



# ΒΙΟΠΛΗΡΟΦΟΡΙΚΗ

## Ενότητα 1<sup>η</sup>: Εισαγωγή

Ηλίας Καππάς  
Τμήμα Βιολογίας



Ευρωπαϊκή Ένωση  
Ευρωπαϊκό Κοινωνικό Ταμείο



ΥΠΟΥΡΓΕΙΟ ΠΑΙΔΕΙΑΣ & ΘΡΗΣΚΕΥΜΑΤΩΝ, ΠΟΛΙΤΙΣΜΟΥ & ΑΘΛΗΤΙΣΜΟΥ  
ΕΙΔΙΚΗ ΥΠΗΡΕΣΙΑ ΔΙΑΧΕΙΡΙΣΗΣ

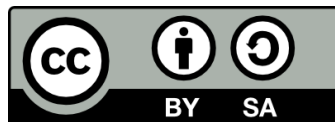
Με τη συγχρηματοδότηση της Ελλάδας και της Ευρωπαϊκής Ένωσης



ΕΥΡΩΠΑΪΚΟ ΚΟΙΝΩΝΙΚΟ ΤΑΜΕΙΟ

# Άδειες Χρήσης

- Το παρόν εκπαιδευτικό υλικό υπόκειται σε άδειες χρήσης Creative Commons.
- Για εκπαιδευτικό υλικό, όπως εικόνες, που υπόκειται σε άλλου τύπου άδειας χρήσης, η άδεια χρήσης αναφέρεται ρητώς.



# Χρηματοδότηση

- Το παρόν εκπαιδευτικό υλικό έχει αναπτυχθεί στα πλαίσια του εκπαιδευτικού έργου του διδάσκοντα.
- Το έργο «Ανοικτά Ακαδημαϊκά Μαθήματα στο Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης» έχει χρηματοδοτήσει μόνο τη αναδιαμόρφωση του εκπαιδευτικού υλικού.
- Το έργο υλοποιείται στο πλαίσιο του Επιχειρησιακού Προγράμματος «Εκπαίδευση και Δια Βίου Μάθηση» και συγχρηματοδοτείται από την Ευρωπαϊκή Ένωση (Ευρωπαϊκό Κοινωνικό Ταμείο) και από εθνικούς πόρους.



# Περιεχόμενα ενότητας

- Βασικές αρχές της βιοπληροφορικής
- Βιολογικές βάσεις δεδομένων
- Στρατηγικές αναζήτησης στις βάσεις δεδομένων
- BLAST



# Ορισμός

**ΒΙΟΠΛΗΡΟΦΟΡΙΚΗ - BIOINFORMATICS**

**ΥΠΟΛΟΓΙΣΤΙΚΗ ΒΙΟΛΟΓΙΑ – COMPUTATIONAL BIOLOGY**

## **Bioinformatics**

**Research, development, or application of computational tools and approaches for expanding the use of biological, medical, behavioral or health data, including those to acquire, store, organize, archive, analyze, or visualize such data.**

## **Computational Biology**

**The development and application of data-analytical and theoretical methods, mathematical modeling and computational simulation techniques to the study of biological, behavioral, and social systems.**

*NIH WORKING DEFINITION OF BIOINFORMATICS AND COMPUTATIONAL BIOLOGY*

*July 17, 2000*



# Εφαρμογές της Πληροφορικής στη Βιολογία (1/2)

Η χρήση υπολογιστικών εργαλείων για την **αποθήκευση**, **πρόσβαση** και **ανάλυση** νουκλεοτιδικών και αμινοξικών ακολουθιών, πρωτεϊνικών δομών και κάθε είδους σχετική βιολογική πληροφορία (δημοσιεύσεις, φυλογενετικά δέντρα, μεταβολικά μονοπάτια)

Βάσεις Δεδομένων και αλγόριθμοι κατάλληλα  
σχεδιασμένοι με στόχο τη βελτίωση της βιολογικής  
έρευνας

Βιολόγοι που χρησιμοποιούν τους υπολογιστές ...ή  
και το αντίθετο!!!



# Εφαρμογές της Πληροφορικής στη Βιολογία (2/2)

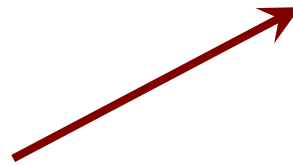
Ποικίλα προγράμματα αλληλούχησης (Human Genome Project)



Συσσώρευση τεράστιου όγκου πληροφοριών που πρέπει να αποθηκευτούν, να διαχειριστούν και να αναλυθούν

*Ελαχιστοποίηση χρόνου*

*Συμβολή  
Πληροφορικής*



*Γίνονται αναλύσεις που δε γίνονται διαφορετικά (φυλογενετικά δέντρα)*



# Νέες εξελίξεις στον κλάδο της Βιοπληροφορικής

Το *Bioinformatics* αποτελεί το κορυφαίο περιοδικό στον τομέα του. Δημοσιεύει εργασίες υψηλής ποιότητας καλύπτοντας ένα ευρύ φάσμα έρευνας στη βιοπληροφορική και υπολογιστική βιολογία. Πληροφορίες για το συγκεκριμένο περιοδικό καθώς και οι νέες δημοσιευμένες εξελίξεις βρίσκονται στην ιστοσελίδα:

<http://bioinformatics.oupjournals.org>





# Χρήση διαδικτύου ή standalone προγραμμάτων στη βιοπληροφορική?

## ΔΙΑΔΙΚΤΥΟ

### Πλεονεκτήματα

Εύκολο στη χρήση (αν και μερικές φορές περιορισμένη)

Δεν απαιτείται συντήρηση

### Μειονεκτήματα

Περιορισμένη ασφάλεια (ιοί κλπ)

Η πρόσβαση δεν είναι πάντα εξασφαλισμένη

## STANDALONE ΠΡΟΓΡΑΜΜΑΤΑ

Γρήγορες και αξιόπιστες αναλύσεις

Ένα μόνο πακέτο προγραμμάτων

Ελάχιστα προβλήματα ασφάλειας

Τα προγράμματα δεν είναι πάντα εύχρηστα

Απαιτούνται εξειδικευμένα υπολογιστικά συστήματα

**Τα ΚΑΛΑ προγράμματα ΚΟΣΤΙΖΟΥΝ**



# Βασικές αρχές στη βιοπληροφορική

**Μην πιστεύετε πάντα τι σας λένε τα προγράμματα**  
Συχνά παραπλανούν ή και λανθάνουν!

**Μην πιστεύετε πάντα τι σας λένε οι Βάσεις Δεδομένων**  
Συχνά παραπλανούν ή και λανθάνουν!

**Εν συντομία, μην είστε αφελείς χρήστες!!!**

Είναι απαραίτητο να συνειδητοποιήσετε τη διαφορά του  
ΜΑΘΗΜΑΤΙΚΑ και ΒΙΟΛΟΓΙΚΑ σωστού (όσον αφορά τη χρήση  
των υπολογιστών στη βιολογία)

**Οι υπολογιστές ΔΕΝ ξέρουν Βιολογία**

**Εφαρμόζουν μαθηματικά**

**Και μάλιστα με μεγάλες ταχύτητες**



# Οργανισμοί σχετικοί με βιοπληροφορική

- ✓ NCBI, National Center for Biotechnology Information, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
- ✓ SANBI, South African National Biodiversity Institute, <http://www.sanbi.org/>
- ✓ CSH, Cold Spring Harbor Laboratory, <http://www.cshl.edu/>
- ✓ Bioinformatics Institute, <http://www.bii.a-star.edu.sg/>
- ✓ Blueprint
- ✓ Institute of Bioinformatics, <http://www.ibioinformatics.org/>
- ✓ DDBJ, DNA Data Bank of Japan, <http://www.ddbj.nig.ac.jp/>
- ✓ EBI, European Bioinformatics Institute, <http://www.ebi.ac.uk/>
- ✓ CBR RBC
- ✓ SIB, Swiss Institute of Bioinformatics, <http://www.isb-sib.ch/>
- ✓ UBiC, UBC Bioinformatics Centre, <http://www.bioinformatics.ubc.ca/>
- ✓ TIGR, The Institute for Genomic Research, <http://www.jcvi.org/cms/home/>



# Εργαλεία βιοπληροφορικής ανάλυσης

- ✓ ExPASy, SIB Bioinformatics Resource Portal, <http://www.expasy.org/>
- ✓ GMOD, Generic Modern Organism Database, [http://gmod.org/wiki/Main\\_Page](http://gmod.org/wiki/Main_Page)
- ✓ IntAct, Molecular Interaction Database, <http://www.ebi.ac.uk/intact/>
- ✓ Interpro, Protein sequence analysis & classification, <http://www.ebi.ac.uk/interpro/>
- ✓ BIND, Biomolecular Interaction Network Database, <http://bond.unleashedinformatics.com/Action>
- ✓ BioConductor, open source software for bioinformatics, <http://www.bioconductor.org/>
- ✓ PubMed, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed>
- ✓ Human Protein Reference Database, <http://www.hprd.org/>
- ✓ PDB, Protein Data Bank, <http://www.rcsb.org/pdb/home/home.do>
- ✓ Ensembl, <http://www.ensembl.org/index.html>
- ✓ BLAST, <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>
- ✓ OMIM, Online Mendelian Inheritance in Man, <http://www.omim.org/>
- ✓ PathwayAssist
- ✓ Entrez, The Life Sciences Search Engine, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/gquery/gquery.fcgi?itool=toolbar>
- ✓ Gene Ontology, <http://geneontology.org/>



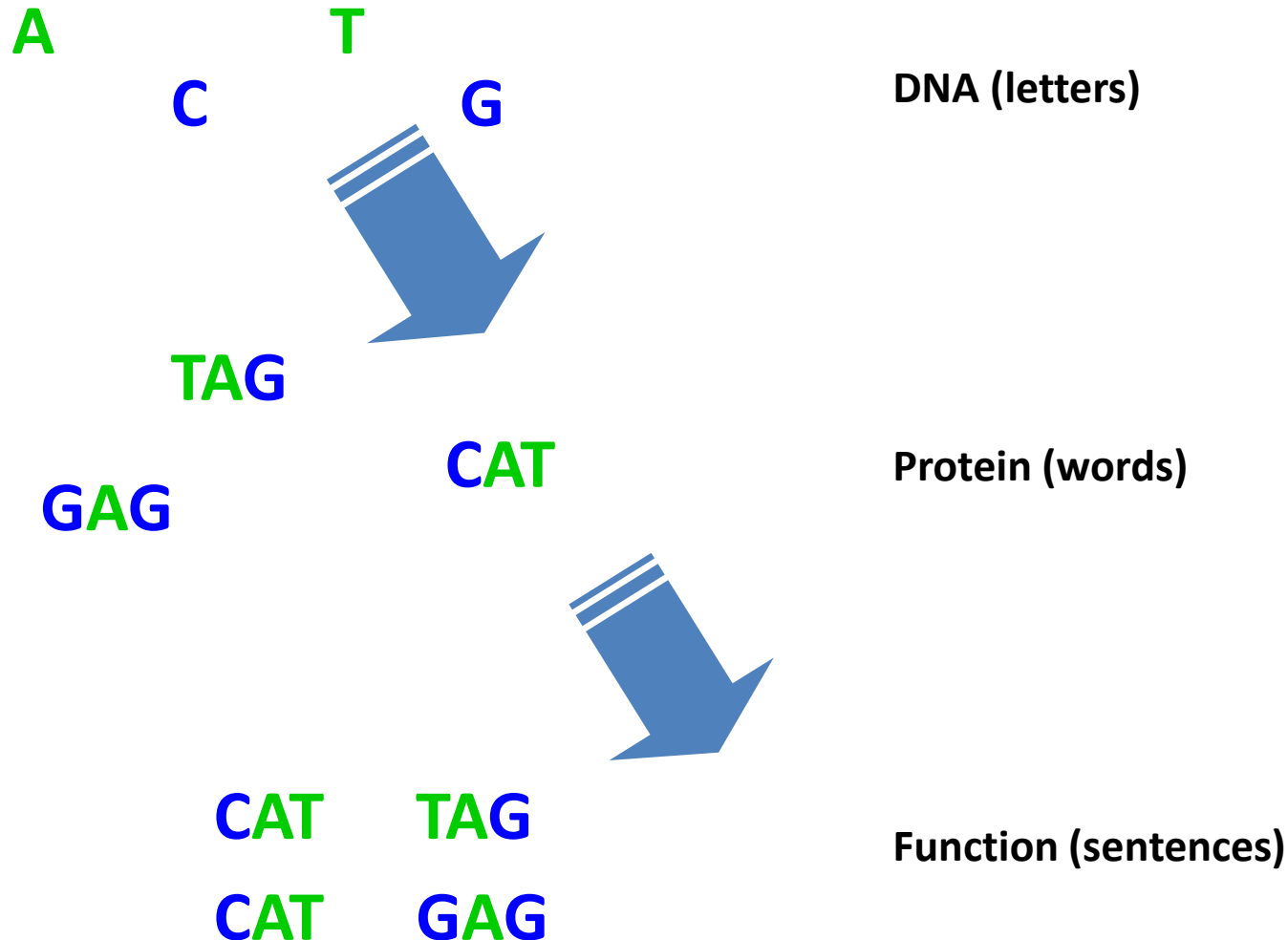
# Τι κρύβει μια ακολουθία (1/2)

Ας υποθέσουμε ότι έχουμε κατασκευάσει μια cDNA βιβλιοθήκη και αλληλουχίσαμε μερικούς από τους κλώνους της βιβλιοθήκης. Το μόνο που διαθέτουμε είναι μια σειρά από γράμματα που αναπαριστούν νουκλεοτίδια (A, C, G, T), γεγονός που δε μας δίνει και πολλά στοιχεία. Δε γνωρίζουμε τίποτα για τις ακολουθίες που έχουμε στα χέρια μας, και σίγουρα δεν μπορούμε να γνωρίζουμε ποια είναι η *in vivo* λειτουργία.

```
AGGANNGANTANAAGNCCCCTCCCCCAAACCAAAAAAATTTTGGGTTGCCCCCAATACCACCAGNACCCTTACTGTGT  
NTTGATAGTTTNGTCCAATACCTTTAACTATTTTTGTCTTCAAAAAAAGTACATGTATTTGTTCAAAGTGTTGTTAATAT  
GNGTANCNGGACAATAAATACCATATCCTCTCAGCCATCATAGTANGGGGNNTNNGGNNTGTGNCCNGGGNCGGGGGCAN  
GCCNCNNNTGGGGNNAGGGNGGGCCAGNACCTGCTTTTTTNCNGGGNTNNNGCCNCNCGATTCTNNANCTNNGCGGGG  
GNNGGNGGCCCCCNCCCTGNTTTTTTTNCCNAAAAANNTTTTTTAAANNGGNGCNCNCGNNGGNNNCCNNNCCCCCNCC  
CTNTGGGGGGGGGGNCCCCCCCCCGGGGAAAAAANNTTTTTTNCNCCGNCNCGNNTCNTTGNNGGCCCNNTN  
GNCNENNTGNCGGNGTGNGCGTGNGNAGAANANGGNNNCGCCCCNCCNNGNNGNCGNGTNNTTNNNNCNCGTTNCNGG  
GTGNNNGGCCGGCCGNCNCNANANGGNGNCGCNCNCCGNGNCTCTGCNNGNNCTCCNCTTGNCCCCAAGNNGNCGC  
CTNCGCCTCTGNNATTGNGGNGANGNCGNNTTTCNNGNNNCNTNAANNNGGANNGCNGGGNCCNCCNACNGTGNNT  
NNACNNGNAANNNNNNNGGNNNGCCCCGGAGTGGTCGNGGNNCGNTNNGNCCNCTCCTCGGTTTNGGNGNCGTGGNCGTG  
CGGCCNCGTCCCCGNTTTCNTNGGGNCGCCGNNCGCNCNTGNGNGTNGNCGNCCNCTTGTGTCNANTTCNNANGNNGG
```



# Τι κρύβει μια ακολουθία (2/2)



# Βιολογικές Βάσεις δεδομένων (1/3)

---

ΤΟΝ ΠΥΡΗΝΑ ΤΗΣ ΒΙΟΠΛΗΡΟΦΟΡΙΚΗΣ ΑΠΟΤΕΛΕΙ

Η ΟΡΓΑΝΩΣΗ ΤΩΝ ΠΛΗΡΟΦΟΡΙΩΝ ΣΕ

**ΒΑΣΕΙΣ ΔΕΔΟΜΕΝΩΝ**



# Βιολογικές Βάσεις δεδομένων (2/3)

Συλλέγουν και αποθηκεύουν τα τεράστια ποσά πληροφορίας που εισρέουν από διάφορα εργαστήρια παγκοσμίως (με εκθετικούς ρυθμούς!!!)

Κάθε βάση έχει το δική της (ιδιαιτέρη) μορφοποίηση, συμβατή με τα περισσότερα προγράμματα επεξεργασίας

Η πρόσβαση στις πληροφορίες πραγματοποιείται μέσω μηχανών αναζήτησης και προγραμμάτων (υπολογιστικών πακέτων), κυρίως μέσω του Διαδικτύου (www)

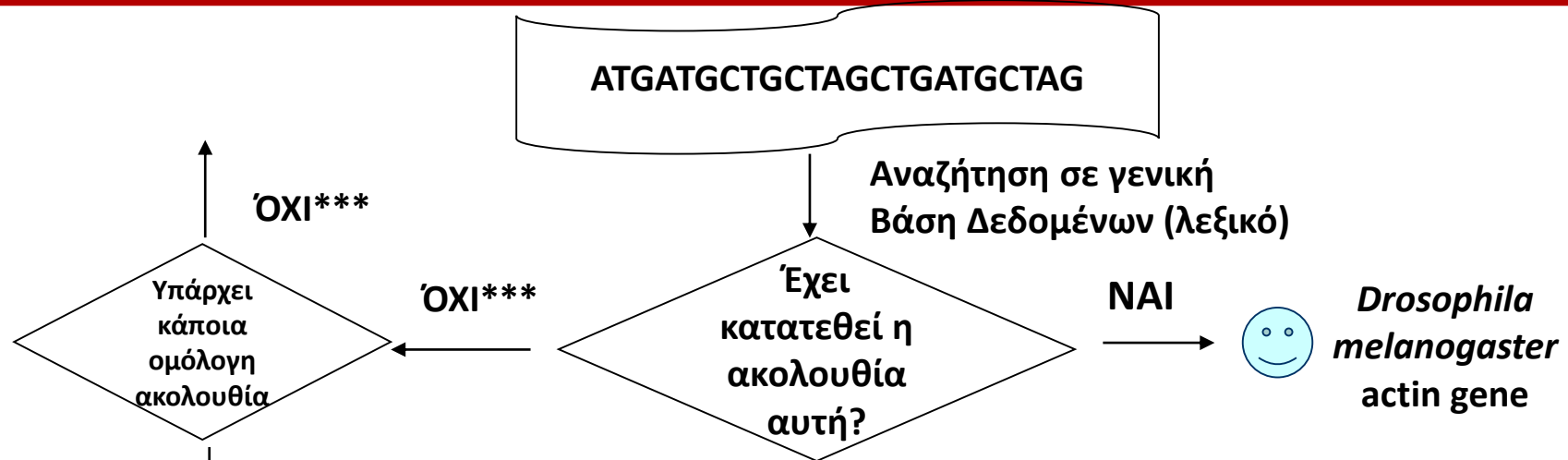
Πληροφορίες που παρέχονται :

- Στοιχεία βιβλιογραφίας (συγγραφείς και άρθρα στα οποία αναφέρεται η ακολουθία της καταχώρησης)
- Ο οργανισμός και το οργανίδιο προέλευσης
- Αλληλουχία με όλα τα σχετικά στοιχεία (ρυθμιστικά, στοιχεία μεταγραφής και μετάφρασης, δομικά στοιχεία κλπ ανάλογα με το είδος της Βάσης Δεδομένων)





# Βιολογικές Βάσεις δεδομένων (3/3)



\*\*\*Αν η αναζήτηση δεν αποφέρει αποτελέσματα → Αναζήτηση σε πιο εξειδικευμένη Βάση Δεδομένων

Μόνο μετά από εξαντλητική αναζήτηση κι επανειλημμένες αποτυχημένες προσπάθειες μπορούμε να θεωρήσουμε ότι η αλληλουχία μας είναι καινούρια και δεν έχει ήδη μελετηθεί - ταυτοποιηθεί

➤ Με βάση το ποσοστό ομολογίας/ομοιότητας μπορούμε να βγάλουμε κάποια συμπεράσματα για την υπό εξέταση ακολουθία

➤ Μετά από αναζήτηση σε μια γενική βάση δεδομένων, μπορούμε να ανατρέξουμε σε μια πιο εξειδικευμένη Βάση Δεδομένων



# Βιολογικές Βάσεις δεδομένων - Χρήση

Έχει μελετηθεί το γονίδιο της ακτίνης στη *Drosophila melanogaster*?  
Ποια είναι η πρωτεϊνική ακολουθία για την ινσουλίνη στον άνθρωπο?  
Ποια είναι η τρισδιάστατη δομή για το γονίδιο *hsp70* στον αρουραίο?

Για μια ακολουθία συγκεκριμένα...

Κωδικοποιεί για κάποια πρωτεΐνη?

Έχει μελετηθεί το γονίδιο αυτό σε άλλους οργανισμούς?

Υπάρχουν ιντρόνια στην ακολουθία μου?

Υπάρχει κάποιο τμήμα στην ακολουθία μου που αναγνωρίζεται από μεταγραφικό παράγοντα?

Υπάρχουν ρυθμιστικά στοιχεία στην ακολουθία?

Υπάρχουν στοιχεία αλληλεπίδρασης με άλλα μόρια?

Υπάρχουν μεταλλάξεις στο υπό μελέτη γονίδιο?

Υπάρχουν άλλες πρωτεϊνικές ακολουθίες όμοιες προς τη δική μου?

Περιέχεται στην πρωτεϊνική μου ακολουθία κάποιο μοτίβο που θα με βοηθήσει να καταλάβω τη λειτουργία της πρωτεΐνης μου?

Ποιες άλλες ακολουθίες περιέχουν το ίδιο μοτίβο?

Ποια μπορεί να είναι η δευτεροταγής δομή της πρωτεΐνης μου?

Ποια είναι η τρισδιάστατη διαμόρφωση της πρωτεΐνης μου?

Εμπλέκεται το γονίδιο / πρωτεΐνη σε κάποια ασθένεια?



# Βιολογικές Βάσεις δεδομένων - Περιορισμοί

## Δυο βασικοί περιορισμοί

### Αντικείμενο

Κάποιες Βάσεις εξειδικεύονται σε συγκεκριμένο αντικείμενο, π.χ. κρυσταλλογραφικά δεδομένα πρωτεϊνών.

### Ανανέωση (updates)

Αρκετά γρήγορη αλλά όχι άμεση ενημέρωση. Σπάνια γίνεται σε ημερήσια ή μηνιαία βάση, συνήθως κάθε τετράμηνο ή χρόνο.

## ΚΑΜΙΑ ΒΑΣΗ ΔΕΔΟΜΕΝΩΝ ΔΕΝ ΠΕΡΙΕΧΕΙ ΤΑ ΠΑΝΤΑ

Μέχρι σήμερα έχει αναπτυχθεί ένας σημαντικός αριθμός βάσεων δεδομένων, στην προσπάθεια να οργανωθεί ο τεράστιος όγκος πληροφοριών. Οι βάσεις δεδομένων θα μπορούσαν γενικά να χωριστούν σε υπο-ομάδες ανάλογα με το είδος της πληροφορίας.



# Ραγδαία ανάπτυξη βάσεων δεδομένων (1/2)

Η ραγδαία ανάπτυξη πολλών Βάσεων Δεδομένων  
δημιουργεί διάφορα προβλήματα / ερωτήματα

Οι διάφορες Βάσεις Δεδομένων έχουν την ίδια μορφοποίηση?

Ποια είναι η πιο ακριβής – έμπιστη?

Ποια είναι η πιο ενημερωμένη?

Ποια είναι η πιο κατανοητή?

Ποια πρέπει να χρησιμοποιήσω?



# Ραγδαία ανάπτυξη βάσεων δεδομένων (2/2)

Κάθε χρόνο στο *Nucleic Acids Research* δημοσιεύονται οι νέες βιολογικές βάσεις δεδομένων. Το 2014 περιγράφηκαν λεπτομερώς 58 νέες βάσεις μοριακής βιολογίας (<http://nar.oxfordjournals.org/content/42/D1/D1.abstract>).

Ενώ στην ιστοσελίδα

[http://www.oxfordjournals.org/our\\_journals/nar/database/c/](http://www.oxfordjournals.org/our_journals/nar/database/c/) βρίσκεται η συλλογή των βάσεων δεδομένων του *Nucleic Acids Research* και περιλαμβάνει σήμερα 1552 βάσεις δεδομένων οργανωμένες σε κατηγορίες.



# Κατηγορίες βάσεων δεδομένων (1/2)

## ΠΡΟΣΟΧΗ

Οι διαφορετικές Βάσεις ταξινομούνται σε κατηγορίες, ανάλογα με τις πληροφορίες που παρέχουν

Κάποιες Βάσεις παρέχουν παραπάνω από ένα τύπο πληροφοριών

Πλεονέκτημα  
μικρών / εξειδικευμένων  
Βάσεων Δεδομένων



Οι πληροφορίες στις Βάσεις αυτές ελέγχονται και αξιολογούνται από ειδικούς ενώ πολλές φορές διασταυρώνονται και πειραματικά



# Κατηγορίες βάσεων δεδομένων (2/2)

Μια Βάση Δεδομένων χαρακτηρίζεται ως **redundant** (πλεονάζουσα) όταν κάθε ακολουθία μπορεί να εμφανίζεται σε παραπάνω από ένα αντίγραφα.

Καμία προσπάθεια για ξεκαθάρισμα των επαναλήψεων

Περιέχουν πιθανότατα όλες τις ακολουθίες που έχουν πρόσφατα ανακαλυφθεί – χαρακτηριστεί

**Το πρόβλημα...**

Απαιτείται αυστηρή αξιολόγηση των αποτελεσμάτων για να καταλήξουμε σε αυτά που έχουν βιολογική αξία

Οι **Non-redundant** Βάσεις Δεδομένων μπορεί να είναι ελλιπείς

Η αναζήτηση ακολουθιών είναι ευκολότερη και πιο αξιόλογη

Οι **Non-redundant** Βάσεις Δεδομένων χαρακτηρίζονται συχνά ως nr



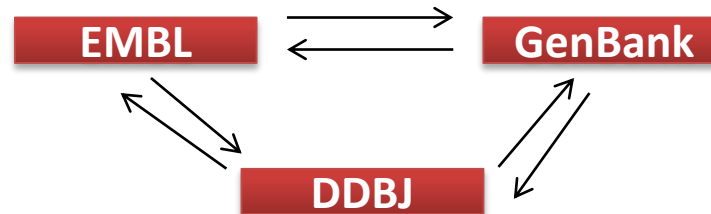
# Νουκλεοτιδικές Βάσεις δεδομένων

Τρεις κύριες DNA ΒΔ:

1. EMBL: στο European Molecular Biology Laboratory, Cambridge, UK
2. GenBank: στο Εθνικό Κέντρο Βιοτεχνολογικής Πληροφόρησης (National Center for Biotechnology Information), USA
3. DDBJ: η DNA Databank στην Ιαπωνία

Και οι τρεις μαζί : INSD – International Nucleotide Sequence Database

Υπάρχει **ροή δεδομένων**  
μεταξύ των 3 βάσεων  
δεδομένων



Κάθε Βάση Δεδομένων συλλέγει κι επεξεργάζεται δεδομένα από επιστήμονες κι εργαστήρια της ευρύτερης περιοχής.

Για παράδειγμα η EMBL συλλέγει στοιχεία από την Ευρώπη, η GenBank από τις Ηνωμένες Πολιτείες κλπ





# Νουκλεοτιδικές Βάσεις δεδομένων

Σε κάθε καταχώρηση αποδίδεται ένας μοναδικός κωδικός πρόσβασης (accession number, AC), κοινός και για τις τρεις Βάσεις. Ο κωδικός αυτός αποτελείται συνήθως από δυο γράμματα και έξι ψηφία, π.χ. AB123456.

Για να δημοσιευθεί ένα άρθρο που αναφέρεται σε μια καινούρια ακολουθία θα πρέπει η αλληλουχία να έχει ήδη κατατεθεί σε οποιαδήποτε από τις τρεις ΒΔ, ώστε να της έχει αποδοθεί ένας μοναδικός κωδικός πρόσβασης.

Καθώς ο κωδικός πρόσβασης πρέπει να παραμένει ίδιος, κάθε Βάση Δεδομένων χρησιμοποιεί και έναν δικό της (εσωτερικό) κωδικό πρόσβασης (entry name), ώστε να παρακολουθεί τις μεταβολές σε κάθε καταχώρηση.



# EMBL (1/4)

Η ιστοσελίδα της βάσης δεδομένων EMBL είναι:

<http://www.ebi.ac.uk>

Σύμφωνα με το *Nucleic Acids Research* η EMBL αποδέχεται, επεξεργάζεται και διαθέτει ελεύθερα δεδομένα ακολουθιών από μεμονωμένους ερευνητές, ερευνητικές ομάδες και το Ευρωπαϊκό Γραφείο Διπλωμάτων Ευρεσιτεχνίας

([http://nar.oxfordjournals.org/content/35/suppl\\_1/D16.full](http://nar.oxfordjournals.org/content/35/suppl_1/D16.full)).



# EMBL (2/4)

Databases Tools EBI Groups Training Industry About Us Help Site Index

- ENA home
- Search & browse
- Submit & update
- About ENA

**Text search** **Sequence search**

Enter or paste text or ENA accession number:

Αναζήτηση... Clear Search

EMBL-Bank: Y08235.1 : R.rattus gene encoding metallothionein III

View: [TEXT](#) [FASTA](#) [XML](#) Download: [TEXT](#) [FASTA](#) [XML](#)  
[Overview](#) [Source Feature\(s\)](#) [Other Features](#) [References](#) [Sequence](#) [Send Feedback](#)

Molecule type	Topology	Data class	Sequence length	First public	Last updated
genomic DNA	linear	STD	2185	25-09-1996(Rel 49)	14-11-2006(Rel 89)

**Keywords**  
metalothionein III.

**Navigation**

↑ **Taxon:** [10117](#) Rattus rattus (black rat) [species]  
→ **SVA:** [Y08235](#)

**Overview** [Top](#)

Visible feature range:  -

**Overview** Forward strand 2,185 bp  
Y08235.1

**Features** Forward strand 2,185 bp

1 bp 2,185 bp

Source: Rattus rattus

promoter TATA\_signal CDS exon intron

**Εικόνα 1:** Αναζήτηση μιας κατατεθειμένης ακολουθίας στη βάση EMBL.



# EMBL (3/4)

Source Feature(s) <span style="float: right;">Top</span>	
<b>Source(s)</b>	
↑ Taxon:	<a href="#">10117</a> Rattus rattus (black rat) [species]
source	1..2185
organism	Rattus rattus
strain	Sprague Dawley
clone_lib	lambda fix

Other Features <span style="float: right;">Top</span>	
Visible feature range:	<input type="text" value="1"/> - <input type="text" value="2185"/> <input type="checkbox"/> Show main features only <input type="button" value="Apply"/>
promoter	784..871
TATA_signal	778..784
CDS	join(872..902,1110..1176,2019..2121)
product	metallothionein III
translation	MDPETCPCTGGSCTCSDKCKCKGCKCTNCKKSCCPCPAGCEKCAKDCVCKGEEGAKAEKSCCQ
↓ EMBL-Bank CDS:	<a href="#">CAA69404</a>
⇒ GOA:	<a href="#">P37361</a>
⇒ InterPro:	<a href="#">IPR000006</a> , <a href="#">IPR003019</a> , <a href="#">IPR017854</a> , <a href="#">IPR018064</a>
⇒ UniProtKB/Swiss-Prot:	<a href="#">P37361</a>
exon	<872..902
number	1
exon	1110..1176
number	2
exon	2019..>2121
number	3
intron	903..1109
number	1
intron	1177..2018
number	2

**Εικόνα 2:**  
Πληροφορίες της  
ακολουθίας στη βάση  
EMBL.



# EMBL (4/4)

References [Top](#)

[1] **Structural and functional analysis of the rat metallothionein III genomic locus.**  
Chapman G.A., Kay J., Kille P., Chapman G.A.  
School of Biosciences, Cardiff University, P.O. Box 911, Cardiff CF1 3US, UK.  
Biochim. Biophys. Acta 1445(3): 321-9 (1999)  
[abstract](#)  
[doi](#) [CiteXplore](#)

[2] Chapman G.A.  
Submitted (19-SEP-1996) to the INSDC. G.A. Chapman, University Of Wales, Cardiff, Momed, Biochemistry, Pobox 911, Cardiff, CF1 3US, Wales, UK

[3] Chapman G.A.  
Submitted (17-OCT-1996) to the INSDC. G.A. Chapman, University Of Wales, Cardiff, Momed, Biochemistry, Pobox 911, Cardiff, CF1 3US, Wales, UK

Sequence [Top](#)

Visible sequence range:  -  [Find similar sequences](#)

>ENA|Y08235|Y08235.1 R.rattus gene encoding metallothionein III : Location:1..1000

```
CACCTCCACCCTGAGCCAAATAGGGTGCACCGTCATTAATCCAATAACTCAAAGAGATT
GAAAGTGAAGAGAAACCCTGAATTGAAGTTAGCCCAGCCTGGGGCTACGAGAGGAATTAA
GGAGTTTGGAGATAACTCAAATCTGCAAAATAAATGAGATAAACATAAAATAAACCCAGG
ATTGCGAATGTGCACCTCCTTGGTTGCTCGAATTTGTTCTGCAAGACCCTGTCTCAGTAA
CAGAAGCAACCCTTCTCAAACACTACATCGAGAGAGAAATGGGGGGTGTCTCTGCAAAAT
AGTCTGGGCTAAGGAGGTACCTGTTTCAGGTCTCATAGGAGGGCTTTATATTTTGCCAGGA
AAGGCCATGTGTCTTCCCACCAAGCATGCAAGTCACCCCTCAGGTCACCCCTGTCTTCA
GGATCTTGGGAGCACCTTTGCTGCTGCTGCTGCCGAGATGGTTAGCAGAAGGCTCACTGT
TCAGCATCCTGTTTGGACCAAAGTATCAAGACTTCTGGGATAACCCGGGAGAATTGTGGG
AAAGGGCAACTAATAATCTCTCTCAACTTGCAAAGACGGTATGAGCAGGCACCTTCAA
GAAGCGGCTGCAAGTGGCAAGGGAGTGGACAGCGGGCAGAATAAGCTACTTCGGTCTACG
GTCTTCACTCAGCGGGACTCGGGACACGTCGGCAGTGCACACGCACAGAGAGCAGGC
GCTGTGCGTGCAGGGGGCGGAGCCAAGTGCCTCGTTGCGCGCCCCCGCTGGGGCTAT
AAAAGCCTTGGCCACCTGCTGCCCTAGCTACGCAGCCATCCGCTTGCCTGGAGGAACCTAA
GCTACAGTCTCTCGCGGCTGCTGGCCTGGATATGGACCCTGAGACCTGCCCCCTGCTCTAC
TGGTGCCTCCCTCCTGCTAGCACTTTCGCTTACTGGCAAACCACCTCCTCTGTCTT
CATTCAAGGACGTTTGGGGCGGGTCCAACCACACCCCA
```

Εικόνα 3: Αναφορές της κατατεθειμένης ακολουθίας



# GenBank (1/3)

Το Εθνικό Κέντρο Βιοτεχνολογικής Πληροφόρησης (National Center for Biotechnology Information) (<http://www.ncbi.nih.nlm.gov>) περιλαμβάνει ένα πλήθος βάσεων δεδομένων. Μια από αυτές τις βάσεις είναι η **GenBank**, η οποία αποτελεί μια συλλογή όλων των διαθέσιμων στο κοινό ακολουθιών DNA (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>).

Πληροφορίες για τον τρόπο κατάθεσης μιας ακολουθίας διατίθεται στην ιστοσελίδα:

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/submit>



# GenBank (2/3)

NCBI Resources How To My NCBI Sign In

Nucleotide  
Alphabet of Life

Search: Nucleotide

Limits Advanced search Help

Search Clear

Display Settings: GenBank

Send

Change region shown

Customize view

## R.rattus gene encoding metallothionein III

GenBank: Y08235.1

[FASTA](#) [Graphics](#)

Go to

LOCUS Y08235 2185 bp DNA linear ROD 14-NOV-2006  
DEFINITION R.rattus gene encoding metallothionein III.  
ACCESSION Y08235  
VERSION Y08235.1 GI:1620997  
KEYWORDS metallothionein III.  
SOURCE Rattus rattus (black rat)  
ORGANISM [Rattus rattus](#)  
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;  
Mammalia; Eutheria; Euarchontoglires; Glires; Rodentia;  
Sciurognathi; Muroidea; Muridae; Murinae; Rattus.  
REFERENCE 1  
AUTHORS Chapman,G.A., Kay,J. and Kille,P.  
TITLE Structural and functional analysis of the rat metallothionein III  
genomic locus  
JOURNAL Biochim. Biophys. Acta 1445 (3), 321-329 (1999)  
PUBMED [10366715](#)  
REFERENCE 2  
AUTHORS Chapman,G.A.  
TITLE Direct Submission  
JOURNAL Submitted (19-SEP-1996) G.A. Chapman, University Of Wales, Cardiff,  
Momed, Biochemistry, Pobox 911, Cardiff, CF1 3US, Wales, UK  
REMARK Revised by [3]  
REFERENCE 3 (bases 1 to 2185)  
AUTHORS Chapman,G.A.  
TITLE Direct Submission  
JOURNAL Submitted (17-OCT-1996) G.A. Chapman, University Of Wales, Cardiff,  
Momed, Biochemistry, Pobox 911, Cardiff, CF1 3US, Wales, UK  
COMMENT On Oct 18, 1996 this sequence version replaced gi:[1563750](#).

Analyze this sequence

Run BLAST

Pick Primers

Find in this Sequence

Articles about the Mt3 gene

Metallothionein-3 is expressed in the brain and various peripheral organs of tl [Neurosci Lett. 2008]

Mutation at Glu23 eliminates the neuron growth inhibitory  $\epsilon$  [Biochem Biophys Res Commun. 2006]

Studies on the epitope of neuronal growth inhibitory factor (GIF) w [J Biochem Mol Biol. 2005]

See all...

Reference sequence information

RefSeq mRNA

See reference mRNA sequence for the Mt3 gene (NM\_053968.2).

More about the Mt3 gene

heavy metal binding protein; acts as an inhibitor of neurite sprouting and deficiency may play a role in Alzheimer's disease [RGD]

Also Known As: GIF Mt-3

**Εικόνα 4α:**  
Παράδειγμα μιας  
κατατεθειμένης  
ακολουθίας στην  
GenBank.



# GenBank (3/3)

FEATURES	Location/Qualifiers	ORIGIN
source	1..2185 /organism="Rattus rattus" /mol_type="genomic DNA" /strain="Sprague Dawley" /db_xref="taxon:10117" /clone_lib="lambda fix" 778..784 784..871 join(872..902,1110..1176,2019..2121) /codon_start=1 /product="metallothionein III" /protein_id="CAA69404.1" /db_xref="GI:1620998" /db_xref="GOA:P37361" /db_xref="InterPro:IPR000006" /db_xref="InterPro:IPR003019" /db_xref="InterPro:IPR017854" /db_xref="InterPro:IPR018064" /db_xref="UniProtKB/Swiss-Prot:P37361" /translation="MDPETCPPTGGSTCSDKCKCKGCKTINCKKSCCSCPAGCEK CAKDCVCKGEEGAKAEKSCCQ"	1 cacctccacc ctgagccaaa tagggtgcac cgtcattaat tccaataact caaagagatt 61 gaaagtgaag agaaacctctg aattgaagtt agcccagcct ggggctacga gaggaattaa 121 ggagtttggg gataactcaa atctgcaaaa taaatgagat aaacataaaa taaaccocagg 181 attgcatgtg gcacctcctt ggttgcctga atttgttctg caagaccocct gtctcagtaa 241 cagaagcaac ccttctcaaa actacatcga gagagaatgg ggggggtgtct ctgcaaaaat 301 agtctgggct aaggaggtac ctgttccagg ctcataggag ggctttatat ttggccagga 361 aaggccatgt gtcttccacc caagcatgca agtcaccocct caggtcaccc ctgtccttca 421 ggatcttggg agcacctttg ctgctgctgc tgcagagatg gttagcagaa ggctcactgt 481 tcagcatcct gtttggacca aactgatcaa gacttctggg ataaccggga gaattgtggg 541 aaagggcaat actaattctc tctctcaact tgcaaaagac gtatgagcag gcacctcaa 601 gaagcgggct gcagtgccaa gggagtgac agcgggcaga ataagctact tcggtctacg 661 gtcttacct cagcggggac tcgggacacg tgcgcagtg cacacgcaca gagagcaggc 721 gctgtgctg cgcagggggc ggagccaaat cgtctgttc gcgccccgc ctggggctat 781 aaaagccttg ccacctgctg ccttagctac gcagcgcac cgcttctctg gagaaactaa 841 gctacagtct ctgcggctg ctggcctgga tatggacct gagacctgcc cctgtcctac 901 tggtgccctc ccctcctgct agcactttgc cctttactgg caaacccact ccctgtctt 961 cattcaagga cgtttggggg cgggtccaac cacaccccca tctttaacc cgtgatggtc 1021 caatcttta accocgtgat ggtgataat ttcatttagg tatggggacg ccaggtttcc 1081 ctagtataat tcttctctg cctcttagg tggttctgc acctgctcgg acaaatgcaa 1141 atgcaagggc tgcaaatgca cgaactgcaa gaagagtaag tgcaccccca cccccacca 1201 ctcccacccc cctccataac ctccagccgc acccaccoca ccctcaccag aactatgta 1261 tgcaagcct cctgcatgca gaccttcaga tacaggaggc attgcagccg gtgttaatta 1321 acacagtgta aggggagata ttttgatgaa ttcocagaag ctattaaagg tagctgattt 1381 gagagctaag ccctgctca agccccgcct ttttctcagtg cctggggatc cccaagcaag 1441 aatcgggggc ggggggggtg tcagctttaa agttgtagt ccttggctct tctcaggcct 1501 tgtgggtctc ctcaattagc tctttocaga actcaacaat ataatacct tggggtagg 1561 tgtagaggtg agaccaatgc tcttctctc tgagtgtggc tatgcataga tctacgaat 1621 ttgctggcct caacattatc cctgcccctc ccctgctgca actcccctct caaatacctt 1681 tcacattggt ctgccttctc cttgagacct aattctccct ctggcccagg cctgagccca 1741 gcattcccaa gggattccct agcaccacc caagaagctg tgggctagt accaggggca 1801 ctctctactg agaccagca gccactgag taccatagac gctgagtcag acctgatgtg 1861 gcagtatgaa gggagagcca cctgtcctg gcaaacctg atgactctcc atccacccc 1921 ccccccaata ctgcttttcc ctctcctttg atggagacag atgctggcac cagactgggc 1981 acacatccac ccacccacct acccatttta tctccaggct gctgctcctg ttgccctgca 2041 ggatgtgaga agtggtccaa ggaactgtgt tgcaaggcg aagagggggc caagggccag 2101 aaatgcagct gctgccagtg aggactccca cacagcctat gtgaatagt ctgctgtctc 2161 ctgggtgggc gggctgttg cccc
<a href="#">TATA signal promoter</a>		
<a href="#">CDS</a>		
<a href="#">exon</a>	<872..902 /number=1	
<a href="#">intron</a>	903..1109 /number=1	
<a href="#">exon</a>	1110..1176 /number=2	
<a href="#">intron</a>	1177..2018 /number=2	
<a href="#">exon</a>	2019..>2121 /number=3	

Εικόνα 4β: Παράδειγμα μιας κατατεθειμένης ακολουθίας στην GenBank.





# DDBJ

Η DDBJ είναι η τρίτη νουκλεοτιδική βάση δεδομένων, η οποία συλλέγει δεδομένα νουκλεοτιδικών ακολουθιών. Η επίσημη ιστοσελίδα της συγκεκριμένης βάσης δεδομένων είναι: <http://www.ddbj.nig.ac.jp>



# PubMed

Η PubMed (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/>) περιλαμβάνει περισσότερες από 24 εκατομμύρια αναφορές που αφορούν στη βιοϊατρική βιβλιογραφία από το MEDLINE, περιοδικά με θέμα την επιστήμη της ζωής και ηλεκτρονικά βιβλία.



# Στρατηγικές αναζήτησης (1/2)

**Για τα περισσότερα πειράματα  
έχουν αναπτυχθεί, μέχρι σήμερα  
ποικίλα αξιόπιστα πρωτόκολλα**

**Υπάρχει όμως κάποιο  
πρωτόκολλο αναζήτησης  
σε Βάσεις Δεδομένων?**



# Στρατηγικές αναζήτησης (2/2)

## ΔΥΟ ΤΡΟΠΟΙ ΑΝΑΖΗΤΗΣΗΣ ΣΕ ΒΑΣΕΙΣ ΔΕΔΟΜΕΝΩΝ

✓ Αναζήτηση με λέξεις κλειδιά – *text based*

Ψάχνοντας στα πεδία των καταχωρήσεων (annotations)

✓ Αναζήτηση με βάση την ακολουθία –  
*sequence based*

Αναζήτηση χρησιμοποιώντας την ακολουθία (Blast, FastA)



# Στρατηγικές αναζήτησης – Με λέξεις κλειδιά (1/4)

## Αναζήτηση με λέξεις κλειδιά

- ⊙ Οι περισσότερες Βάσεις Δεδομένων επιτρέπουν την αναζήτηση με λέξεις κλειδιά. Με τον τρόπο αυτό είναι δυνατή η αναζήτηση πολλών πεδίων μιας καταχώρησης.
- ⊙ Τα αποτελέσματα δίνονται υπό μορφή συνδέσεων (links) στις καταχωρήσεις που περιέχουν πληροφορίες που πληρούν τα κριτήρια της αναζήτησης.
- ⊙ Τα διαφορετικά συστήματα αναζήτησης διαφέρουν ως προς τις βάσεις στις οποίες αναζητούν απαντήσεις και τις συνδέσεις που παρέχουν σε άλλες πληροφορίες.



# Στρατηγικές αναζήτησης – Με λέξεις κλειδιά (2/4)

Σε κάποιες περιπτώσεις, γνωρίζουμε την «ταυτότητα» της επιθυμητής ακολουθίας (ACCESSION number, entryname).

Πολλές φορές γνωρίζουμε το accession number μιας ακολουθίας από την δημοσιευμένη εργασία στην οποία περιγράφηκε.



# Στρατηγικές αναζήτησης – Με λέξεις κλειδιά (3/4)

## Παράδειγμα αναζήτησης με βάση το Accession number

➤ Accession number ακολουθίας της *Drosophila auraria*:

**U75687**

The heat-shock gene hsp83 of *Drosophila auraria*: genomic organization, nucleotide sequence, and long antiparallel coupled ORFs (LAC ORFs). Konstantopoulou and Scouras 1998.

➤ Εισαγωγή του accession number στη μηχανή αναζήτησης της βάσης δεδομένων της EMBL ([www.ebi.ac.uk](http://www.ebi.ac.uk))

➤ Εξαγωγή αποτελεσμάτων για τη συγκεκριμένη ακολουθία (νουκλεοτιδική ακολουθία, πρωτεΐνη που πιθανόν κωδικοποιεί)



# Στρατηγικές αναζήτησης – Με λέξεις κλειδιά (4/4)

## Παράδειγμα αναζήτησης με βάση το όνομα του οργανισμού

- Όνομα οργανισμού: *Drosophila auraria*
  - Εισαγωγή του ονόματος του οργανισμού στη μηχανή αναζήτησης της βάσης δεδομένων της GenBank <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
  - Επιλογή για αναζήτηση σε όλες τις βάσεις δεδομένων
  - Εξαγωγή όλων των αποτελεσμάτων που είναι διαθέσιμα για τον συγκεκριμένο οργανισμό
- ☞ Εναλλακτικά μπορούμε να επιλέξουμε μια μόνο βάση δεδομένων (π.χ. Taxonomy, για εύρεση της ταξινόμησης του είδους)





# GOLD

## Η Genomes OnLine Database (GOLD)

(<https://gold.jgi-psf.org/>), παρέχει ολοκληρωμένη πρόσβαση σε προγράμματα αλληλούχισης γονιδιωμάτων και μεταγονιδιωματικής, καθώς επίσης και στα σχετικά μεταδεδομένα.



# Αναζήτηση βάσεων δεδομένων

Google  Αναζήτηση [Σύνθετη Αναζήτηση](#) [Ρυθμίσεις](#)  
Αναζήτηση:  στον ιστό  σελίδες γραμμένες στα Ελληνικά  σελίδες από Ελλάδα

Ιστός Αποτελέσματα 1 - 10 από περίπου 145.000 για **allintitle: "genome database"**. (0,28 δευτερόλεπτα)

## [The GDB Human Genome Database](#)

The GDB Human **Genome Database**. The Official World-Wide Database for the Annotation of the Human Genome Hosted by RTI International ...

[gdbwww.gdb.org/](http://gdbwww.gdb.org/) - 18k - [Αποθηκευμένη Σελίδα](#) - [Παρόμοιες σελίδες](#)

## [Saccharomyces Genome Database](#)

... The Saccharomyces **Genome Database** (SGD TM ) project is funded as a National Genomic Resource by the National Human Genome Research Institute at the US National ...

[www.yeastgenome.org/](http://www.yeastgenome.org/) - 22k - 19 Φεβ 2005 - [Αποθηκευμένη Σελίδα](#) - [Παρόμοιες σελίδες](#)

## [Rat Genome Database](#)

the rat **genome database** contains rat genomic data such as genes,sslps,ests,qtlis, strains,rhmap,sequences and tools such as vcmmap,genome scanner, rhmap server ...

[rgd.mcw.edu/](http://rgd.mcw.edu/) - 38k - [Αποθηκευμένη Σελίδα](#) - [Παρόμοιες σελίδες](#)

## [RatMap: The Rat Genome Database. RatMap](#)

Objective The Rat **Genome Database** RatMap is focused on presenting rat genes, DNA-markers, QTL:s etc that is localized to chromosome. ...

[ratmap.gen.gu.se/](http://ratmap.gen.gu.se/) - 15k - 19 Φεβ 2005 - [Αποθηκευμένη Σελίδα](#) - [Παρόμοιες σελίδες](#)

## [Comprehensive Yeast Genome Database](#)

The MIPS Comprehensive Yeast **Genome Database** (CYGD) aims to present information on the molecular structure and functional network of the entirely sequenced ...

[mips.gsf.de/proj/yeast/CYGD/db/](http://mips.gsf.de/proj/yeast/CYGD/db/) - 26k - [Αποθηκευμένη Σελίδα](#) - [Παρόμοιες σελίδες](#)

## [GOBASE - The Organelle Genome Database](#)

GOBASE is a taxonomically broad organelle **genome database** that organizes and integrates diverse data related to mitochondria and chloroplasts. ...

[megasun.bch.umontreal.ca/gobase/gobase.html](http://megasun.bch.umontreal.ca/gobase/gobase.html) - 6k - [Αποθηκευμένη Σελίδα](#) - [Παρόμοιες σελίδες](#)

## [MBGD: Microbial Genome Database for Comparative Analysis](#)

Microbial **Genome Database** for Comparative Analysis. National Institute for Basic Biology, National Institutes of Natural Sciences. ...

[mbgd.genome.ad.jp/](http://mbgd.genome.ad.jp/) - 31k - 19 Φεβ 2005 - [Αποθηκευμένη Σελίδα](#) - [Παρόμοιες σελίδες](#)

## [The Korea Rice Genome Database](#)

The Korea Rice **Genome Database**. The Korea Rice **Genome Database** WWW Server

**Εικόνα 5: Αναζήτηση βάσεων δεδομένων.** Υπάρχει ένας πολύ μεγάλος αριθμός βάσεων. Σε πολλές περιπτώσεις υπάρχει μια βάση δεδομένων για έναν οργανισμό.



# SGD

Η βάση δεδομένων *Saccharomyces* Genome Database (SGD) ([www.yeastgenome.org/](http://www.yeastgenome.org/)) παρέχει ολοκληρωμένες πληροφορίες για το ζυμομύκητα *Saccharomyces cerevisiae*, μαζί με εργαλεία για την αναζήτηση και την ανάλυση των δεδομένων που παρέχει.



# RGB

Η Rat Genome Database (RGB) (<http://rgd.mcw.edu/>), είναι μια βάση δεδομένων η οποία έχει ως στόχο τη συλλογή, την ενοποίηση και την ενσωμάτωση των δεδομένων που προκύπτουν από τις συνεχιζόμενες ερευνητικές προσπάθειες στον τομέα της γενετικής και γονιδιωματικής στον αρουραίο.



# FlyBase

Η FlyBase (<http://flybase.org/>), είναι μια βάση δεδομένων η οποία περιλαμβάνει τα γονιδιώματα και τα χαρακτηρισμένα γονίδια της *Drosophila*.



# OMIM

Η OMIM (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/omim>), είναι μια ολοκληρωμένη, έγκυρη συλλογή των ανθρώπινων γονιδίων που είναι ελεύθερα διαθέσιμη και ενημερώνεται καθημερινά.



# REBASE

Η REBASE (<http://rebase.neb.com/rebase/rebase.html>) είναι μια βάση δεδομένων για τα ένζυμα περιορισμού. Περιλαμβάνει πληροφορίες για κάθε ένζυμο περιορισμού, όπως τις θέσεις αναγνώρισής του, τον οργανισμό από τον οποίο απομονώθηκε κλπ.



# Στρατηγικές αναζήτησης – Με βάση μια ακολουθία (1/3)

Ένα από τα πιο δυνατά εργαλεία της μοριακής βιολογίας είναι η σύγκριση νουκλεοτιδικών και πρωτεϊνικών αλληλουχιών από τον ίδιο ή διαφορετικούς οργανισμούς

Εύρεση ομοιότητας  
(ομολογίας) μεταξύ  
αλληλουχιών

Λειτουργία γονιδίων  
που μελετούνται για  
πρώτη φορά

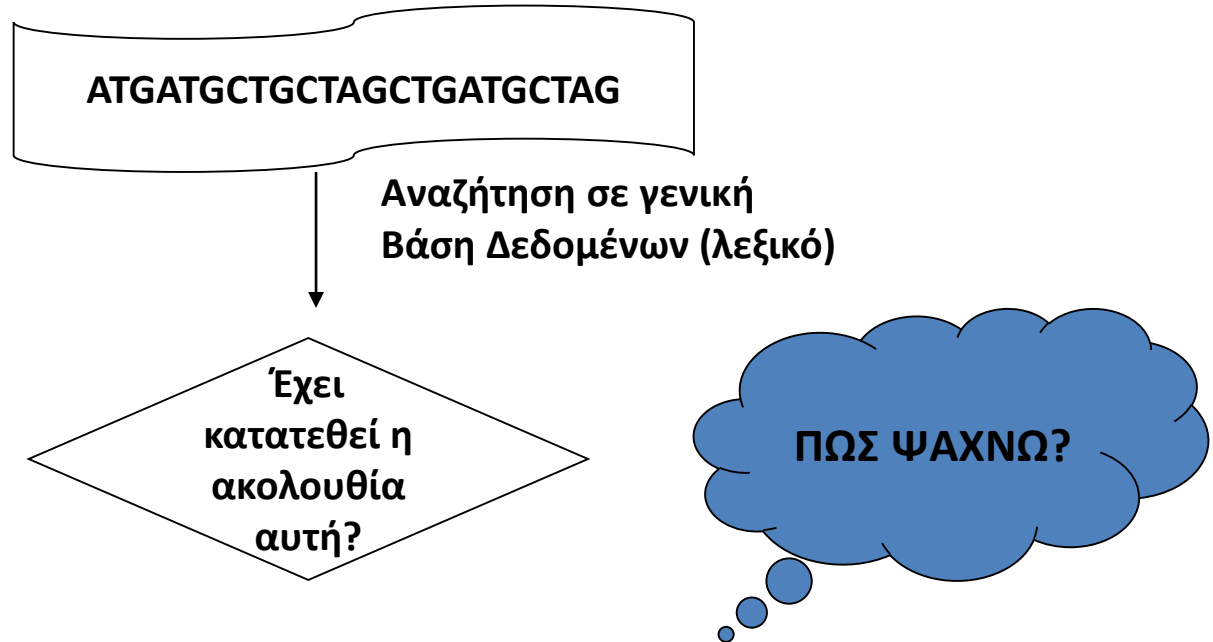
Πρόβλεψη νέων μελών  
μιας οικογένειας γονιδίων  
/ πρωτεϊνών

Αναζήτηση εξελικτικών σχέσεων





# Στρατηγικές αναζήτησης – Με βάση μια ακολουθία (2/3)



Για την αναζήτηση με βάση μια ακολουθία (sequence – based search) απαιτείται κατάλληλο πρόγραμμα αναζήτησης, μέσω του οποίου θα βρεθούν αλληλουχίες ομόλογες με την εξεταζόμενη (query sequence)

BLAST

FastA



# Στρατηγικές αναζήτησης – Με βάση μια ακολουθία (3/3)

Και τα δυο προγράμματα:

- ✓ Πραγματοποιούν «τοπικές» ευθυγραμμίσεις
- ✓ Αποτελούν οικογένεια προγραμμάτων (καθένα συγκρίνει την ακολουθία μας με άλλες ακολουθίες με διαφορετικό τρόπο, π.χ. DNA vs DNA, DNA vs protein κλπ)

Η επιλογή του προγράμματος δεν είναι πάντα εύκολη (απαιτείται εμπειρία κι εξαρτάται από τον τύπο της ακολουθίας που εξετάζουμε κάθε φορά)

Συνίσταται αρχικά η χρήση του προγράμματος BLAST  
*Γρήγορα και αρκετά αξιόπιστα αποτελέσματα.*

Αν τα αποτελέσματα δεν είναι ικανοποιητικά μπορούμε να  
χρησιμοποιήσουμε το πρόγραμμα FastA.



# BLAST (1/7)

## Basic Local Alignment Search Tool

S.F.Altschul, W.Gish, W.Miller, E.W.Myers, and D.J.Lipman *J. Mol. Biol.* 1990,  
*Vol 215, p 403-410*

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>



# BLAST (2/7)

## Sequence Alignment with BLAST

Αλγόριθμος με τον οποίο μια αλληλουχία ευθυγραμμίζεται με αλληλουχίες σε μια βάση δεδομένων

Χρησιμοποιούνται στατιστικές μέθοδοι για να αξιολογήσουν τη σημασία / σημαντικότητα των αποτελεσμάτων (matches)

Τα αποτελέσματα (όλες οι ακολουθίες που περιλαμβάνονται στις βάσεις δεδομένων και εμφανίζουν κάποια ομοιότητα / ομολογία με την ακολουθία μας ) εμφανίζονται με σειρά σημαντικότητας, όπως αυτή έχει υπολογιστεί από τις στατιστικές μεθόδους



# BLAST (3/7)

**Το BLAST δημιουργεί αρχικά ένα πίνακα (look-up table) με όλες τις λέξεις (“words”, μικρές επιμέρους ακολουθίες, συνήθως με μήκος 3 γράμματα για πρωτεΐνες) και με τις γειτονικές λέξεις. Η βάση δεδομένων ανιχνεύεται στη συνέχεια για αυτά τα “hot spots”.**

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK62051/?report=reader>

**Όταν αναγνωρίζεται ένα ταίριασμα («match»), χρησιμοποιείται για την εισαγωγή κενών και την επέκτασή τους, ώστε να επιτευχθεί η βέλτιστη ευθυγράμμιση.**

**Ο αλγόριθμος περιγράφεται και στην εικόνα της ιστοσελίδας: <http://www.cbi.pku.edu.cn/docs/faq/BlastSpecifics.html>**



# BLAST (4/7)

Εφόσον το πρόγραμμα BLAST που επιλέξαμε βρήκε μια αλληλουχία όμοια με αυτήν που μελετάμε σε κάποια βάση δεδομένων, θα πρέπει να εξετάσουμε αν η ευθυγράμμιση είναι «καλή», αν αντιπροσωπεύει μια βιολογική συσχέτιση, ή αν η παρατηρούμενη ομοιότητα είναι τυχαίο αποτέλεσμα.

Το πρόγραμμα BLAST χρησιμοποιεί κάποια στατιστικά στοιχεία για να υπολογίσει δυο τιμές:

1) bit score

2) expect value (E-value)

για την ευθυγράμμιση κάθε ζεύγους ακολουθιών  
αλληλουχία προς μελέτη - όμοια αλληλουχία στη Βάση Δεδομένων  
(*query*) (hit / *subject*)



# BLAST (5/7)

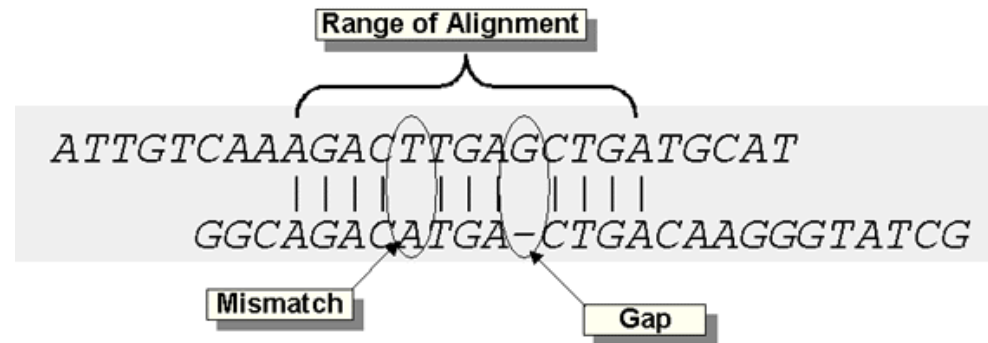
Η τιμή bit score αποτελεί ένδειξη της ποιότητας της ευθυγράμμισης.

Όσο **μεγαλύτερη** η τιμή του score, τόσο **καλύτερη** η ευθυγράμμιση.

Η τιμή αυτή υπολογίζεται με βάση έναν μαθηματικό τύπο που λαμβάνει υπόψη:

1) Την ευθυγράμμιση ίδιων ή παρόμοιων στοιχείων (νουκλεοτιδίων, αμινοξέων)

2) Την εισαγωγή κενών



**Εικόνα 6:** Υπολογισμός ποιότητας ευθυγράμμισης.

$$S = \sum(\text{identities, mismatches}) - \sum(\text{gap penalties})$$

$$\text{Score} = \text{Max}(S)$$

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK62051/?report=reader>



# BLAST (6/7)

$$S = \Sigma(\text{identities, mismatches}) - \Sigma(\text{gap penalties})$$

**Σε γενικές γραμμές:**

Αποδίδουμε μια μεγάλη ποινή για κάθε gap που ανοίγουμε και μια πιο μικρή ποινή για επέκταση του κενού αυτού.

Στον υπολογισμό του score παίζει ρόλο η **μήτρα αντικατάστασης** (substitution matrix), η οποία αποδίδει μια τιμή για κάθε πιθανή ευθυγράμμιση δυο στοιχείων.

Ένα παράδειγμα μήτρας αντικατάστασης παρουσιάζεται στην ιστοσελίδα:

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK62051/?report=reader>





# BLAST (7/7)


Η τιμή E αποτελεί μέτρο της στατιστικής σημασίας των αποτελεσμάτων.

Φανερώνει τον αριθμό των αποτελεσμάτων που «περιμένει» να βρει κάποιος, *τυχαία*, όταν ψάχνει σε μια Βάση Δεδομένων.

Όσο πιο **μικρή** η τιμή E (E-value), τόσο **μεγαλύτερη η σημασία** του αποτελέσματος. Π.χ. η τιμή E-value = 0.05 για μια ευθυγράμμιση της ακολουθίας μας με την ακολουθία X σημαίνει ότι η ομοιότητα αυτή έχει πιθανότητα 5 στα 100 (ή 1/20) να οφείλεται στην τύχη.

Το μονοπάτι (threshold) της τιμής E μπορεί να αυξηθεί ή να μειωθεί, ανάλογα με τον επιθυμητό βαθμό αυστηρότητας της αναζήτησης.

E-value  αυστηρή αναζήτηση

E-value  χαλαρή αναζήτηση



# Τύποι BLAST (1/2)

## ➤ BLASTN (nucleotide)

- Συγκρίνει μια ακολουθία DNA με ακολουθίες σε DNA Βάσεις Δεδομένων
- Σαρώνει αυτόματα και τις δυο αλυσίδες

## ➤ BLASTP (protein)

- ✓ Συγκρίνει μια πρωτεϊνική αλληλουχία με ακολουθίες σε πρωτεϊνική Βάση Δεδομένων



# Τύποι BLAST (2/2)

## ➤ BLASTX

- Μεταφράζει μια νουκλεοτιδική αλληλουχία στα έξι πιθανά αναγνωστικά πλαίσια (frames - τρία για κάθε αλυσίδα)
- Συγκρίνει κάθε μια από τις πιθανές μεταφράσεις με ακολουθίες σε πρωτεϊνική Βάση Δεδομένων

## ➤ TBLASTN

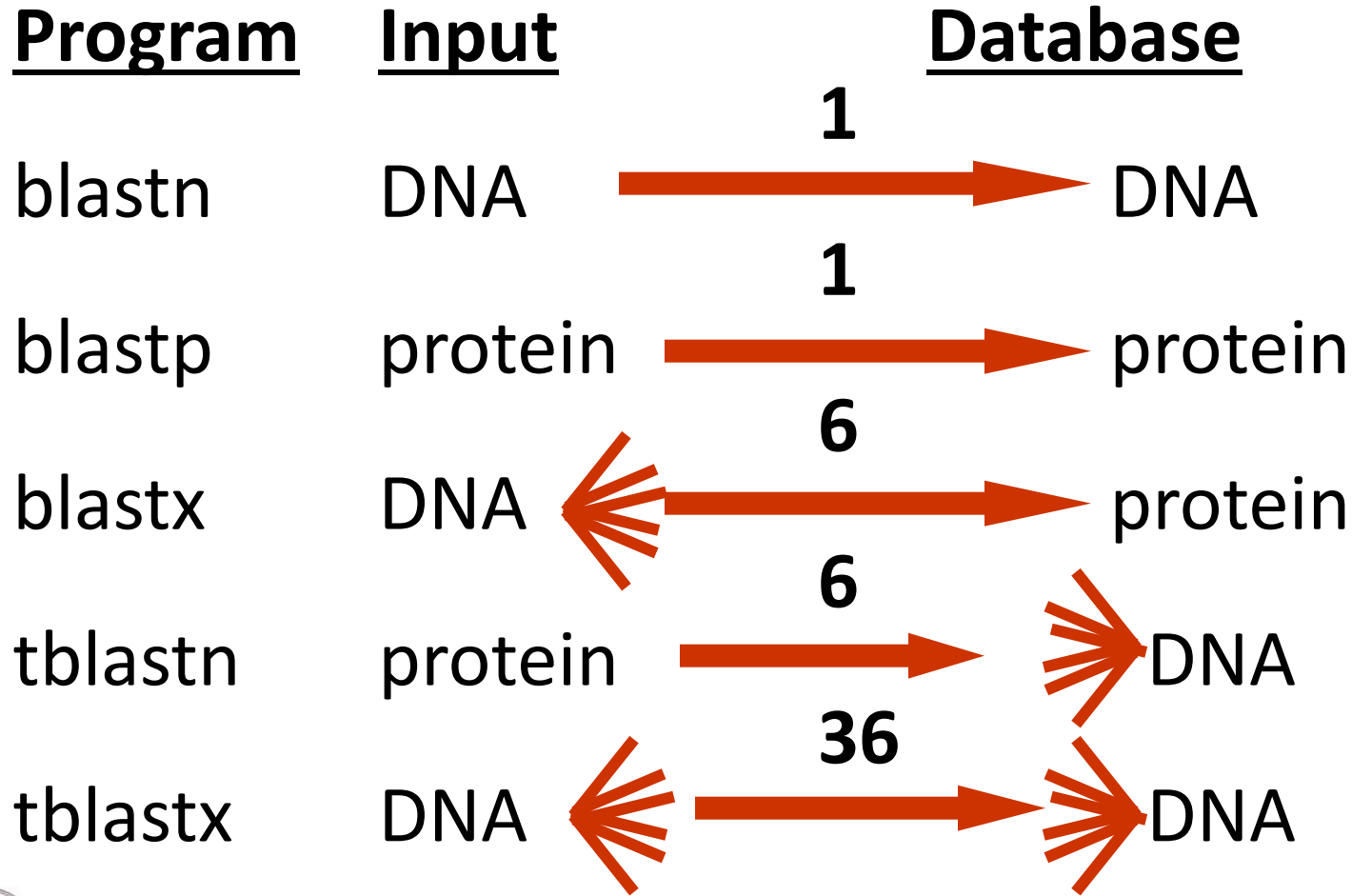
- Μεταφράζει τις ακολουθίες μιας Βάσης Δεδομένων στα 6 πιθανά αναγνωστικά πλαίσια
- Συγκρίνει την υπό μελέτη πρωτεϊνική ακολουθία με κάθε μια από τις πιθανές μεταφράσεις

## ➤ TBLASTX

- Μεταφράζει την υπό μελέτη νουκλεοτιδική αλληλουχία στα έξι πιθανά αναγνωστικά πλαίσια
- Μεταφράζει μια νουκλεοτιδική Βάση Δεδομένων στα έξι πιθανά frames
- Συγκρίνει όλους τους πιθανούς συνδυασμούς μεταξύ τους (ισοδύναμο με 36 BLASTP αναζητήσεις)



# Επιλέγοντας το πρόγραμμα BLAST



# Έξι πιθανά frames στη μετάφραση

5' CAC CTC  
H L  
5' ACC TCC  
T S  
5' CCT CCA  
P P

5' CACCTCCACCCTGAGCCAAATAGGGTGCACCGTCATTAATTCCAATAACTCAAAGAGATT 3'  
3' GTGGAGGTGGGACTCGGTTTATCCACGTGGCAGTAATTAAGGTTATTGAGTTTCTCTAA 5'

5' AAT CTC  
5' ATC TCT  
5' TCT CTT



# Τέσσερα βασικά βήματα πριν μια αναζήτηση BLAST (1/4)

>my sequence

```
atgcctgaggaagcagagaccttcgctttccaggctgagatcgctcagctgatgtcgtgatcatcaacacatttactcgaacaaggagatcttct  
gcgaggttgatctgaacgctccgatgctctggacaagatccgctacgagtcgctgactgaccccagcaagcttgactctggcaaggagctgtac  
atcaagctcattccaacaagacggccggcacgctgaccatcatcgataccggtatcgcatgaccaagtccgatttggtaacaacctgggaacc  
atcgccaagtctggcaccgaaggcgttcatggaggctctgcaggccggcgccgacatttccatgatcgggtcagttcgggtgtgggttttactccgctac  
ttggtcgccgacaaggtagctgtcacctcgaagaacaacgatgacgagcagtagatctgggagtcgtctgccggcggttcttaccctgctgcgctg  
acaactctgagcctctggccgaggaccaagatcgttctgtacatcaaggaggatcagaccgattaccttgaggagagcaagatcaaggagatcgt  
gaacaagcactcgagttcatcgctatcccatcaagctgctcgtcgagaaggagcgcgagaaggaggtcagcgacgatgaggctgatgatgaca  
agaaggaggacgagaagaaggagatggacaccgatgagcccaagatcgaggatggtggcgaagatgaggatgaggatgaggatgaggatgaggatgaggat  
gccaagaagaagaagaccatcaaggagaagtaaccgaggatgaggagctgaacaagaccaagccatctggactcgaaccccgatgatct  
cccaggaggaatacggcgagttctacaagtctctgaccaacgactgggaggaccatttggcgtgaagcacttctcgggtggagggacagttggagt  
ccgctctgctcttcatccccgctgcacccccttctgatctgttcgagaacaaagaagcgaacaacatcaagctctacgtgcgcccgtgttcat  
catggacaactgcgaggatctcattcccgagtactgaacttcatcaagggcgtggctgactctgaggatctgcctctgaacatctcccgtgagatgt  
gcagcagaacaaggtgctgaaggtgatccgcaagaacttggtaagaagaccatggagctgatcaggagctgaccgaggacaaggagaactac  
aagaagttctacgaccagttcagcaagaaccttaagctgggctgcacgaggacagcaacaaccgccaagctggccgatttcttgcctccac  
acctccgctctggcgacgatttctgctccctgtccgactacgtgtcgcgcatgaaggagaaccagaagcacgttacttcatcactggcgagtcca  
ggatcaggtcagcaactctgccttctgaggcgcgtcaaggcccggcttcgaggtcgtctacatgaccgagccatcgtgatgacgtcatccag  
catctgaaggagtagaaggcaagcagctgggtgtccgtaccaaggagggtctggagctgccgaagacgatgccgagaagaagaagcgcgagg  
aggacaaggccaagttcagagcctgtgcaagctgatgaatgccattctggacaacaaggtcgagaaggtcgtggtctcgaaccgtctggtcact  
ctccctgctgcatcgtcacctcgcagttcggctggtccccaacatggagcgcacatgaaggctcaggctctcgggacaccgccacatgggctac  
atggccggtagaagcagctggagattaaccccgatccccattgtggagactctgcgcagaaggccgatgaggataagaacgataaggccgt  
caaggatctggtcatcctgctgttcgagacctcgtcgtctcatctggcttctctggacagccccagggtgcacgcccagccgatctatcgcgatgat  
aagctgggtctgggcatcgacgaggacgaccgatgaccaccgaggatgccagagcgcggcgatgccccctcgtggttggaggacaccgagga  
cgcttcccatgaggaggtcgattaa
```

(1). Επιλογή της  
ακολουθίας



# Τέσσερα βασικά βήματα πριν μια αναζήτηση BLAST (2/4)

(2). Από την ιστοσελίδα:

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> επιλέγεται το  
πρόγραμμα **BLAST**

Στη συνέχεια επιλέγεται ένας από τους 5 τύπους  
του BLAST

(<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)



# Τέσσερα βασικά βήματα πριν μια αναζήτηση BLAST (3/4)

(3). Εισαγωγή της ακολουθίας (plain text, Fasta format, Accession Number)

([http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE\\_TYPE=BlastSearch&LINK\\_LOC=blasthome](http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome)).

Γίνεται επιλογή της βάσης δεδομένων

- **nr = non-redundant (most general database)**
- **est = database of expressed sequence tags**
- **dbsts = database of sequence tag sites**
- **htgs = high throughput genomic sequence**
- **pat= patents**
- **etc...**





# Τέσσερα βασικά βήματα πριν μια αναζήτηση BLAST (4/4)

(4). Επιλογή βέλτιστων παραμέτρων,

[http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE\\_TYPE=BlastSearch&LINK\\_LOC=blasthome](http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome)

Και τέλος



**BLAST**



# Κλασική αναφορά BLAST (1/7)

## ΤΕΣΣΕΡΑ ΒΑΣΙΚΑ ΤΜΗΜΑΤΑ

- (1) Η επικεφαλίδα :** περιλαμβάνει στοιχεία για την ακολουθία, το πρόγραμμα που χρησιμοποιήθηκε και τις Βάσεις στις οποίες έγινε η αναζήτηση
- (2) Γραφική απεικόνιση των αποτελεσμάτων (hits) σε σχέση με την ακολουθία προς ανάλυση**
- (3) Λίστα των όμοιων προς την ακολουθία μας ακολουθιών με άμεση σύνδεση στην καταχώρηση της GenBank**
- (4) Την ευθυγράμμιση της ακολουθίας μας με τις όμοιες ακολουθίες που βρέθηκαν μέσα στη Βάση δεδομένων**



# Κλασική αναφορά BLAST (2/7)

BLAST® Basic Local Alignment Search Tool

Home Recent Results Saved Strategies Help

NCBI/ BLAST/ blastn suite/ Formatting Results - 6212DVMS015

Edit and Resubmit Save Search Strategies Formatting options Download

my sequence **The BLAST report header**

RID [6212DVMS015](#) (Expires on 11-12 01:30 am) Request ID

Query ID |cl|13427

Description my sequence Η ακολουθία που χρησιμοποιήθηκε

Molecule type nucleic acid

Query Length 2151

Other reports: Search Summary Taxonomy reports Distance tree of results

Οι Βάσεις Δεδομένων που χρησιμοποιήθηκαν στην αναζήτηση

Database Name	nr
Description	Nucleotide collection (nt)
Program	BLASTN 2.2.30+ Citation

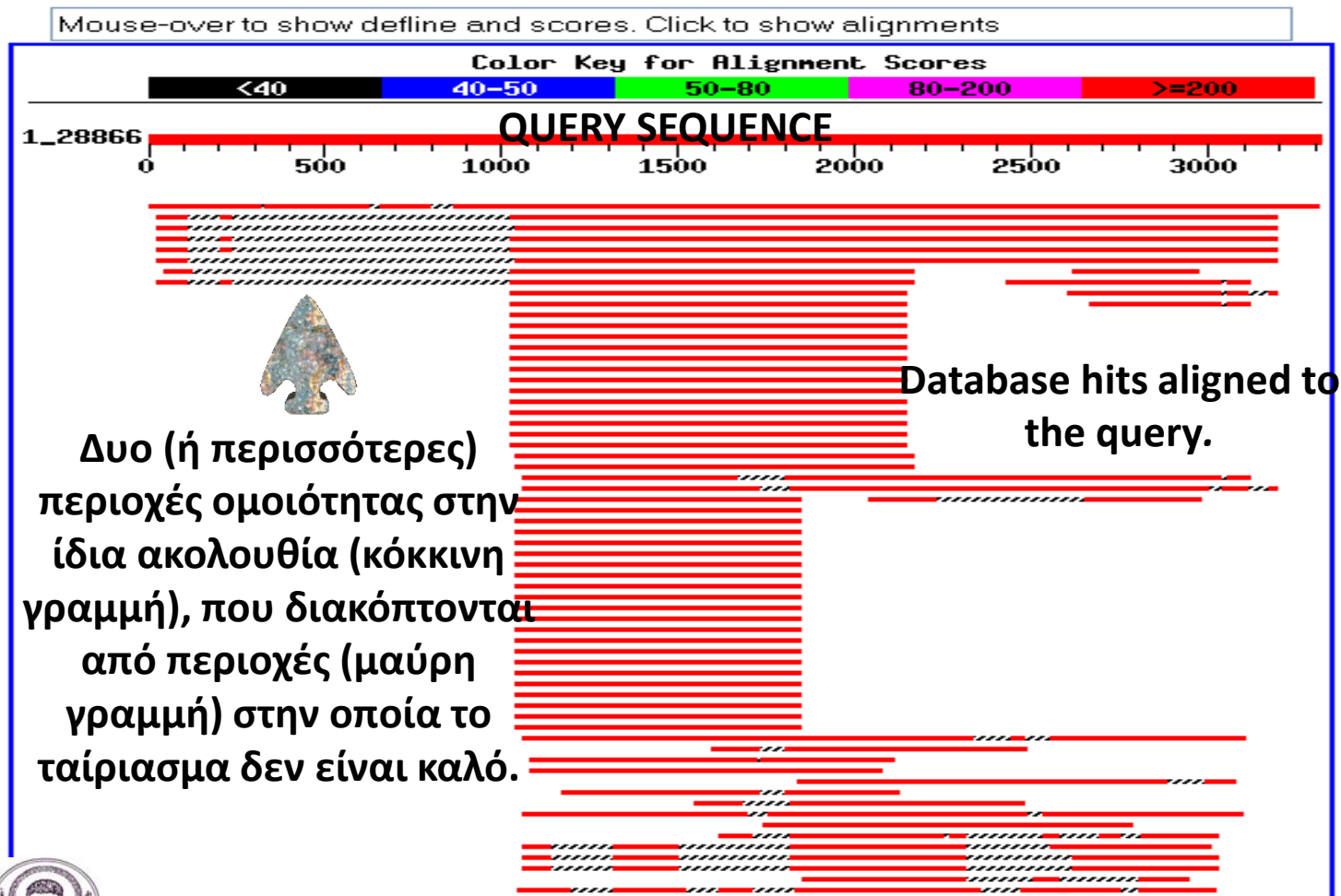
Ο τύπος του προγράμματος που χρησιμοποιήθηκε

**Εικόνα 7:** Η επικεφαλίδα της αναφοράς BLAST για την ακολουθία που εισάγαμε.



# Κλασική αναφορά BLAST (3/7)

## Distribution of 200 Blast Hits on the Query Sequence



Εικόνα 8:  
Γραφική απεικόνιση των αποτελεσμάτων του BLAST.



# Κλασική αναφορά BLAST (4/7)

## Distribution of 200 Blast Hits on the Query Sequence

X03810 Drosophila melanogaster gene for heat shock protein hsp 82..S=2962 E=0.0

Color Key for Alignment Scores

<40

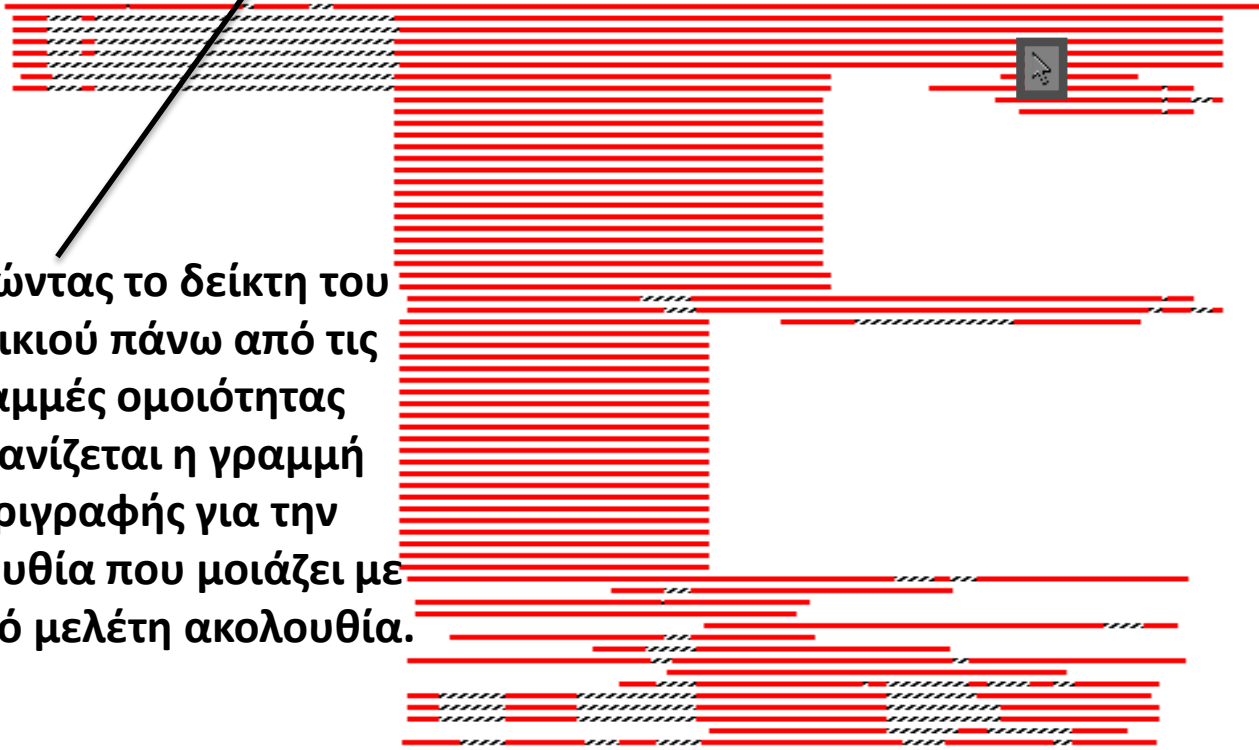
40-50

50-80

80-200

>=200

1\_28866  
0 500 1000 1500 2000 2500 3000



Περνώντας το δείκτη του ποντικιού πάνω από τις γραμμές ομοιότητας εμφανίζεται η γραμμή περιγραφής για την ακολουθία που μοιάζει με την υπό μελέτη ακολουθία.

Εικόνα 9: Γραφική απεικόνιση των αποτελεσμάτων BLAST - γραμμή περιγραφής της ακολουθίας που μοιάζει με την υπό μελέτη ακολουθία.



# Κλασική αναφορά BLAST (5/7)



Sequences producing significant alignments:  
(Click headers to sort columns)

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident	Links
<a href="#">U75687.1</a>	Drosophila auraria heat shock protein 83 (hsp83) gene, complete cds	<a href="#">3880</a>	3880	100%	0.0	100%	
<a href="#">AY122080.1</a>	Drosophila melanoqaster AT20544 full insert cDNA	<a href="#">3135</a>	3135	100%	0.0	92%	<a href="#">UG</a>
<a href="#">X03810.1</a>	Drosophila melanoqaster gene for heat shock protein hsp 82	<a href="#">3135</a>	3135	100%	0.0	92%	<a href="#">EG</a>
<a href="#">AE014296.4</a>	Drosophila melanoqaster chromosome 3L, complete sequence	<a href="#">3130</a>	3130	100%	0.0	92%	<a href="#">E</a>
<a href="#">NM_079175.2</a>	Drosophila melanoqaster Heat shock protein 83 CG1242-RA (Hsp83),	<a href="#">3130</a>	3130	100%	0.0	92%	<a href="#">UG</a>
<a href="#">AC097725.2</a>	Drosophila melanoqaster 3L BAC RP98-48E19 (Roswell Park Cancer I	<a href="#">3130</a>	3130	100%	0.0	92%	
<a href="#">XM_001353435.1</a>	Drosophila pseudoobscura GA11622-PA (Dpse\Hsp83) mRNA, partial	<a href="#">2872</a>	2872	99%	0.0	89%	<a href="#">G</a>
<a href="#">EF035454.1</a>	Drosophila buzzatii heat shock protein 83 gene, complete cds	<a href="#">2617</a>	2617	100%	0.0	86%	
<a href="#">EF584332.1</a>	Lucilia cuprina Hsp90 gene, complete cds	<a href="#">2342</a>	2342	100%	0.0	84%	
<a href="#">XM_308800.4</a>	AGAP006958-PA (AqaP AGAP006958) mRNA, complete cds	<a href="#">2305</a>	2305	99%	0.0	83%	<a href="#">G</a>
<a href="#">L47285.1</a>	Anopheles albimanus heat shock protein gene (hsp82) genes, comple	<a href="#">2266</a>	4518	99%	0.0	83%	
<a href="#">XM_001649702.1</a>	Aedes aegypti strain Liverpool chromosome 2	<a href="#">2156</a>	2156	99%	0.0	82%	<a href="#">UG</a>
<a href="#">XM_001655592.1</a>	Aedes aegypti strain Liverpool	<a href="#">2150</a>	2150	99%	0.0	82%	<a href="#">UG</a>
<a href="#">AB214972.1</a>	Plutella xylostella hsp90 mRNA for heat shock protein 90, complete cc	<a href="#">2147</a>	2147	99%	0.0	82%	
<a href="#">XM_001655591.1</a>	Aedes aegypti strain Liverpool	<a href="#">2114</a>	2114	99%	0.0	81%	<a href="#">UG</a>
<a href="#">AJ890081.1</a>	Delia antiqua mRNA for Hsp90 protein	<a href="#">1900</a>	1900	100%	0.0	79%	
<a href="#">AM084221.1</a>	Ceratitis capitata mRNA for heat shock protein 83 (hsp83 gene)	<a href="#">1891</a>	1891	100%	0.0	79%	
<a href="#">AF254880.1</a>	Spodoptera frugiperda 90-kDa heat shock protein HSP83 (hsp83) mRl	<a href="#">1873</a>	1873	99%	0.0	79%	
<a href="#">EU233821.1</a>	Loxostege sticticalis heat shock protein 90 (hsp90) mRNA, complete c	<a href="#">1862</a>	1862	99%	0.0	79%	
<a href="#">AB251894.1</a>	Mamestra brassicae hsp90 mRNA for heat shock protein 90, complete	<a href="#">1849</a>	1849	99%	0.0	79%	
<a href="#">EU099575.1</a>	Scophthalmus maximus heat shock protein 90 (HSP90) mRNA, compl	<a href="#">1826</a>	1826	95%	0.0	79%	
<a href="#">AY528900.1</a>	Chiromantes haematocheir hsp-90 mRNA, complete cds	<a href="#">1813</a>	1813	99%	0.0	78%	
<a href="#">EU306519.1</a>	Mythimna separata Hsp90 mRNA, complete cds	<a href="#">1806</a>	1806	99%	0.0	79%	
<a href="#">XM_001518650.1</a>	PREDICTED: Ornithorhynchus anatinus similar to heat shock protein 9	<a href="#">1783</a>	1977	95%	0.0	82%	<a href="#">G</a>
<a href="#">NM_001030484.1</a>	Xenopus tropicalis heat shock protein 90kDa alpha (cytosolic), class E	<a href="#">1741</a>	1741	95%	0.0	78%	<a href="#">UG</a>
<a href="#">DQ198859.2</a>	Sesamia nonaqruioides 90 kDa heat shock protein 83 (hsp83) mRNA, c	<a href="#">1736</a>	1736	99%	0.0	78%	
<a href="#">XM_001605141.1</a>	PREDICTED: Nasonia vitripennis similar to heat shock protein 90 (LOC	<a href="#">1723</a>	1723	99%	0.0	77%	<a href="#">G</a>
<a href="#">AY851368.2</a>	Liriomyza sativae heat shock protein 90 mRNA, complete cds	<a href="#">1714</a>	1714	99%	0.0	77%	
<a href="#">AY395632.1</a>	Dicentrarchus labrax HSP-90 mRNA, complete cds	<a href="#">1647</a>	1647	95%	0.0	77%	
<a href="#">AB196457.1</a>	Oncorhynchus mykiss HSP90BA mRNA for heat shock 90kDa protein :	<a href="#">1633</a>	1633	95%	0.0	77%	<a href="#">UG</a>
<a href="#">DQ662234.1</a>	Paralichthys olivaceus heat shock protein 90 beta (Hsp90beta) mRNA,	<a href="#">1626</a>	1626	95%	0.0	77%	
<a href="#">X03811.1</a>	Drosophila simulans gene fraagment for heat shock protein hsp 82	<a href="#">1626</a>	1626	52%	0.0	92%	
<a href="#">AF135117.1</a>	Salmo salar heat shock protein hsp90 beta (hsp90 beta) mRNA, comp	<a href="#">1624</a>	1624	95%	0.0	77%	<a href="#">UG</a>
<a href="#">AY851367.2</a>	Liriomyza huidobrensis heat shock protein 90 mRNA, complete cds	<a href="#">1615</a>	1615	99%	0.0	76%	
<a href="#">DQ437116.1</a>	Bufo qarqarizans heat shock protein 90 mRNA, complete cds	<a href="#">1606</a>	1606	95%	0.0	77%	
<a href="#">BT028559.1</a>	Gasterosteus aculeatus clone CNB248-D08 mRNA sequence	<a href="#">1606</a>	1606	95%	0.0	77%	<a href="#">U</a>
<a href="#">X00065.1</a>	Drosophila melanoqaster 5'end of heat shock gene hsp83	<a href="#">1604</a>	1604	52%	0.0	91%	
<a href="#">AB196458.1</a>	Oncorhynchus mykiss HSP90BB mRNA for heat shock 90kDa protein :	<a href="#">1602</a>	1602	95%	0.0	77%	<a href="#">UG</a>
<a href="#">EF523380.1</a>	Omphisa fuscidentalis heat shock protein 90 (hsp90) mRNA, complete	<a href="#">1595</a>	1595	95%	0.0	77%	
<a href="#">AY214170.1</a>	Paralichthys olivaceus heat shock protein 90 beta mRNA, complete cd	<a href="#">1595</a>	1595	95%	0.0	77%	

Εικόνα 10: Σύντομες περιγραφές για κάθε ακολουθία – hit.



# Κλασική αναφορά BLAST (6/7)

 >[gi|8125|emb|X03810.1|DMHSP82](#)  Drosophila melanogaster gene for heat shock protein hsp 82  
Length = 5024

Score = 2962 bits (1494), Expect = 0.0  
Identities = 2000/2168 (92%), Gaps = 3/2168 (0%)  
Strand = Plus / Plus

```
Query: 1028 taaatcccttacagatgcctgaggaagcagagaccttcgctttccaggctgagatcgctc 1087
          ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Sbjct: 2141 taaatccattgcagatgccagaagaagcagagaccttgcattccaggctgagattgctc 2200
```

```
Query: 1088 agctgatgtcgcctgatcatcaacacattctactcgaacaaggagatccttctcgcgcgagt 1147
          ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Sbjct: 2201 agctgatgtccctgatcatcaacacattctactcgaacaaggagatttctcgcgcgagt 2260
```

```
Query: 1148 tgatctcgaacgcctccgatgctctggacaagatccgctacgagtcgctgactgacccca 1207
          ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Sbjct: 2261 tgatctcgaacgcctccgatgctctggacaagatccgctatgagtccttactgacccca 2320
```

```
Query: 1208 gcaagcttgactctggcaaggagctgtacatcaagctcattcccaacaagacggccggca 1267
          ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Sbjct: 2321 gcaagctggactctggcaaggagctgtacatcaagctgatccctaacaagacggctggta 2380
```

```
Query: 1268 cgctgaccatcatcgataaccggtatcggtatgaccaagtcgatttggtcaacaacctgg 1327
          | ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Sbjct: 2381 ctctgaccatcattgataccggtatcggtatgaccaagtcgacctgggtcaacaacttgg 2440
```

```
Query: 1328 gaaccatcgccaagctctggcaccgaagcgttcatggaggctctgcaggccggcgccgaca 1387
          ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Sbjct: 2441 gaaccatcgccaagtcgggaaccgaagccttcatggaggctctgcaggctgggtgcccgaca 2500
```

```
Query: 1388 ttcccatgatcggtcagttcggtgtgggtttctactccgcctacttggctcgccgacaagg 1447
          ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Sbjct: 2501 ttcccatgatcggtcagttcggtgtgggtttctactccgcctacctggtcgccgacaagg 2560
```

**Εικόνα 11α:** Ευθυγράμμιση της ακολουθίας μας (query) με τις ακολουθίες (subject) που μοιάζουν με τη δική μας.



# Κλασική αναφορά BLAST (7/7)

>[gi|29826096|gb|AF006558.2](#) Drosophila persimilis strain persimi49 82 kDa heat shock protein (Hsp82) gene, partial cds  
Length = 1970

Score = 837 bits (422), Expect = 0.0  
Identities = 711/811 (87%), Gaps = 3/811 (0%)  
Strand = Plus / Plus

```
Query: 1039 cagatgcctgaggaagcagagaccttcgctttccaggctgagatcgctcagctgatgtcg 1098
          ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Sbjct: 1160 cagatgcccgaagaagctgagactttcgcattccaggctgagattgctcagcttatgtcg 1219

Query: 1099 ctgatcatcaacacattctactcgaacaaggagatcttctctgcgcgagttgatctcgaac 1158
          ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Sbjct: 1220 ttgatcatcaacacgttctactcgaacaaggagatcttctctgcgctgaattgatttcgaac 1279

Query: 1159 gcctccgatgctctggacaagatccgctacgagtcgctgactgaccccagcaagcttgac 1218
          || || ||| || ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Sbjct: 1280 gcatctgatgccctcgacaagatccgctatgagtcgctgactgatcccagcaagcncgac 1339

Query: 1219 tctggcaaggagctgtacatcaagctcattcccaacaagacggccggcagctgaccatc 1278
          ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Sbjct: 1340 nnnnnaaggagctgtacatcaagctgattcccaacaagactgctggtactctgaccatc 1399

Query: 1279 atcgataccgggtatcggcatgaccaagtcggatttggtcaacaacctgggaaccatcgcc 1338
          || ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Sbjct: 1400 attgataccgggtatcggcatgaccaagtcggacctggtgaacaacttgggaaccatcgcc 1459

Query: 1339 aagtctggcaccaggcgttcattggaggctctgcaggccggcggcggacatttccatgat 1398
          ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Sbjct: 1460 aagtccggcaccaggcgttcattggaggcgttcaggctggcggcggcggacatttccatgat 1519
```

**Εικόνα 11β:** Ευθυγράμμιση της ακολουθίας μας (query) με τις ακολουθίες (subject) που μοιάζουν με τη δική μας.





# Αναζήτηση πρωτεΐνης από νουκλεοτιδική ακολουθία (1/7)

Από την ιστοσελίδα:

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/> επιλέγεται το  
πρόγραμμα **BLAST**

Στη συνέχεια επιλέγεται ένας από τους 5  
τύπους του BLAST

(<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)

➔ Επιλέγεται το blastx



# Αναζήτηση πρωτεΐνης από νουκλεοτιδική ακολουθία (2/7)

Στην ιστοσελίδα:

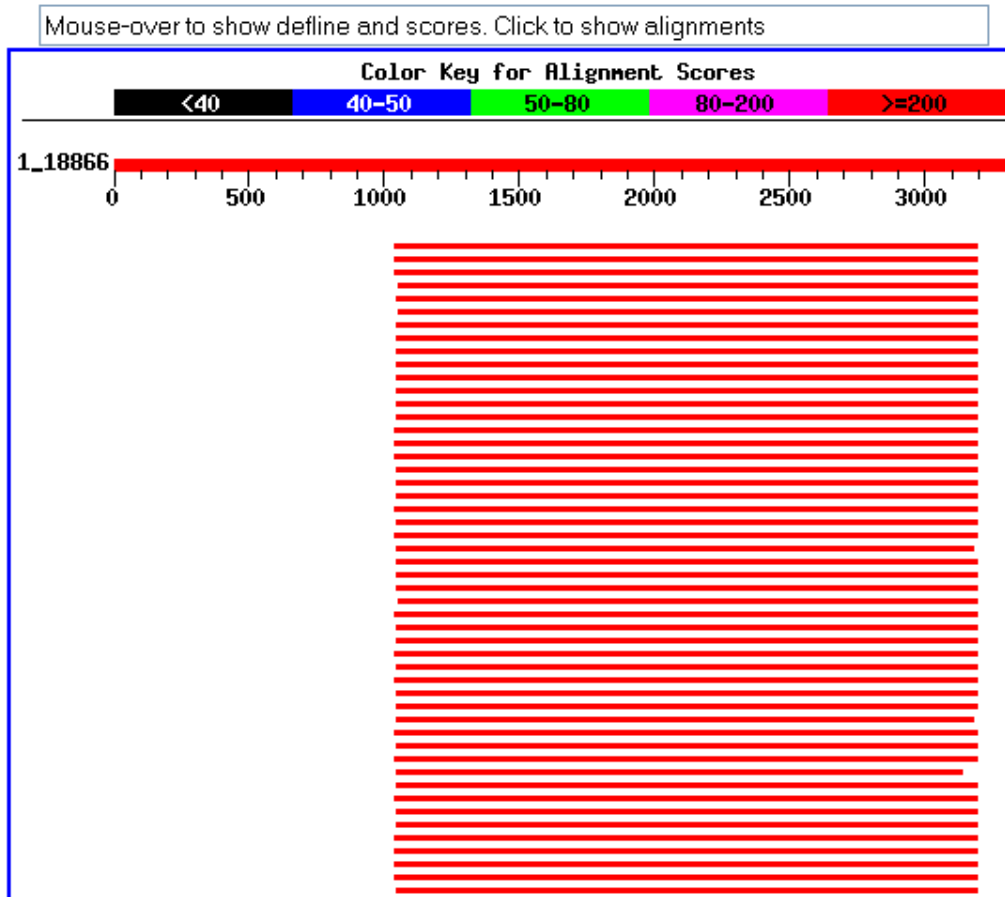
[http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastx&PAGE\\_TYPE=BlastSearch&LINK\\_LOC=blasthome](http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastx&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome):

- ◆ Εισάγεται η νουκλεοτιδική ακολουθία (plain text, Fasta format, Accession Number)
- ◆ Επιλέγεται ο κατάλληλος κώδικας μετάφρασης



# Αναζήτηση πρωτεΐνης από νουκλεοτιδική ακολουθία (3/7)

## Distribution of 119 Blast Hits on the Query Sequence



**Εικόνα12:** Γραφική απεικόνιση των αποτελεσμάτων του blastx για την ακολουθία my secuencia.



# Αναζήτηση πρωτεΐνης από νουκλεοτιδική ακολουθία (4/7)

Sequences producing significant alignments	Score (bits)	E Value
<a href="#">gi 2062377 gb AAB58358.1</a> heat shock protein 83 [Drosophila...	<a href="#">1201</a>	0.0
<a href="#">gi 17647529 ref NP_523899.1</a> HSP90-β1 [Drosophila melanoga...	<a href="#">1188</a>	0.0
<a href="#">gi 54642233 gb EAL30982.1</a> GA11622-PA [Drosophila pseudoobs...	<a href="#">1176</a>	0.0
<a href="#">gi 12005809 gb AAG44630.1</a> 90-kDa heat shock protein HSP83 ...	<a href="#">1040</a>	0.0
<a href="#">gi 13699184 dbj BAB41209.1</a> 90-kDa heat shock protein [Bomb...	<a href="#">1033</a>	0.0
<a href="#">gi 46358051 dbj BAD15163.1</a> heat shock protein [Antheraea y...	<a href="#">1025</a>	0.0
<a href="#">gi 34392345 dbj BAC82488.1</a> 90-kDa heat shock protein beta ...	<a href="#">994</a>	0.0
<a href="#">gi 57242925 gb AAH88985.1</a> Heat shock protein 1, beta [Mus ...	<a href="#">994</a>	0.0
<a href="#">gi 37142918 gb AAQ88393.1</a> heat shock protein 90 [Equus cab...	<a href="#">994</a>	0.0
<a href="#">gi 34304590 gb AAQ63401.1</a> heat shock 90kDa protein 1 beta ...	<a href="#">993</a>	0.0
<a href="#">gi 55731477 emb CAH92450.1</a> hypothetical protein [Pongo pyg...	<a href="#">993</a>	0.0
<a href="#">gi 51859516 gb AAH82009.1</a> Heat shock 90kDa protein 1, beta...	<a href="#">992</a>	0.0
<a href="#">gi 194027 gb AAA37866.1</a> heat-shock protein hsp84	<a href="#">991</a>	0.0
<a href="#">gi 72219 pir  HHHU86</a> heat shock protein 90-alpha - human >g...	<a href="#">991</a>	0.0
<a href="#">gi 37623887 gb AAQ95586.1</a> HSP-90 [Dicentrarchus labrax]	<a href="#">991</a>	0.0
<a href="#">gi 72221 pir  HHCH90</a> heat shock protein 90 - chicken	<a href="#">990</a>	0.0
<a href="#">gi 42556386 gb AAS19788.1</a> hsp-90 [Chiromantes haematocheir]	<a href="#">990</a>	0.0
<a href="#">gi 40254816 ref NP_005339.2</a> heat shock 90kDa protein 1, al...	<a href="#">990</a>	0.0
<a href="#">gi 72222 pir  HHHU84</a> heat shock protein 90-beta [validated]...	<a href="#">990</a>	0.0
<a href="#">gi 123681 sp P11499 HS9B_MOUSE</a> Heat shock protein HSP 90-be...	<a href="#">990</a>	0.0
<a href="#">gi 54873686 gb AAV41061.1</a> Hsp90beta [Xenopus laevis] >gi 5...	<a href="#">989</a>	0.0
<a href="#">gi 40807203 gb AAH65359.1</a> Hsp90b protein [Danio rerio]	<a href="#">989</a>	0.0
<a href="#">gi 63516 emb CAA30251.1</a> unnamed protein product [Gallus ga...	<a href="#">987</a>	0.0
<a href="#">gi 20177936 sp Q9GKX8 HS9B_HORSE</a> Heat shock protein HSP 90-...	<a href="#">987</a>	0.0
<a href="#">gi 47522774 ref NP_999138.1</a> 90-kDa heat shock protein [Sus...	<a href="#">987</a>	0.0
<a href="#">gi 34392343 dbj BAC82487.1</a> 90-kDa heat shock protein alpha...	<a href="#">987</a>	0.0
<a href="#">gi 54673763 gb AAH85120.1</a> Heat shock protein 1, alpha [Rat...	<a href="#">986</a>	0.0
<a href="#">gi 37594780 gb AAQ94359.1</a> Hsp90 [Opisthophthalmus carinatus]	<a href="#">986</a>	0.0
<a href="#">gi 18858875 ref NP_571385.1</a> heat shock protein 90-beta [Da...	<a href="#">985</a>	0.0
<a href="#">gi 47604960 ref NP_996842.1</a> heat shock protein 90 beta [Ga...	<a href="#">984</a>	0.0

**Εικόνα 13:** Σύντομες περιγραφές για κάθε πρωτεϊνική ακολουθία – hit. Με βάση τα αποτελέσματα μπορούμε να προβλέψουμε ποια πρωτεΐνη κωδικοποιεί η ακολουθία που ψάχνουμε.



# Αναζήτηση πρωτεΐνης από νουκλεοτιδική ακολουθία (5/7)

```
>gi|17647529|ref|NP_523899.1| G CG1242-PA [Drosophila melanogaster]
gi|7292327|gb|AAF47734.1| G CG1242-PA [Drosophila melanogaster]
gi|21483234|gb|AAM52592.1| G AT20544p [Drosophila melanogaster]
gi|2144913|pir||HHFF83 G heat shock protein 83 - fruit fly (Drosophila melanogaster)
gi|8127|emb|CAA27435.1| G hsp 82 [Drosophila melanogaster]
gi|123661|sp|P02828|HS83_DROME G Heat shock protein 83 (HSP 82)
Length = 717
```

Score = 1188 bits (3073), Expect = 0.0

Identities = 617/717 (86%), Positives = 623/717 (86%), Gaps = 1/717 (0%)

Frame = +1

```
Query: 1042 MPEEAETFAFQAEIAQLMSLIINTFYSNKEIFLRELISNASDALDKIRYESLTDPSKLDS 1221
MPEEAETFAFQAEIAQLMSLIINTFYSNKEIFLRELISNASDALDKIRYESLTDPSKLDS
Sbjct: 1 MPEEAETFAFQAEIAQLMSLIINTFYSNKEIFLRELISNASDALDKIRYESLTDPSKLDS 60

Query: 1222 GKELYIKLIPNKTAGTLTIIDTGIGMTKSDLVNNLGTIAKSGTKAFMEALQAGADISMIG 1401
GKELYIKLIPNKTAGTLTIIDTGIGMTKSDLVNNLGTIAKSGTKAFMEALQAGADISMIG
Sbjct: 61 GKELYIKLIPNKTAGTLTIIDTGIGMTKSDLVNNLGTIAKSGTKAFMEALQAGADISMIG 120

Query: 1402 QFGVGFYSAYLVADKVTVTSKNNDDEQYWESSAGGSFTVRADNSEPLGRGTRKIVLYIKE 1581
QFGVGFYSAYLVADKVTVTSKNNDDEQY+WESSAGGSFTVRADNSEPLGRGTRKIVLYIKE
Sbjct: 121 QFGVGFYSAYLVADKVTVTSKNNDDEQYVWESSAGGSFTVRADNSEPLGRGTRKIVLYIKE 180

Query: 1582 DQTDYLEESKIKEIVNKHSQFIGYPIXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX 1761
DQTDYLEESKIKEIVNKHSQFIGYPI
Sbjct: 181 DQTDYLEESKIKEIVNKHSQFIGYPIKLLVEKEREKEVSDDEADDEKKEGDEKKEMETDE 240

Query: 1762 -XIEDVGVXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX 1938
IEDVG LNKTKP IWTRNPDDISQEEYGEFYKS
Sbjct: 241 PKIEDVGEDEDADKKDKDAKKKTIKEKYTEDEELNKTKP IWTRNPDDISQEEYGEFYKS 300

Query: 1939 LTNDWEDHLAVKHFSVEGQLEFRALLFIPRRTPFDLFENQKRRNNIKLYVRRVFIMDNCE 2118
LTNDWEDHLAVKHFSVEGQLEFRALLFIPRRTPFDLFENQKRRNNIKLYVRRVFIMDNCE
Sbjct: 301 LTNDWEDHLAVKHFSVEGQLEFRALLFIPRRTPFDLFENQKRRNNIKLYVRRVFIMDNCE 360

Query: 2119 DLIPEYLNFKIGVVDSIDLPLNISREMLQONKVLKVIKKNLVKKTMEELIEELTEDKENYK 2298
DLIPEYLNFKIGVVDSIDLPLNISREMLQONKVLKVIKKNLVKKTMEELIEELTEDKENYK
Sbjct: 361 DLIPEYLNFKIGVVDSIDLPLNISREMLQONKVLKVIKKNLVKKTMEELIEELTEDKENYK 420
```

**Εικόνα 14α:** Ευθυγράμμιση της ακολουθίας μας (query) (μεταφράζοντας την ακολουθία που ψάχνουμε και στα 6 αναγνωστικά πλαίσια) με τις ακολουθίες (subject) που μοιάζουν με τη δική μας.



# Αναζήτηση πρωτεΐνης από νουκλεοτιδική ακολουθία (6/7)

```
>gi|19855062|sp|O61998|HS90_BRUPA Heat shock protein 90
gi|3256076|emb|CAAO6695.1 heat shock protein 90 [Brugia pahangi]
Length = 717

Score = 943 bits (2438), Expect = 0.0
Identities = 490/721 (67%), Positives = 558/721 (77%), Gaps = 5/721 (0%)
Frame = +1
```

```
Query: 1042 MPEE--AETFAFQAEIAQLMSLIINTFYSNKEIFLRELISNASDALDKIRYESLTDP SKL 1215
M EE ETFFAFQAEIAQLMSLIINTFYSNKEIFLRELISN+SDALDKIRY++LT+P++L
Sbjct: 1 MSEEMNGETFAFQAEIAQLMSLIINTFYSNKEIFLRELISNSSDALDKIRYQALTEPAEL 60

Query: 1216 DSGKELYIKLIPNKTAGTLTIIDTGIGMTKSDLVNNLGTIAKSGTKAFMEALQAGADISM 1395
++GKELYIK+ PNK TLTID+DTGIGMTK+DLVNNLGTIAKSGTKAFMEALQAGADISM
Sbjct: 61 ETGKELYIKITPNKADKTLTIMDTGIGMTKADLVNNLGTIAKSGTKAFMEALQAGADISM 120

Query: 1396 IGQFGVGFYSAFLVADKVTVTSKNNDDEQYIWESSAGGSFTVRADNSEPLGRGTKIVLYI 1575
IGQFGVGFYSA+LVADKV V SK+NDD+ Y WESSAGGSF +R N L RGTKI LYI
Sbjct: 121 IGQFGVGFYSAFLVADKVVVASKHNDDDCYQWESSAGGSFIIROVNDPELTRGTKITLYI 180

Query: 1576 KEDQTDYLEESKIKEIVNKHSQFIGYPIXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX 1755
KEDQTDYLEE +IKEIV KHSQFIGYPI
Sbjct: 181 KEDQTDYLEERRIKEIVKKHSQFIGYPIKLTVEKERDKEVSDDEAEKEKDEDKEKKEGE 240

Query: 1756 XXXIEDVGVXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX 1935
IEDVG LNKTKPIWTRNPDDISQEEYGEFYK
Sbjct: 241 ---IEDVGEDEEEDKKDKDKKKKKKIKEKYHEDEE-LNKTKPIWTRNPDDISNEEYAEFYK 296

Query: 1936 SLTNDWEDHLAVKHFSVEGQLEFRALLFIPRRTPFDFL FENQKRRNNIKLYVRRVFIMDNC 2115
SL+NDWEDHLAVKHFSVEGQLEFRALLF+P+R PFDL FEN+K +N IKLYVRRV FIM+NC
Sbjct: 297 SLSNDWEDHLAVKHFSVEGQLEFRALLFVFPQRAPFDL FENKKTNAIKLYVRRV FIMENC 356

Query: 2116 EDLPEYLNFIKGVVDS EDLPLNISREMLQQNKVLKVIKKNLVKKTMELEELTEDKENY 2295
++L+PEYLNFIKGVVDS EDLPLNISREMLQQ+K+LKVIKKNLVKK +EL +E+ EDK+N+
Sbjct: 357 DELMPEYLNFIKGVVDS EDLPLNISREMLQQSKILKVIKKNLVKCCLELFD EIAEDKDNF 416

Query: 2296 KKFYDQFSKNLKLGVHEDSNMRAKLADFLRFHTSASGDDFCSLSDYVSRMKENQKHVYFI 2475
KKFY+QFSKN+KLG+HEDS NR KL++FLRF+TSAS ++ SL DYVSRMKENQK +YFI
Sbjct: 417 KKFYEQFSKNIKLGIHEDSTNRKKLSEFLRFYTSASSEEMTSLKDYVSRMKENQKQIYFI 476

Query: 2476 TGESKDQVSNSAFVERVKARGFEVYVMTPEID EYVIQHLKEYGKQLVSVTKEGLELPXX 2655
TGES++ V++SAFVERVK RGF EV+YMT+PID EY +Q LKEY GK+LVSVTKEGLELP
Sbjct: 477 TGESREAVASSAFVERVKRRRGFEVIYMTDPIDEYCVQQLKEYDGGKLVSVTKEGLELPES 536
```

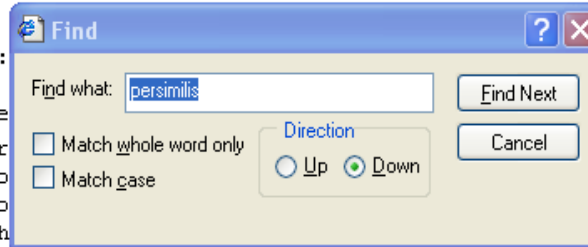
**Εικόνα 14β:** Ευθυγράμμιση της ακολουθίας μας (query) (μεταφράζοντας την ακολουθία που ψάχνουμε και στα 6 αναγνωστικά πλαίσια) με τις ακολουθίες (subject) που μοιάζουν με τη δική μας.



# Αναζήτηση πρωτεΐνης από νουκλεοτιδική ακολουθία (7/7)

Sequences producing significant alignments:

<a href="#">gi 2062377 gb AAB58358.1</a>	heat shock prote			
<a href="#">gi 17647529 ref NP_523899.1</a>	CG1242-PA [Dr			
<a href="#">gi 54642233 gb EAL30982.1</a>	GA11622-PA [Dro			
<a href="#">gi 12005809 gb AAG44630.1</a>	90-kDa heat sho			
<a href="#">gi 13699184 dbj BAB41209.1</a>	90-kDa heat sh			
<a href="#">gi 46358051 dbj BAD15163.1</a>	heat shock protein [Antheraea y...	1025	0.0	
<a href="#">gi 34392345 dbj BAC82488.1</a>	90-kDa heat shock protein beta ...	994	0.0	
<a href="#">gi 57242925 gb AAH88985.1</a>	Heat shock protein 1, beta [Mus ...	994	0.0	G
<a href="#">gi 37142918 gb AAQ88393.1</a>	heat shock protein 90 [Equus cab...	994	0.0	
<a href="#">gi 34304590 gb AAQ63401.1</a>	heat shock 90kDa protein 1 beta ...	993	0.0	G
<a href="#">gi 55731477 emb CAH92450.1</a>	hypothetical protein [Pongo pyg...	993	0.0	
<a href="#">gi 51859516 gb AAH82009.1</a>	Heat shock 90kDa prote			
<a href="#">gi 194027 gb AAA37866.1</a>	heat-shock protein hsp84			
<a href="#">gi 72219 pir  HHHU86</a>	heat shock protein 90-alpha			
<a href="#">gi 37623887 gb AAQ95586.1</a>	HSP-90 [Dicentrarchus			
<a href="#">gi 72221 pir  HHCH90</a>	heat shock protein 90 - chic			
<a href="#">gi 42556386 gb AAS19788.1</a>	hsp-90 [Chiromantes ha			
<a href="#">gi 40254816 ref NP_005339.2</a>	heat shock 90kDa pro			
<a href="#">gi 72222 pir  HHHU84</a>	heat shock protein 90-beta [validated]...	990	0.0	G
<a href="#">gi 123681 sp P11499 HS9B_MOUSE</a>	Heat shock protein HSP 90-be...	990	0.0	G
<a href="#">gi 54873686 gb AAV41061.1</a>	Hsp90beta [Xenopus laevis] >gi 5...	989	0.0	G
<a href="#">gi 40807203 gb AAH65359.1</a>	Hsp90b protein [Danio rerio]	989	0.0	G
<a href="#">gi 63516 emb CAA30251.1</a>	unnamed protein product [Gallus ga...	987	0.0	
<a href="#">gi 20177936 sp Q9GKX8 HS9B_HORSE</a>	Heat shock protein HSP 90-...	987	0.0	
<a href="#">gi 47522774 ref NP_999138.1</a>	90-kDa heat shock protein [Sus...	987	0.0	G
<a href="#">gi 34392343 dbj BAC82487.1</a>	90-kDa heat shock protein alpha...	987	0.0	
<a href="#">gi 54673763 gb AAH85120.1</a>	Heat shock protein 1, alpha [Rat...	986	0.0	G
<a href="#">gi 37594780 gb AAQ94359.1</a>	Hsp90 [Opisththalmus carinatus]	986	0.0	
<a href="#">gi 18858875 ref NP_571385.1</a>	heat shock protein 90-beta [Da...	985	0.0	G



**Εικόνα 14γ:** Ευθυγράμμιση της ακολουθίας μας (query) (μεταφράζοντας την ακολουθία που ψάχνουμε και στα 6 αναγνωστικά πλαίσια) με τις ακολουθίες (subject) που μοιάζουν με τη δική μας.



# Προτεινόμενα Βιβλία

- DW Mount, 2001. *Bioinformatics. Sequence and Genome Analysis*. CSHL Press, NY.
- AM Lesk, 2002. *Introduction to Bioinformatics*. Oxford University Press, NY.
- AD Baxevanis & BFF Ouellette, 2004. *Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins*. Wiley Interscience, NY.





# Σημείωμα Αναφοράς

Copyright Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης,  
Ηλίας Καππάς, «Βιοπληροφορική». Έκδοση: 1.0.  
Θεσσαλονίκη 2014. Διαθέσιμο από τη δικτυακή  
διεύθυνση: [http://opencourses.auth.gr/eclass\\_courses](http://opencourses.auth.gr/eclass_courses).



# Σημείωμα Αδειοδότησης

Το παρόν υλικό διατίθεται με τους όρους της άδειας χρήσης Creative Commons Αναφορά - Παρόμοια Διανομή [1] ή μεταγενέστερη, Διεθνής Έκδοση. Εξαιρούνται τα αυτοτελή έργα τρίτων π.χ. φωτογραφίες, διαγράμματα κ.λ.π., τα οποία εμπεριέχονται σε αυτό και τα οποία αναφέρονται μαζί με τους όρους χρήσης τους στο «Σημείωμα Χρήσης Έργων Τρίτων».



Ο δικαιούχος μπορεί να παρέχει στον αδειοδόχο ξεχωριστή άδεια να χρησιμοποιεί το έργο για εμπορική χρήση, εφόσον αυτό του ζητηθεί.

[1] <http://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/>





# Σας ευχαριστώ!

## Ηλίας Καππάς, Λέκτορας Τμήματος Βιολογίας Α.Π.Θ.

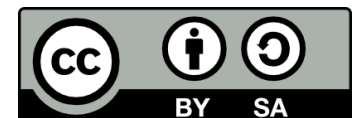


Ευρωπαϊκή Ένωση  
Ευρωπαϊκό Κοινωνικό Ταμείο



ΥΠΟΥΡΓΕΙΟ ΠΑΙΔΕΙΑΣ & ΘΡΗΣΚΕΥΜΑΤΩΝ, ΠΟΛΙΤΙΣΜΟΥ & ΑΘΛΗΤΙΣΜΟΥ  
ΕΙΔΙΚΗ ΥΠΗΡΕΣΙΑ ΔΙΑΧΕΙΡΙΣΗΣ

Με τη συγχρηματοδότηση της Ελλάδας και της Ευρωπαϊκής Ένωσης





# Τέλος ενότητας

Επεξεργασία: Στυλιανή Μηνούδη  
Θεσσαλονίκη, Εαρινό εξάμηνο 2014

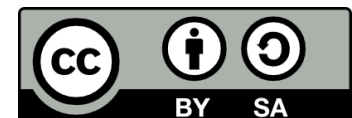


Ευρωπαϊκή Ένωση  
Ευρωπαϊκό Κοινωνικό Ταμείο



ΥΠΟΥΡΓΕΙΟ ΠΑΙΔΕΙΑΣ & ΘΡΗΣΚΕΥΜΑΤΩΝ, ΠΟΛΙΤΙΣΜΟΥ & ΑΘΛΗΤΙΣΜΟΥ  
ΕΙΔΙΚΗ ΥΠΗΡΕΣΙΑ ΔΙΑΧΕΙΡΙΣΗΣ

Με τη συγχρηματοδότηση της Ελλάδας και της Ευρωπαϊκής Ένωσης



# Διατήρηση Σημειωμάτων

Οποιαδήποτε αναπαραγωγή ή διασκευή του υλικού θα πρέπει να συμπεριλαμβάνει:

- το Σημείωμα Αναφοράς
- το Σημείωμα Αδειοδότησης
- τη δήλωση Διατήρησης Σημειωμάτων

μαζί με τους συνοδευόμενους υπερσυνδέσμους.

