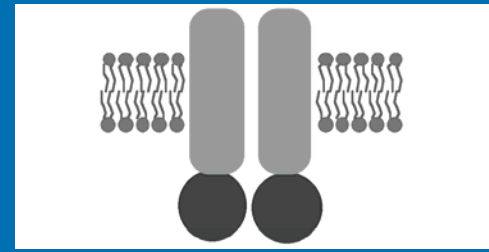


From gene to insilico structure

Projektleitung: Dr. Sander Smits & Benjamin Wenn



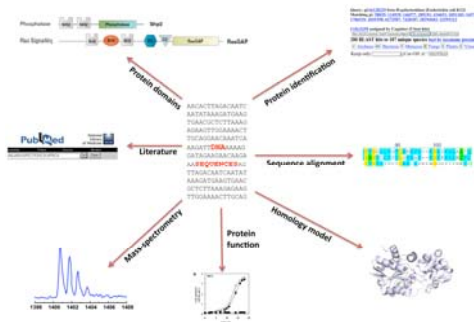
Die Idee

Das Geheimnis des Lebens liegt verborgen in der DNA. Diese DNA kodiert eine Proteinsequenz, die aus einer für jedes Protein spezifischen Funktionsweise resultiert. Mit steigender Anzahl von DNA-Genomen, deren Sequenzen bekannt sind, steigt auch die Anzahl von bioinformatischen Daten, die in verschiedenen Datenbanken im Internet auffindbar sind. Mit Hilfe der primären DNA Sequenz ist es möglich heraus zu finden:

- um welches Protein es sich handelt
- was die Funktion des Proteins ist
- in welchen anderen Organismen dieses Protein vorkommt
- welche biochemischen und physiologischen Eigenschaften eine Rolle spielen
- welche Aminosäuren an der Funktion beteiligt sind
- welche Mutationen entdeckt und bearbeitet wurden
- eventuell kann man die 3-dimensionale Struktur des Proteins vorhersagen.

Das Modul "From gene to insilico structure" zeigt und erklärt die Vielfalt von Bioinformatik-Programmen im Internet, die jeder Biochemiker, Biologe, Molekularbiologe, Chemiker, Biophysiker in seinem späteren Beruf täglich nutzen wird. Mithilfe dieser Programme ist es möglich, eine Vielzahl von Informationen zu gewinnen, deren Ergebnisse später in den Laborexperimenten eingesetzt werden.

Die Möglichkeiten



Die Webseiten

Eine Vielzahl von Webseiten sind im Internet kostenlos zu Benutzen. Deren Layout, Methode, Hintergrund, und Benutzungsweise sind jedoch unterschiedlicher Natur.

Um die Programme im Internet richtig anzuwenden und zu finden haben wir für das Modul eine Webseite erstellt, die sowohl die Programme theoretisch erklärt als auch mit praktischen Übungen zeigt, wie man diese anwenden sollte, um zu einem richtigen Ergebnis zu kommen.

Das Modul

Den Studierenden wird innerhalb des Moduls die Möglichkeit gegeben sich das Wissen über verschiedene Wege zu erarbeiten.

- eine Erklärung der Theorie mit Hintergrundinformationen (1)
- Übungen zur Lernziel Kontrolle (2)
- Weiterführende Literatur (3)
- Aufzeichnung der Vorlesung mit Lecturnity (4)
- Video-Erklärungen der verschiedenen Webseiten (erstellt mit Camtasia) (5)
- Podcast der Vorlesung für iPod und iPhone (6)



Multiple-Choice questions Exercise 1: Genome to ORF

Exercise 1: Genome to ORF (2)

Genome search

Many genomes have been sequenced during the last two decades. The overwhelming amount of data is archived on the internet. You just have to find them. An easy way is searching the genome sequence. The genome fragments have to be put in right order. Searching will be the sequence pieces fit together forming one single piece of DNA. This piece of DNA is then taken as template to search for open reading frames or called "ORF".

On the following pages you will find 17 pieces of DNA fragments from a random sequenced genome using the data you received.

- Make a note of this sequence?
- Are there any gaps in the sequence. Do you think that the missing parts are essential. If yes how can we obtain that sequence?
- On the last four pages of the document another complete sequence is downloaded from the [www.expasy.org](http://expasy.org) website. Make an alignment with your coding. Does the sequence match this one?
- Find all genes in this sequence? Using the program gene finder at the NCBI website (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/>)

RESEARCH ARTICLE

Draft Genome Sequence of the Sexually Transmitted Pathogen *Trichomonas vaginalis* (3)

Trichomonas vaginalis is a sexually transmitted pathogen that causes trichomoniasis, a common infection of the urogenital tract. The draft genome sequence of T. vaginalis is presented here, along with a comparison of the genome organization to that of other eukaryotes. The genome is approximately 160 Mb in size and contains approximately 10,000 genes. The sequence is highly AT-rich and contains a large number of repetitive elements. The genome organization is similar to that of other eukaryotes, with a high degree of gene density and a large number of introns. The sequence is highly AT-rich and contains a large number of repetitive elements. The genome organization is similar to that of other eukaryotes, with a high degree of gene density and a large number of introns.

modul 1: genome to orf

Module Entrees 182 Literature

1. A History of Genome Sequencing
2. The Human Genome Project
3. The Human Genome Project: A History
4. The Human Genome Project: A History
5. The Human Genome Project: A History
6. The Human Genome Project: A History
7. The Human Genome Project: A History
8. The Human Genome Project: A History
9. The Human Genome Project: A History
10. The Human Genome Project: A History
11. The Human Genome Project: A History
12. The Human Genome Project: A History
13. The Human Genome Project: A History
14. The Human Genome Project: A History
15. The Human Genome Project: A History
16. The Human Genome Project: A History
17. The Human Genome Project: A History

A History of Genome Sequencing

The sequencing of the human genome along with related organisms is one of the largest scientific endeavors in the history of mankind. The information gained from sequencing will provide the raw data for the emerging field of bioinformatics, which combines scientific and biological data with computer science. The large scale sequencing program by the Human Genome Project in 1990 could never have been a reality without modern computer facilities. Shortly, twenty years ago, computer resources were scarce and the amount of data generated was small. The sequencing of the human genome was a monumental task that required the development of new technologies and the use of powerful computers. The sequencing of the human genome was a monumental task that required the development of new technologies and the use of powerful computers.

from gene to "in silico" structure 2010

Podcasts

The following podcasts are available for your iPod or iPhone:

- Podcast 1: DNA sequencing and genomes
- Podcast 2: DNA sequencing and genomes
- Podcast 3: DNA sequencing and genomes
- Podcast 4: DNA sequencing and genomes
- Podcast 5: DNA sequencing and genomes
- Podcast 6: DNA sequencing and genomes

How to translate DNA to protein sequence with the website (5)

www.expasy.ch

Dr. Sander Smits
Institute for Biochemistry
University of Duisburg-Essen
www.expasy.ch

Module 1: DNA sequencing and genomes (4)

Enter gene in "in silico" structure