

Task1

The screenshot shows the Nucleic Acids Research journal article page. The header features the journal logo and navigation links: Issues, Section browse, Advance articles, Submit, Purchase, and About. A search bar is located on the right. The article title is "The 2023 Nucleic Acids Research Database Issue and the online molecular biology database collection" by Daniel J Rigden and Xosé M Fernández. The article is published in Volume 51, Issue D1, 6 January 2023. The abstract states: "The 2023 Nucleic Acids Research Database Issue contains 178 papers ranging across biology and related fields. There are 90 papers reporting on new databases and 82 updates from resources previously published in the Issue. Six more papers are updates from databases most recently published elsewhere. Major nucleic acid databases reporting updates include Genbank, ENA, ChIPBase, JASPAR, mirDIP and the Issue's first Breakthrough Article, NACDDB for Circular Dichroism data. Updates from BMRB and RCSB cover experimental protein structural data while AlphaFold 2 computational structure predictions feature widely. STRING and REBASE are stand-out updates in the signalling and enzymes section. Immunology-related databases include CEDAR, the second Breakthrough Article, for cancer epitopes and receptors alongside returning IPD-IMGT/HLA and the new PGG.MHC. Genomics-related resources include". The page also includes an advertisement for Avantor and a section for email alerts.

Task2

<http://www.oxfordjournals.org/nar/database/c/>

Task3

Baza danych NCBI GenBank jest codziennie aktualizowana o 21:00 Eastern Standard Time (EST), z wyjątkiem niedziel.

Task4

Nazwa tej bazy danych to TCGA (The Cancer Genome Atlas) - Atlas Genomu Raka - Metylacja i Ekspresja Genów w Raku.

Task5

Dla 23 zarejestrowanych alleli aspiryna zwiększa ryzyko chorób autoimmunologicznych, podczas gdy dla 6 alleli je obniża.

Task6

Fusarium poae (155) Rhizopus arrhizus (96) Rhizopus stolonifer (54) Blumeria graminis f. sp. tritici (33) Fusarium sp. (30) Puccinia triticina (26) Puccinia striiformis f. sp. tritici (22) Epicoccum nigrum (18) Fusarium sporotrichioides (16) Fusarium avenaceum (14) Lactobacillus helveticus (9) Fusarium

culmorum (6) *Pichia kudriavzevii* (4) *Fusarium graminearum* (3) *Aureobasidium pullulans* (3) *Rhizopus microsporus* (3) *Fusarium equiseti* (2) *Fusarium oxysporum* (2) *Alternaria* sp. (2) *Rhizoctonia solani* (2) Wszystkie pozostałe taksony (7)

Task7

GCGGCGAGTGAGCGGCAGAGCTCAGATTTGAAATCGTGCTTTGCGGCACGAGTTGTAGATTGCAGGTTGG
AGTCTGTGTGGAAGGCGGTGTCCAAGTCCCTTGGAACAGGGCGCCCAGGAGGGTGAGAGCCCCGTGGGAT
GCCGGCGGAAGCAGTGAGGCCCTTCTGACGAGTCGAGTTGTTTGGGAATGCAGCTCCAAGCGGGTGGTAA
ATTCCATCTAAGGCTAAATACTGGCGAGAGACCGATAGCGAACAAGTACTGTGAAGGAAAGATGAAAAGC
ACTTTGAAAAGAGAGTGAAACAGCACGTGAAATTGTTGAAAGGGAAGGGTATTGCGCCCCGACATGGGGAT
TGCGCACCCGTGCCTCTCGTGGGCGGCGCTCTGGGCTTTCCCTGGGCCAGCATCGGTTCTTGCTGCAGGA
GAAGGGGTTCTGGAACGTGGCTCTTCGGAGTGTTATAGCCAGGGCCAGATGCTGCGTGCGGGGACCGAGG
ACTGCGGCCGTGTAGGTCACGGATGCTGGCAGAACGGCGCAACACCGCCCCGTCTTGAAAC

AGCGGCAAGAGCTCAGATTTGAAATCGTGCTTTGCGGCACGAGTTGTAGATTGCAGGTTGGAGTCTGTGT
GGAAGGCGGTGTCCAAGTCCCTTGGAACAGGGCGCCCAGGAGGGTGAGAGCCCCGTGGGATGCCGGCGGA
AGCAGTGAGGCCCTTCTGACGAGTCGAGTTGTTTGGGAATGCAGCTCCAAGCGGGTGGTAAATTCCATCT
AAGGCTAAATACTGGCGAGAGACCGATAGCGAACAAGTACTGTGAAGGAAAGATGAAAAGCACTTTGAAA
AGAGAGTGAAACAGCACGTGAAATTGTTGAAAGGGAAGGGTATTGCGCCCCGACATGGGGATTGCGCACCG
CTGCCTCTCGTGGGCGGCGCTCTGGGCTTTCCCTGGGCCAGCATCGGTTCTTGCTGCAGGAGAAGGGGTT
CTGGAACGTGGCTCTTCGGAGTGTTATAGCCAGGGCCAGATGCTGCGTGCGGGGACCGAGGACTGCGGCC
GTGTAGGTCACGGATGCTGGCAGAACGGCGCAACACCGCCCCGTCTTGAAAC

CTACACTGCGTGAGCGGACGAAAACAACAACACCTAAATGTGGAATATAGCATATAGTCGACAAGAGAA
ATCTACGGACAAGAGAAATCTACGAAAAACAACAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGTTCTCGCAT
CGATGAAGAGCGCAGCGAAATGCGATACCTAGTGTAATTGCAGCCATCGTGAATCATCGAGTTCTTGAA
CGCACATTGCGCCCCCTCGGCATTCCGGGGGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCGTTTCCATCTTGCGCGTGCGC
AGAGTTGGGGGAGCGGAGCGGACGACGTGTAAAGAGCGTCGGAGCTGCGACTCGCCTGAAAGGGAGCGAA
GCTGGCCGAGCGAACTAGACTTTTTTTCAGGGACGCTTGCGGGCCGAGAGCGAGTGTTGCGAGACAACAA
AAAGCTCGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGGAT
CATTACTGTGATTTAGTA

AAACAACAACACCTAAATGTGGAATATAGCATATAGTCGACAAGAGAAATCTACGAAAAACAACAAAA
CTTTCAACAACGGATCTCTTGTTCTCGCATCGATGAAGAGCGCAGCGAAATGCGATACCTAGTGTAAT
TGCAGCCATCGTGAATCATCGAGTTCTTGAACGCACATTGCGCCCCCTCGGCATTCCGGGGGGGCATGCCTG
TTTGAGCGTCGTTTCCATCTTGCGCGTGCGCAGAGTTGGGGGAGCGGAGCGGACGACGTGTAAAGAGCGT
CGGAGCTGCGACTCGCCTGAAAGGGAGCGAAGCTGGCCGAGCGAACTAGACTTTTTTTTCAGGGACGCTTGCGG
CCGAGAGCGAGTGTTGCGAGACAACAATAAGCTCGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAAC
TTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGGATCATTACTGTGATTTAGTA

Task8

JX669571

Task9

2009, Wewnątrzkomórkowe i błonowe receptory kwasu abscysynowego. , Postępy Biologii Komórki, P. Wasąg, S. Wojciech Kowalczyk | Artykuł

Task10

Jest to najnowsza publikacja tego autora.

Task11

W genomie człowieka znajduje się 19,872 kodujących genów białkowych.

Task12

Nasze początkowe szacunki wynosiły około 30 000-40 000, bazując na analizie sekwencji DNA.

Task13

Rozmiar chromosomu 22 wynosi 50,818,468 par zasad (bp).

Task14

W miarę wzrostu.

Task15

1. Homo sapiens chromosom 1, GRCh38.p14 Primary Assembly 248,956,422 bp liniowego DNA
NC_000001.11 GI:568815597
2. Homo sapiens chromosom 2, GRCh38.p14 Primary Assembly 242,193,529 bp liniowego DNA
NC_000002.12 GI:568815596
3. Homo sapiens chromosom 3, GRCh38.p14 Primary Assembly 198,295,559 bp liniowego DNA
NC_000003.12 GI:568815595
4. Homo sapiens chromosom 4, GRCh38.p14 Primary Assembly 190,214,555 bp liniowego DNA
NC_000004.12 GI:568815594
5. Homo sapiens chromosom 5, GRCh38.p14 Primary Assembly 181,538,259 bp liniowego DNA
NC_000005.10 GI:568815593
6. Homo sapiens chromosom 6, GRCh38.p14 Primary Assembly 170,805,979 bp liniowego DNA
NC_000006.12 GI:568815592
7. Homo sapiens chromosom 7, GRCh38.p14 Primary Assembly 159,345,973 bp liniowego DNA
NC_000007.14 GI:568815591

8. Homo sapiens chromosom X, GRCh38.p14 Primary Assembly 156,040,895 bp liniowego DNA
NC_000023.11 GI:568815575
9. Homo sapiens chromosom 8, GRCh38.p14 Primary Assembly 145,138,636 bp liniowego DNA
NC_000008.11 GI:568815590
10. Homo sapiens chromosom 9, GRCh38.p14 Primary Assembly 138,394,717 bp liniowego DNA
NC_000009.12 GI:568815589
11. Homo sapiens chromosom 11, GRCh38.p14 Primary Assembly 135,086,622 bp liniowego DNA
NC_000011.10 GI:568815587
12. Homo sapiens chromosom 10, GRCh38.p14 Primary Assembly 133,797,422 bp liniowego DNA
NC_000010.11 GI:568815588
13. Homo sapiens chromosom 12, GRCh38.p14 Primary Assembly 133,275,309 bp liniowego DNA
NC_000012.12 GI:568815586
14. Homo sapiens chromosom 13, GRCh38.p14 Primary Assembly 114,364,328 bp liniowego DNA
NC_000013.11 GI:568815585
15. Homo sapiens chromosom 14, GRCh38.p14 Primary Assembly 107,043,718 bp liniowego DNA
NC_000014.9 GI:568815584
16. Homo sapiens chromosom 15, GRCh38.p14 Primary Assembly 101,991,189 bp liniowego DNA
NC_000015.10 GI:568815583
17. Homo sapiens chromosom 16, GRCh38.p14 Primary Assembly 90,338,345 bp liniowego DNA
NC_000016.10 GI:568815582
18. Homo sapiens chromosom 17, GRCh38.p14 Primary Assembly 83,257,441 bp liniowego DNA
NC_000017.11 GI:568815581
19. Homo sapiens chromosom 18, GRCh38.p14 Primary Assembly 80,373,285 bp liniowego DNA
NC_000018.10 GI:568815580
20. Homo sapiens chromosom 20, GRCh38.p14 Primary Assembly 64,444,167 bp liniowego DNA
NC_000020.11 GI:568815578
21. Homo sapiens chromosom 19, GRCh38.p14 Primary Assembly 58,617,616 bp liniowego DNA
NC_000019.10 GI:568815579
22. Homo sapiens chromosom Y, GRCh38.p14 Primary Assembly 57,227,415 bp liniowego DNA

NC_000024.10 GI:568815574

23. Homo sapiens chromosom 22, GRCh38.p14 Primary Assembly 50,818,468 bp liniowego DNA

NC_000022.11 GI:568815576

24. Homo sapiens chromosom 21, GRCh38.p14 Primary Assembly 46,709,983 bp liniowego DNA

NC_000021.9 GI:568815577

25. Homo sapiens mitochondrium, kompletny genom 16,569 bp cyrkularnego DNA NC_012920.1
GI:251831106

Task16

239,954 wyników.

Task17

2 wynika.

Task18

A=0.326459/24474 (ALFA) A=0.28169/120 (SGDP_PRJ) A=0.306872/81226 (TOPMED)

A=0.309437/43359 (GnomAD) G=0.310185/67 (Vietnamese) G=0.313452/247 (PRJEB37584)

A=0.322276/1195 (TWINSUK) A=0.323819/1248 (ALSPAC) A=0.324074/70 (Qatari)

G=0.337201/988 (KOREAN) A=0.34/204 (NorthernSweden) A=0.342685/342 (GoNL) A=0.35/14

(GENOME_DK) A=0.361111/13 (Siberian) A=0.364063/1631 (Estonian) G=0.373416/6258

(TOMMO) A=0.378357/1895 (1000Genomes) A=0.5/14 (PRJEB36033)

Task19

MAF (Minor Allele Frequency) to jedna z miar częstości występowania alleli w populacji. MAF określa częstość występowania mniej powszechnego allelu w populacji, a więc allelu występującego u mniejszej liczby osobników.

Task20

African

Task21

GGKYTRRGTTAGCTTTYRAGTTTTTGGATTTTKGATTTTTGTCTTTTAGCTGTTATTW
RTCAAACCTTYDBGGGDRAAAGAAVTGMARTCACCACAGGRCAGAAACCBTAAGGGAAAA
YAWTAAYAYTAGCTAAGAACATAAAAGAAYAYACARTTRCTTAATCATATAADTGTCTGA
MGTTAAYTGTCATYYAATTGTGATTTSTACCCAGAAGGRCHRAGCYTGTRYACTYTTCA
YGGYYYAGAGYSAATRTCYGTGTCYMARCTTCTCCTGCRYRCYCMCHVYGBTCTCCACRTC
ASTGDGTYAYCKCAAGAAAAMGCCCTCCAAGRRGHCTSRTYCCYACACYTHDGGHACA

GMATTCRYGGAAWGGAAARSYRTABDGRACATRCCYRABRDTCTCAVTYCCACAGAWAC
AGGGAGRRGCTGGGAAGCTCWTTCTACRGATGSRGWAACAGYTCAARYCAGGCCYCCYGT
GCCTRTCAGCCTTYTTCSCAGTCCARYRYTCCYGASAGAYGTTTGGYTGCCYCAGTGRHG
GGRYRCTCTTTCTTTYYCAGGTTRSCARTTCTGKTYCAGRYAKYTRYTYAGMAAGYCCC
TATTCCTCCTGAGTSCAGCTCTTCAYGGCYATCCCTKYCCYRTCTYASTACCCYTTMTGC
TCCCATTTTCCAYRTRTTTGGCAAGCACYKGTTGAGYTAYMAATGACTGTGCAGVCTTGT
GYCASGSATCCCCTGGGGTAAAAGGCRTMCCCTGGMGYTGTGYCACAAAASAGMCCACAC
AWTRGACTTRGGCTTAACAAG

Task22

Mikroorganizm NRRL 26941 to gatunek bakterii o nazwie *Streptomyces* sp.

Task23

Genom tego organizmu ma wielkość 9,63 Mb.

Task24

W rekordzie genomu NRRL 26941 znajduje się informacja, że Contig N50 wynosi 370,508 bp (baz par). Contig N50 jest to miara jakości montażu genomowego i oznacza długość, do której zmontowane sekwencje DNA (contigi) reprezentują połowę całkowitej długości genomu.

Task25

Nazwa enzymu: Pepsyna Numer rekordu: PEPA_HUMAN

Task26

Jego kofaktorem jest kation wapnia (Ca^{2+}). Kofaktor to nieorganiczna lub organiczna substancja niezbędna do aktywności enzymu.

Task27

Phyre2, który korzysta z bazy danych PDB (Protein Data Bank) oraz różnych algorytmów bioinformatycznych do przewidywania struktury białek. Można również korzystać z baz danych takich jak SWISS-MODEL, I-TASSER, czy RaptorX.

Task28

Wyszukując rekordy na podstawie numeru EC enzymu, można otrzymać wyniki dla różnych gatunków, w tym także dla organizmów innych niż człowiek. Powodem tego jest fakt, że klasyfikacja enzymów według numeru EC (Enzyme Commission) jest uniwersalna i stosowana dla wszystkich organizmów, a nie tylko dla człowieka.

Task29

3000 genów.

Task30

Gen DRD3 koduje receptor dopaminowy D3.

Task31

Przykładem takiego polimorfizmu jest rs6280, który może wpływać na funkcjonowanie mózgu i związany jest z różnymi fenotypami, takimi jak uzależnienie od nikotyny i depresja.

Task32

W bazie danych NCBI VIRUSES sekwencja referencyjna genomu wirusa SARS-CoV-2 oznaczona jako Wuhan-Hu-1 ma wielkość 29,903 nt i jest zbudowana z RNA.

Task33

26.12.2019

Task34

MFVFLVLLPLVSSQCVNLTTTRTQLPPAYTNSFTRGVYYPDKVFRSSVLHSTQDLFLPFFSNVTWFHAISGTNGTKRFDNP
VLPFNDGVYFASTEKSNIIRGWIFGTTLDSKTQSLIVNNATNVVIKVCEFQFCNDPFLGVYYHKNNKSWMESEFRVYSS
ANNCTFEYVSQPFLMDLEGKQGNFKNLREFVFKNIDGYFKIYSKHTPINLVRDLPQGFSALEPLVDLPIGINITRFQTLLAL
HRSYLTPGDSSSGWTAGAAAYYVGYLQPRTFLLKYNENGITDAVDCALDPLSETKCVKSTCYN