum number of receptors per pit	~200
	Radius of LDL particle	10 nm
	Number of receptors covered by LDL	~1

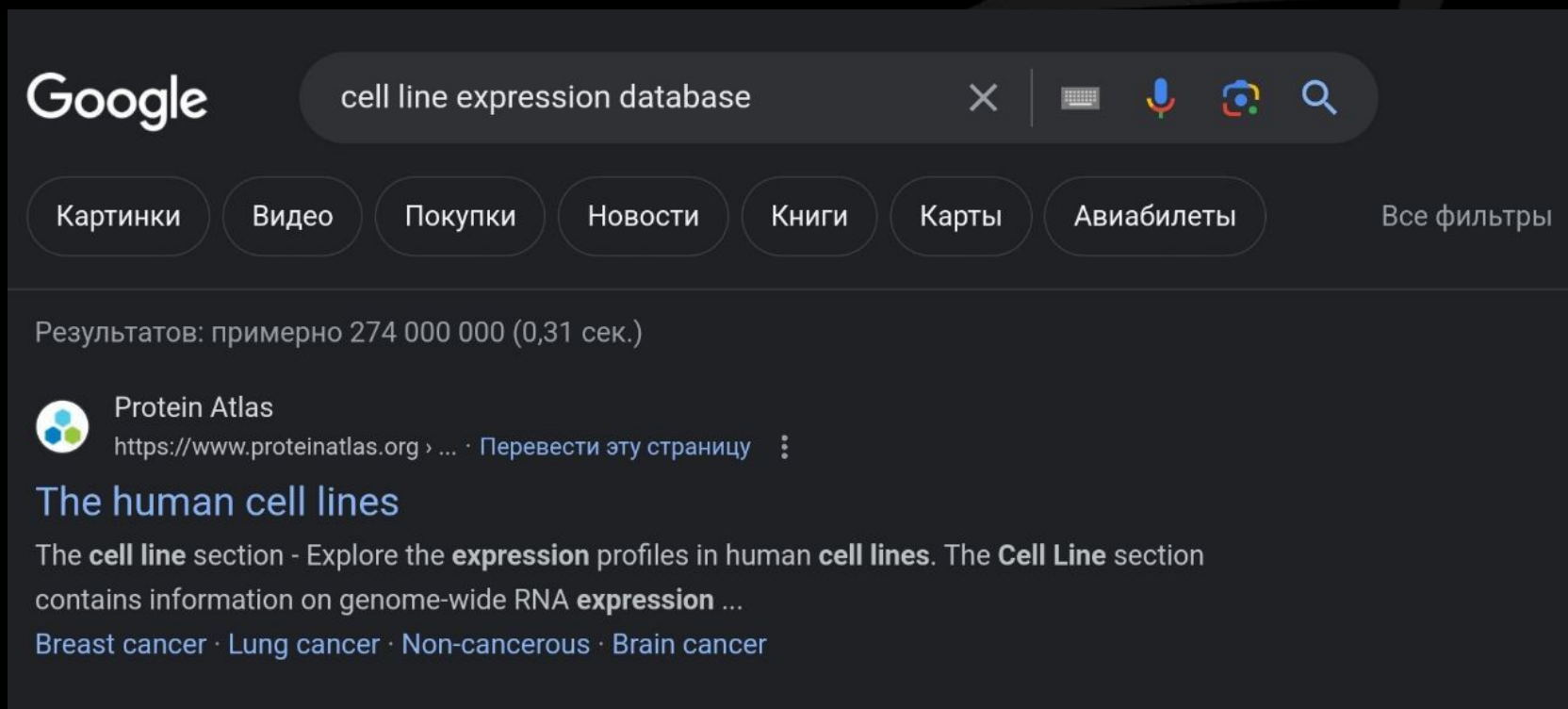
[5]

Базы данных





- Крупное исследование и его результаты
- Скомпилированные и обработанные результаты из открытых ИСТОЧНИКОВ



THE HUMAN PROTEIN ATLAS

SECTIONSABOUTNEWSLEARNDATAHELP

LDLR

SearchFields »

Search result (12 genes): LDLR | VLDLR | LDLRAD1 ...

LDLR

SUMMARY

TISSUE

BRAIN

SINGLE CELL

TISSUE CELL

PATHOLOGY

PEA

DISEASE

IMMUNE

BLOOD

MS

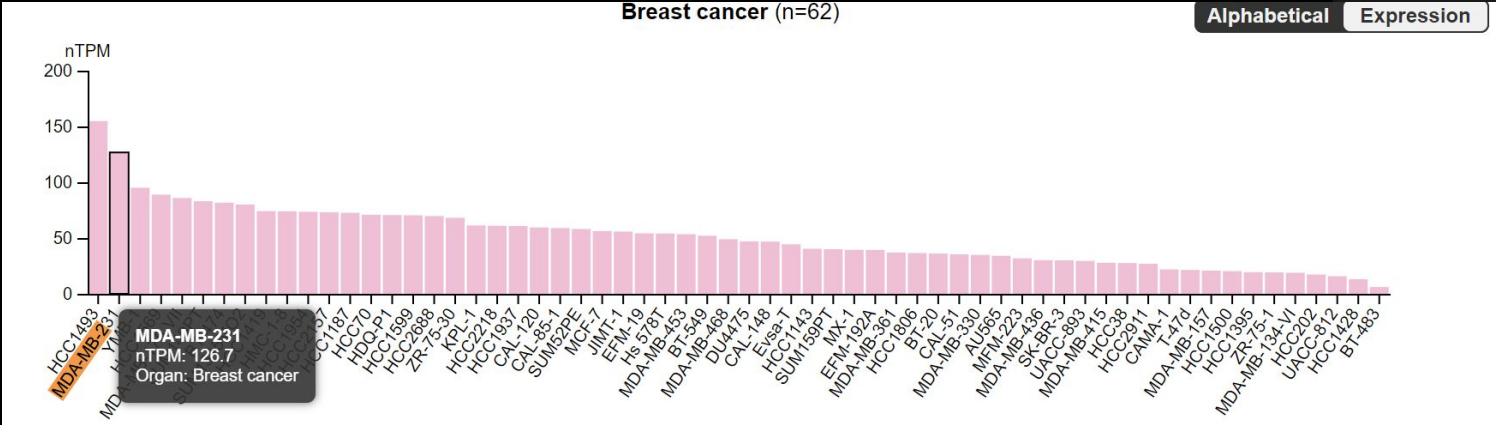
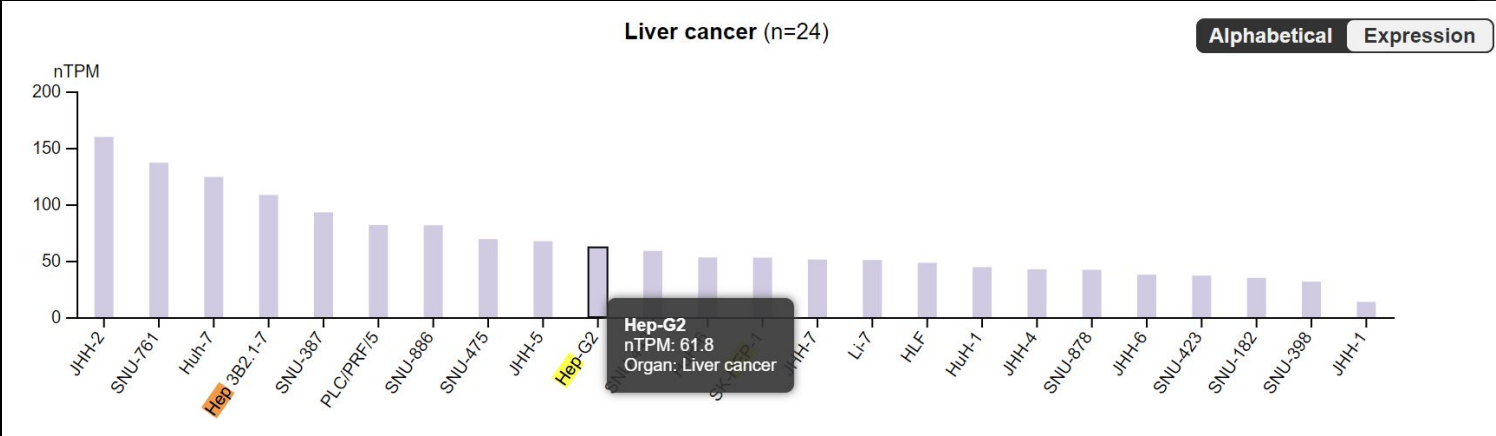
SUBCELL

RNA

CELL LINE

STRUCTURE

INTERACTION



HepG2: 61.8
Рецептора на клетку: 32 000

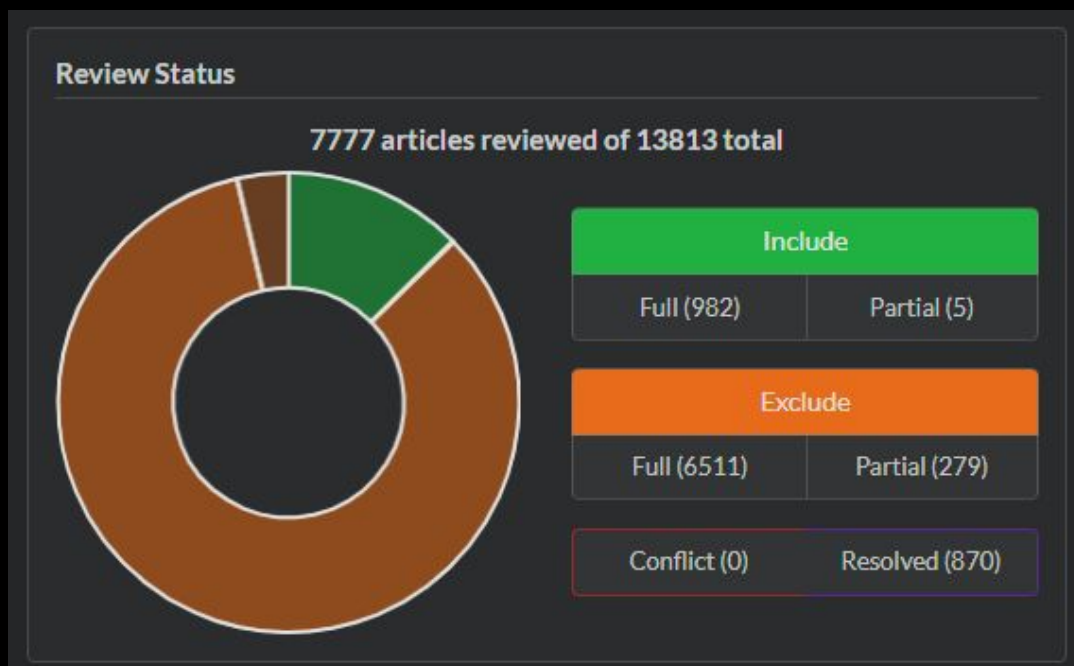
MDA-MB-231: 126.7
Рецепторов на клетку: 64 000

Мета-анализ





sysrev.com



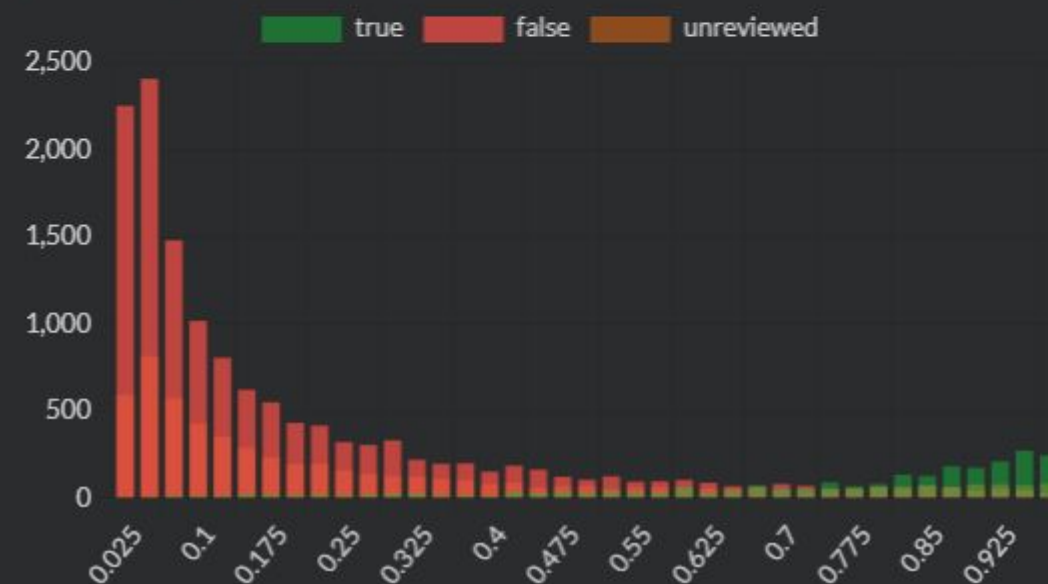
Prediction Histograms

Prediction histograms provide an estimate of sysrev machine learning model accuracy.

Models are built for all binary & categorical labels. They can be used to build article filters.

Models last updated 443 days ago

Predictions for Inclusion model



Мета анализ



coffein

Search

Select All Erase

Toggle Columns Export

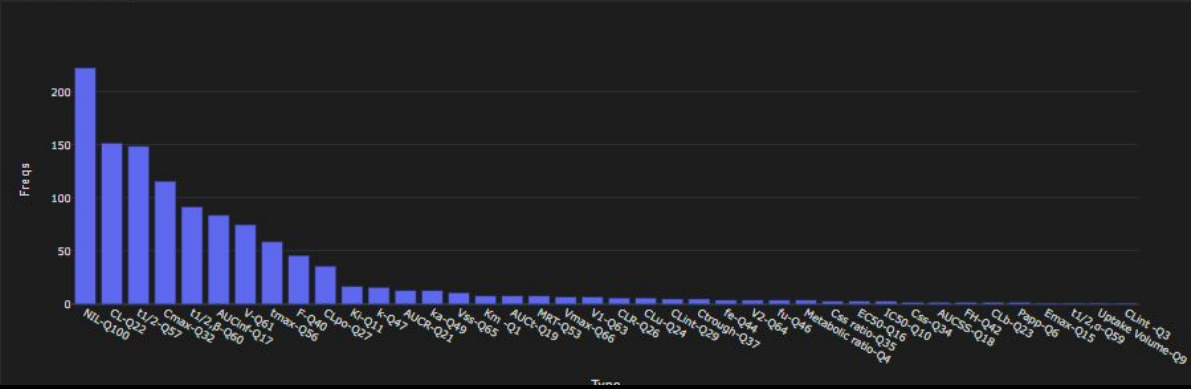
			PMID	Parameter	Type	Value	Units	Compare	Sentence	Title	URL	id
x	■		8135041	clearance	CL-Q22	4.0	[ml] / [kg·min]		The clearance of TH determined	Metabolism of caffeine and theop	Article Link	268
x	■		8135041	clearance	CL-Q22	4.2			The clearance of TH determined	Metabolism of caffeine and theop	Article Link	269
x	■		8135041	clearance	CL-Q22	2.4			The clearance of TH determined	Metabolism of caffeine and theop	Article Link	270
x	■		23777257	Km	Km-Q1	33	μM		2. Diclofenac was converted to	Drug interactions of diclofenac	Article Link	1718
x	■		23777257	Vmax	Vmax-Q66	0.20	1/[min]		2. Diclofenac was converted to	Drug interactions of diclofenac	Article Link	1719
x	■		23777257	inhibition constant	Ki-Q11	37	μM		Using the inhibition constant (Drug interactions of diclofenac	Article Link	1720
x	■		23777257	maximum plasma concentration	Cmax-Q32	10.5	μM		Using the inhibition constant (Drug interactions of diclofenac	Article Link	1721
x	■		1352225	M/S ratios	NIL-Q100	0.875			M/S ratios were determined in v	Pharmacokinetics of caffeine and	Article Link	3863
x	■		1352225	M/S ratios	NIL-Q100	0.358			M/S ratios were determined in v	Pharmacokinetics of caffeine and	Article Link	3864
x	■		1352225	M/S ratios	NIL-Q100	0.829			M/S ratios were determined in v	Pharmacokinetics of caffeine and	Article Link	3865

1 / 121 > >>

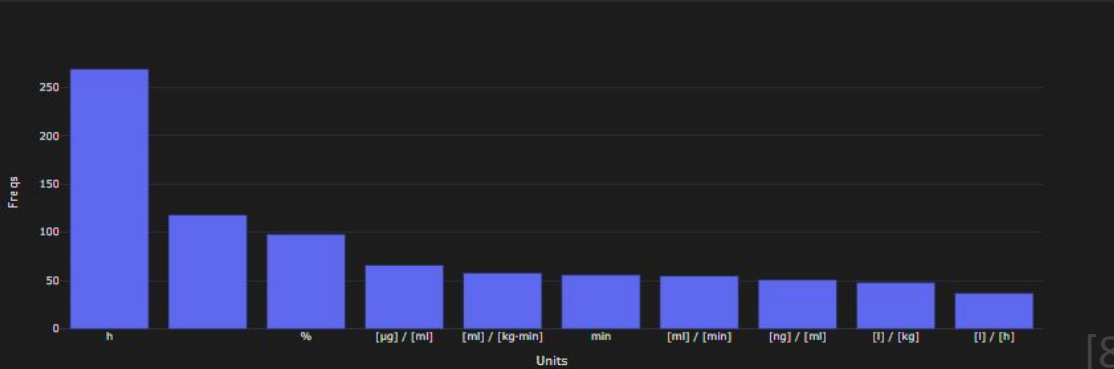
Abstracts: 288

Estimates: 1201

Entity frequency:



Top Units:





[1] <https://www.wired.com/2013/10/big-data-biology/>

[2] <https://www.nature.com/articles/d42473-019-00004-y>

[3] Kanehisa M. The KEGG database // 'In silico' simulation of biological processes: Novartis Foundation Symposium 247. – Chichester, UK : John Wiley & Sons, Ltd, 2002. – T. 247. – C. 91-103.

[4] https://en.wikipedia.org/wiki/Low-density_lipoprotein

[5] Wattis, J.A.D., O'Malley, B., Blackburn, H. et al. Mathematical Model for Low Density Lipoprotein (LDL) Endocytosis by Hepatocytes. Bull. Math. Biol. 70, 2303–2333 (2008). <https://doi.org/10.1007/s11538-008-9347-9>

[6] Uhlen M. et al. Towards a knowledge-based human protein atlas // Nature biotechnology. – 2010. – T. 28. – №. 12. – C. 1248-1250.

[7] Bozada Jr T. et al. Sysrev: a FAIR platform for data curation and systematic evidence review // Frontiers in Artificial Intelligence. – 2021. – T. 4. – C. 685298.

[8] <https://sysrev.com/p/31994>

[9] Hernandez F. G. et al. An automated approach to identify scientific publications reporting pharmacokinetic parameters // Wellcome Open Research. – 2021. – T. 6.

The End

СПАСИБО. ВОПРОСЫ?



osint_mindset.t.me



forum.osint-mindset.com