

# Bazy Danych NCBI część pierwsza



## OMIM

Jest bazą danych NCBI. Gromadzi dane dotyczące chorób dziedzicznych u człowieka. Zawiera wyczerpujące opisy fenotypów.

1. Wpisz w wyszukiwarce OMIM słowo **down**.
  - a) Ile wyników znaleziono? Czy odnaleźliśmy to, co chcieliśmy?
2. Wpisz w wyszukiwarce OMIM słowo **phenylketonuria**.
  - a) Ile wyników znaleziono?
  - b) Zapoznaj się z linkami w menu **Entrez Gene** (po lewej stronie): GenBank, Protein.
  - c) Jaki symbol ma ta choroba? Jaki symbol ma gen związany z tą chorobą? Jak się nazywa białko odpowiedzialne za tą chorobę?
  - d) Wyszukaj ten gen (dla człowieka) w bazie danych Gene.
  - e) Sprawdź w bazie OMIM z ilu egzonów i intronów składa się ten gen u człowieka i jaka mutacja odpowiada za fenyloketonurię.
3. Ustal powyższe informacje dla czynnika krzepliwości krwi IX (coagulation factor IX).
4. Znajdź w OMIM gen **cytochromu b (mtcytb)** i ustal za ile chorób odpowiada.

## HomoloGene

Jest bazą danych NCBI. Grupuje geny homologiczne wybranych gatunków Eukariota.

1. Wpisz w wyszukiwarce **HomoloGene** słowo **cytb**.
  - a) Ile wyników znaleziono? Dla jakich organizmów?
  - b) Czy gen ten jest konserwatywny?
2. Ustal powyższe informacje dla hemoglobiny.
  - a) Ile wyników znaleziono?

## Genome

1. Wyszukaj w Entrez genom **mitochondrialny** dla bizona.
  - a) Ile wyników znaleziono?
  - b) Ile genów znajduje się na mitochondrium bizona?
  - c) Jaka jest zawartość GC?
  - d) Ile jest pseudogenów?
  - e) Jaki procent sekwencji koduje?
  - f) Czy genom ten jest kolisty czy liniowy?
  - g) Odnajdź w genomie gen **cytb**
2. Sprawdź powyższe informacje dla bydła, myszy i E. Coli
3. Ile genów znajduje się na mitochondrium? Wymień najważniejsze.
4. Sprawdź dla chromosomu 1 bydła, konia i człowieka, myszy:
  - a) ile zawierają genów
  - b) jaka jest wielkość chromosomu

### Wymagane wiadomości:

- Entrez
- Znajomość baz danych: OMIM, Genome, HomoloGene