

ВИДОВЕ БИОЛОГИЧНИ БАЗИ ДАННИ

Изготвил: Надя Петкова F54682

Специалност: Приложна биология II курс

Курс: BIOB007 История на биомедицинската
кибернетика

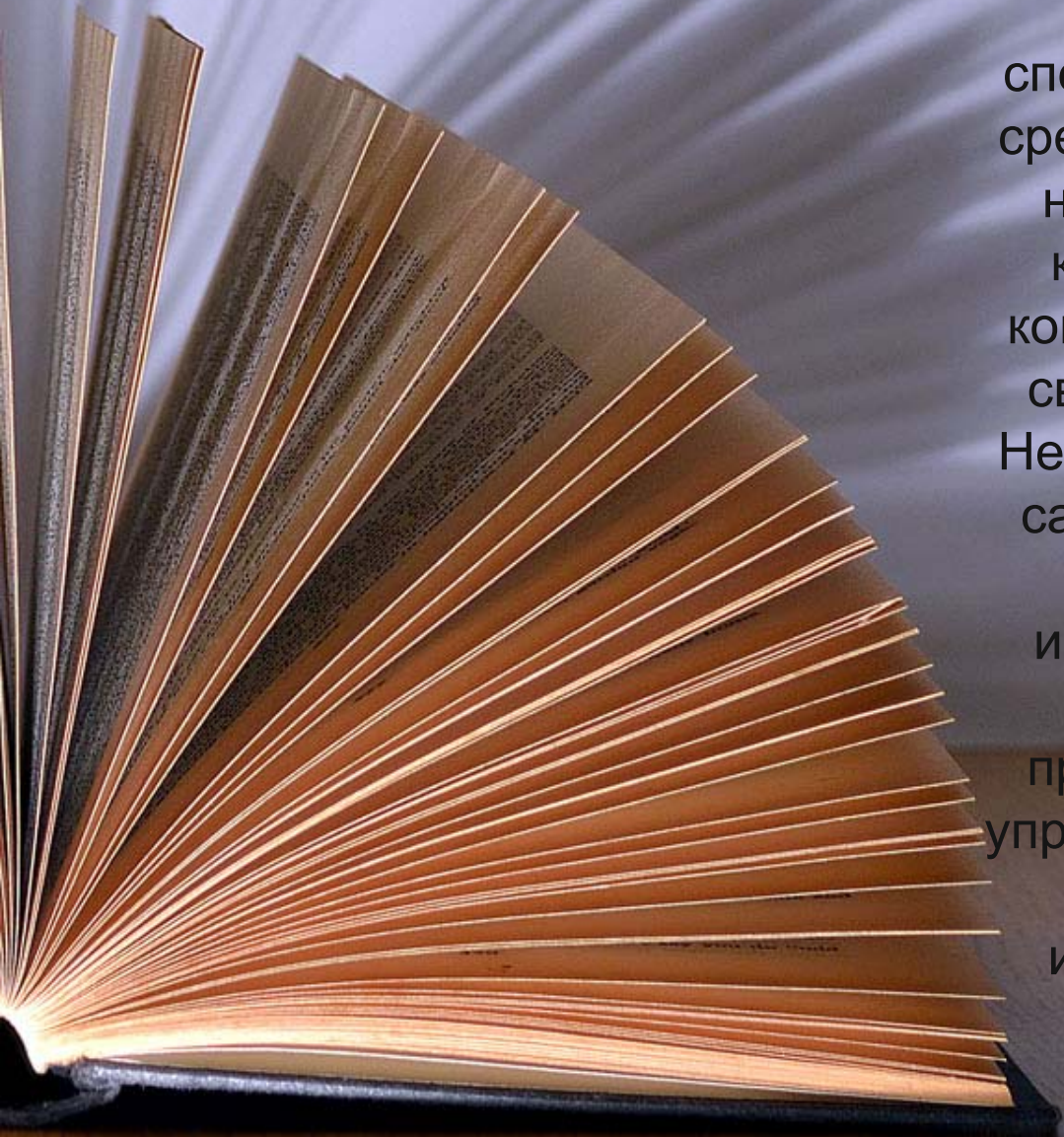
Преподавател: гл. ас. д-р Полина Михова

Съдържание:


- Въведение;
- Първични бази данни за последователност;
- Мета бази данни;
- Геномни бази данни;
- Бази данни за протеинна секвенция;
- Бази данни за структурата на протеините;
- РНК бази данни;
- Бази данни на въглехидрати;
- Бази данни за взаимодействие между протеини;
- Сигнални трансдукционни пътища на бази данни;
- Бази данни на метаболитните пътища;
- Микроархивни бази данни;
- Екзосомни бази данни;
- Математически бази данни;
- Специализирани бази данни;
- Биологичен журнал?;



Бази данни



База данни представлява специализирана информационна среда за съхранение и обработка на голямо количество данни в конкретна предметна област, които са структурирани (взаимно свързани) по определен начин. Неразделна част от базата данни са програмните средства, които подържат и управляват информационната среда. Тази организирана съвкупност от програми се нарича система за управление на бази данни (СУБД). Те дават възможност за извличане на информация по зададени критерии.



Биологични бази данни

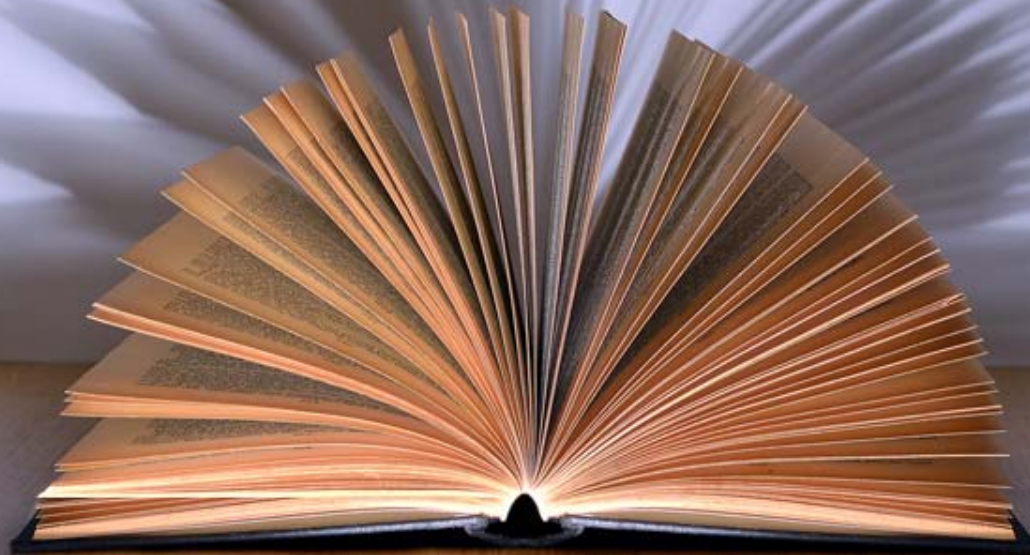
Биологичните бази данни са важен инструмент, който подпомага учените да разберат и обяснят множеството биологични явления – от структурата на биомолекулите и тяхното взаимодействие, метаболизма на организма и разбирането на еволюцията на видовете. Те са данни, получени чрез научни и високотехнологични експерименти, литературни публикации и компютърни анализи. Това познание помага да се улесни борбата срещу болести, разработването на лекарства и откриването на основните взаимоотношения между видовете в историята на живота. Биологичното знание се разпределя между много различни общи и специализирани бази данни. Това понякога затруднява съгласуваността на информацията. Важен ресурс за намирането на биологични бази данни е специално годишно издание на вестник „Изследвания на нуклеиновите киселини“ (NAR). Базата данни за издаване на NAR е свободно достъпна и категоризира много публично достъпни онлайн бази данни, свързани с биологията и биоинформатиката.

Биологични бази данни – формати и области на приложение

Биологичните данни се предлагат в множество формати. Тези формати включват текст, последователност от данни, протеинни структури и връзки.

Всяка от тях може да се намери от определени източници, например:

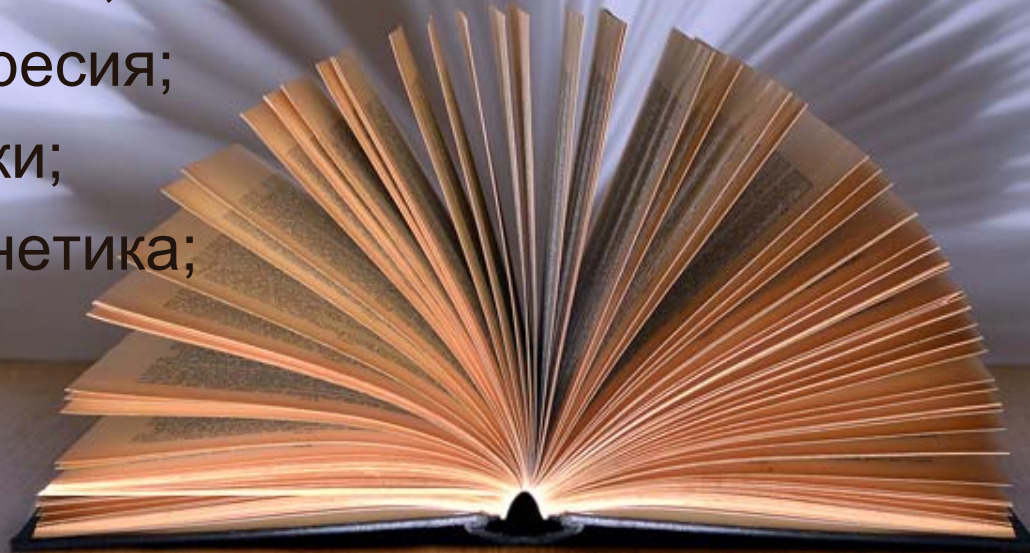
- Текстови формати са осигурени от PubMed и OMIM ;
- Данните за последователност са осигурени от GenBank , по отношение на ДНК, и UniProt , по отношение на белтъчините;
- Протеиновите структури са осигурени от PDB , SCOP и Cath;



Биологични бази данни – формати и области на приложение

Биологичните бази данни се прилагат в различни области:

- Протеомика;
- Геномика;
- Филогенетика;
- Метаболомика;
- Генна експресия;
- Генни мрежи;
- Фармакогенетика;





VCR and Monitor



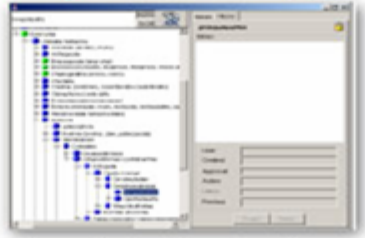
Video Library



Annotation Interface

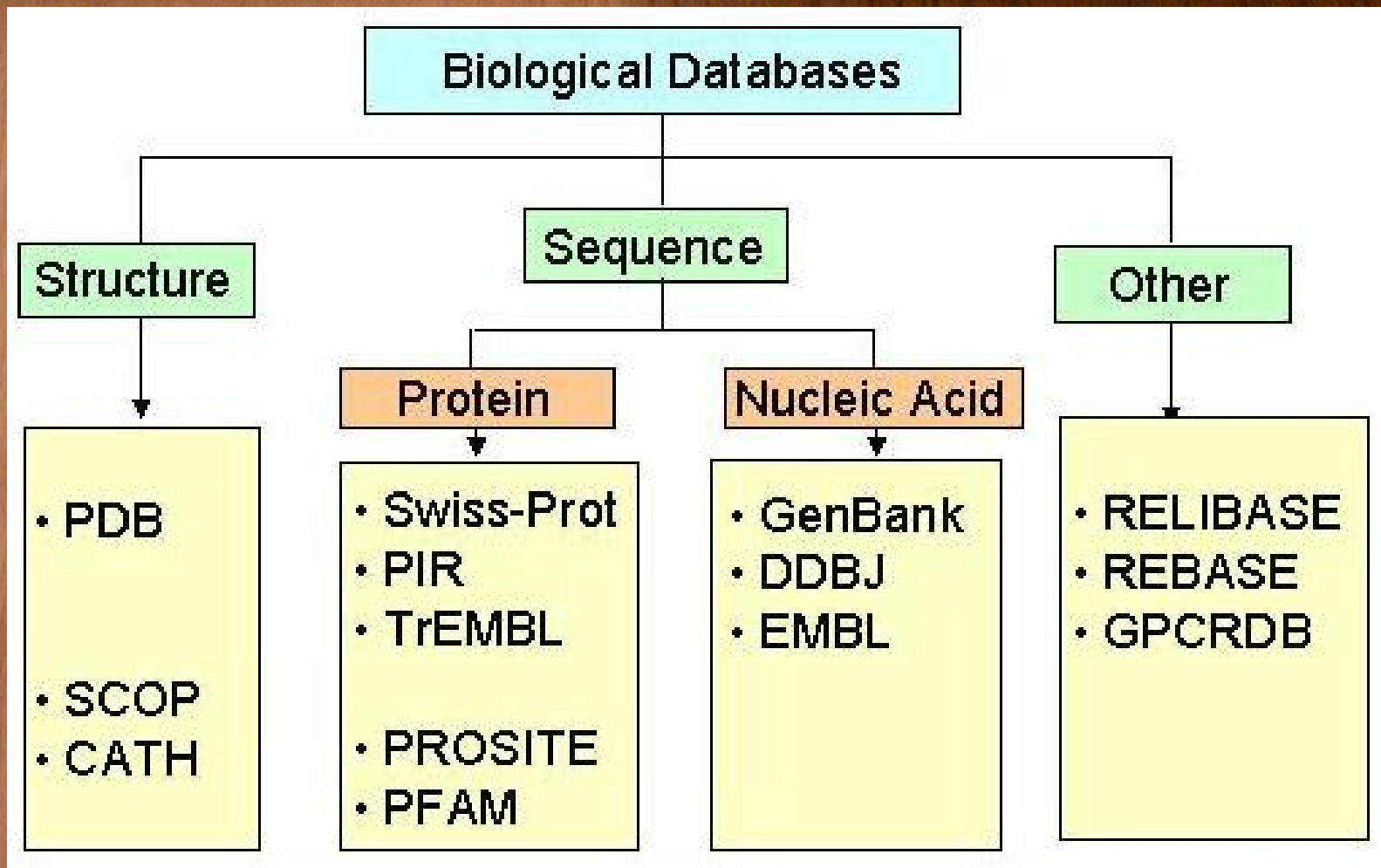


Knowledge Base Interface



Query Interface





Първични бази данни за последователност

1. DDBJ (ДНК бази данни на Япония);
2. EMBL Nucleotide Sequence DB (Европейска лаборатория по молекулярна биология);
3. GenBank (Национален център за биотехнологична информация);


Трите бази данни са хранилища на нуклеотидната последователност от всички организми. Те имат за цел да обменят нови и актуализирани данни и да постигнат оптимален синхрон между тях.



Мета бази данни

Строго погледнато мета бази данните могат да се считат за бази данни на бази данни, а не интеграция на проект или технология. Те събират данни от различни източници и обикновено са достъпни в нова и по-удобна форма с акцент върху определено заболяване или организъм.

1. Entrez (Национален център за биотехнологична информация);
2. euGenes (Университета Индиана);
3. GeneCards (Вайцман Институт);
4. Source (Университета Станфорд);
5. mGen съдържа четири от най-големите бази данни в света GenBank, Refseq, EMBL и DDBJ – една лесна и опростена програма за извличане на информация за гени;
6. BioInformatic Harvester (Технологичен институт Карлсруе) - Интегриране на 26 големи ресурса за протеин / ген;
7. MetaBase (КОВІС) – потребителска биологична база данни;
8. ConsensusPathDB - молекулярно-функционална база данни съдържаща информация от 12 различни бази данни;
9. PathogenPortal свързваща база данни на Биоинформатични Ресурс центрове (BRCs), спонсорирано от Националния институт по алергии и инфекциозни болести (NIAID);
10. BioGraph (Университета на Антверпен , Фламандски Институт по биотехнологии) познания за намиране базата на интеграцията на над 20 хетерогенни биомедицински бази данни;



Геномни бази данни

Тези бази данни събират геномни последователности за организми, като ги анализират и осигуряват обществен достъп. Те могат да заемат много геномни видове или модел на генома на организма.

1.SNPEdia

2.CAMERA - ресурс за микробна геномика и мета геномика;

3.Corn – геномен модел на царица;

4.EcoCyc – база данни, която обяснява генома и биохимичната структура на *E. coli* K12

5.Ensembl – осигурява информация за генома на човека, на мишката и на други гръбначни животни;

6.PATRIC - Ресурсен център за интеграция на Пато Системи;

7.Flybase – модел на генома на *Drosophila melanogaster*;

8.MGI Mouse Genome -Лаборатория Джаксън;

9.JGI Genomes of the DOE – модел на геноми на много еукариоти и микроби;



Геномни бази данни

10. National Microbial Pathogen Data Resource – база данни за моделите на геномите на патогените *Campylobacter*, *Chlamydia*, *Chlamydophila*, *Haemophilus*, *Listeria*, *Mycoplasma*, *Neisseria*, *Staphylococcus*, *Streptococcus*, *Treponema*, *Ureaplasma* и *Vibrio*;
11. *Saccharomyces* Genome Database - геномен модел на маята;
12. Viral Bioinformatics Resource Center – геномен модел на 11 семейства вируси;
13. Xenbase - геномен модел на *Xenopus tropicalis* и *Xenopus laevis*;
14. Wormbase – геномен модел на организма *Caenorhabditis ELEGANS*;
15. TAIR – информация за ресурса на *Arabidopsis*;
16. Zebrafish Information Network – геномен модел на риби;
17. UCSC Malaria Genome Browser – геномен модел на причинителите на малария;
18. RGD Rat Genome Database – геномна и фенотипна информация за кафявата мишка;
19. NTEGRALL - база данни, посветена на integrons и бактериалните генетични елементи, участващи в антибиотичната резистентност;
20. Fourmidable ant genome database – проследява генотипната последователност на мравката;
21. VectorBase NIAID - Биоинформатичен Ресурсен Център за векторите на безгръбначните и човешките патогени;

Бази данни за протеинна секвенция

1. UniProt – универсален протеинен ресурс;
2. PIR – Протеинов информационен ресурс;
3. Swiss-Prot – Протеинова база знания (Швейцарския институт по биоинформатика);
4. PEDANT - Добиване на протеин, анализирането му и инструментите, с които се описва;
5. PROSITE - база данни на протеиновите семейства и домейни;
6. DIP - база данни за взаимодействащи протеини (Университет на Калифорния);
7. Pfam протеин - (Института Сангър);
8. PRINTS - (Манчестърския университет);
9. ProDom - Пълен набор от Семейства протеин домейни (INRA /, CNRS);
10. SignalP 3,0 - Сървър за сигнал за предсказване на пептид (включително предвиждане на разцепване), на базата на изкуствени невронни мрежи и HMMs;
11. SUPERFAMILY Библиотеката на HMMs, представляващи суперсемейства и база данни на (суперсемейства и семейство) анотации за всички напълно секвенирани организми;
12. Annotation Clearing House - проект на Националните бази за микробни патогени ресурси;

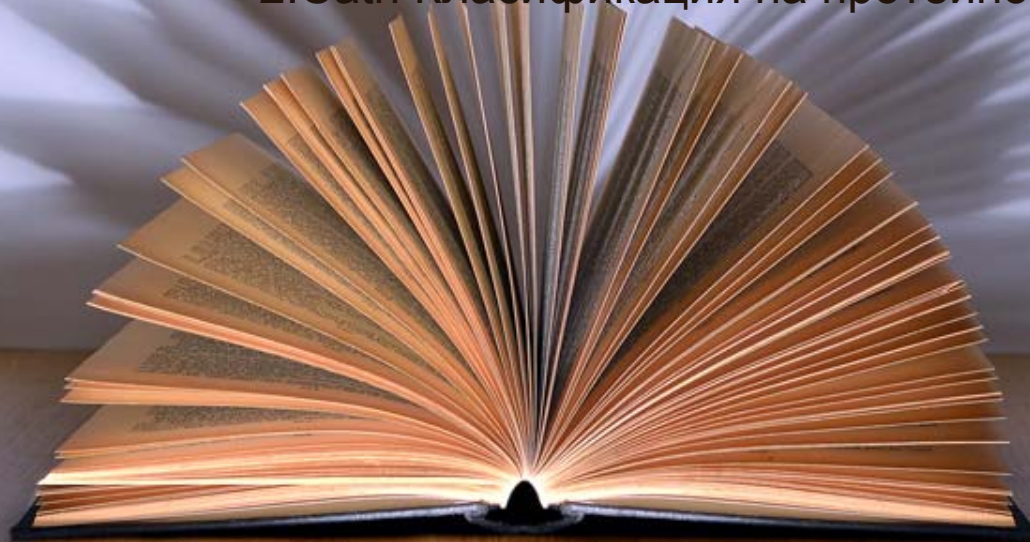
Бази данни за структурата на протеините

Протеин база данни (PDB), състоящ се:

1. Протеин база данни в Европа (PDBe);
2. Протеин база данни в Япония (PDBj);
3. Сътрудник за изследване на Структурната Биоинформатика (RCSB);

Вторични бази данни

1. SCOP - Структурна класификация на протеините;
2. Cath Класификация на протеиновата структура;
3. PDBsum;



Бази данни за модели на протеини



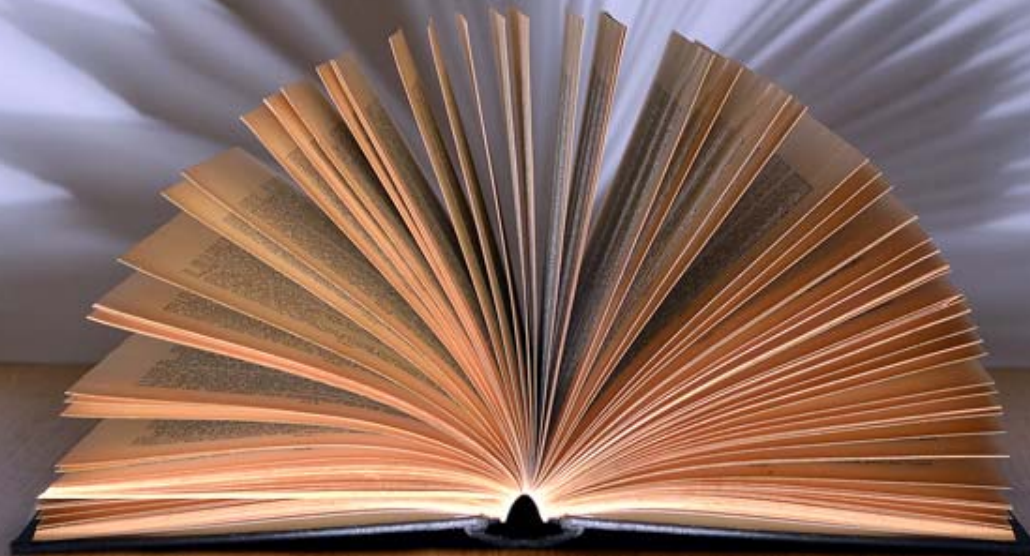
1. SWISS-MODEL - сървър и хранилище за модели на протеиновата структура;
2. ModBase - База данни от сравнителни модели на протеиновата структура (Sali Lab, UCSF);
3. Protein Model Portal (PMP) - Мета база данни, която комбинира няколко бази данни на модели на протеиновата структура (Biozentrum, Basel, Switzerland);


РНК бази данни

1. *Rfam* - база данни на семействата на РНК;
2. *mirBase* - микроРНК база данни;
3. *snoRNADB* - база данни на snoRNAs;

Базы данни на въглехидрати


- ❖ EuroCarbDB - хранилище за двете въглехидратни последователности, структури, както и експериментални данни;





Бази данни за взаимодействие между протеини

1. BioGRID - Общо хранилище за взаимодействие на масиви от данни (Изследователски институт Samuel Lunenfeld);
2. STRING - база данни, която известява и прогнозира, протеин-протеин взаимодействия (EMBL);
3. DIP - база данни за взаимодействие между протеини;
4. BIND - Биомолекулярна Взаимодействаща мрежа от бази данни;
5. NetProNetPro
6. CCSB InteractomeCCSB Interactome



Сигнални трансдукцни пътища на бази данни

1. Карта на раковите клетки;
2. Netpath - куратор ресурс, на пътища за сигнална трансдукция при хора;
3. Reactome;
4. Database Пътека от взаимодействия на NCI-Nature;
5. Signalink Database;
6. WikiPathways;

БАЗИ ДАННИ НА МЕТАБОЛИТНИТЕ ПЪТИЩА

1. **BioCyc Database Collection** включително **EcoCyc** и **MetaCyc**;
2. **KEGG** Пътека база данни (Университет Киото);
3. **MANET** база данни (Университета на Илинойс);
4. **Reactome** (Лаборатория Колд Спринг Харбър , **EVI** , Онтологичен Консорциум Джийн);



Микроархивни бази данни

1. ArrayExpress (Институт по Европейска Биоинформатика);
2. Gene Expression Omnibus (Национален център за биотехнологии информация);
3. GPX (Шотландски Център за геномни технологии и информатика);
4. maxd (Университет на Манчестър);
5. Stanford Microarray Database (SMD) (Университет Станфорд);



Екзосмозни бази данни

- ❖ ExoCarta

Математически бази данни

- ❖ Biomodels Database
- ❖ CellML

Специализирани бази данни

1. Antibody Central - информация и ресурси за търсене на антитела;
2. BIOMOVIE (ETH Zurich) - филми, свързани с биологията и биотехнологиите;
3. CGAP Cancer Genes – Национален раков институт;
4. Clone Registry Clone Collections - Национален център за биотехнологична информация;
5. Connectivity map - изразяване и взаимосвързващи инструменти за наркотици;
6. DBGET H.sapiens - Университет Киото;
7. DiProDB - база данни за събиране и анализиране на термодинамичните, структурни и други свойства на динуклеотидите;
8. Drug2Gene - предоставя интегрирана информация за идентифициране и докладване на отношенията между генните / протеини и наркотици / съединения;
9. Dryad - хранилище на данни, въз основа на научни публикации в основни и приложни бионауки;
10. Edinburgh Mouse Atlas и други...

Биологична база данни → биологичен журнал?

Биологичният журнал е само част от биологичната база данни. Той позволява структуриране на информацията и дава възможност за хипервръзки между отделните статии. При него търсенето на информация е улеснено, подобрен е анализа на данни, както и преноса на информация.



You are here : Home

- > Products
- > Services
- > Buy
- > Support and Training
- > Company
- > Free Trials

Search

Visit the Librarian's Annex



to learn more about E-resource options

What's Your Next Big Discovery?

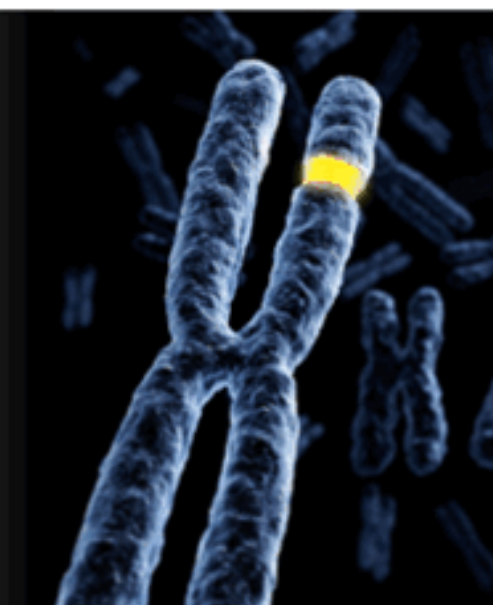
Make Sense of Your Data and Save Time on Your Research with BIOBASE Data Analysis Solutions

Genome Trax™
For Next Generation Sequencing
Understand your NGS data with coordinate-mapped annotations.

Try it out for free!

Watch an intro video

Learn More



BioKnowledge® Transfer

A new tool for annotating genomes of newly sequenced species

Learn More

HGMD



ARTIFICIAL INTELLIGENCE IN MEDICINE

Register or Login Password: SIGN IN Auto-Login [\(Reminder\)](#)

Search for GO

[Advanced Search](#) - [MEDLINE](#) - [My Recent Searches](#) - [My Saved Searches](#) - [Search Tips](#)

JOURNAL HOME

CURRENT ISSUE

BROWSE ALL ISSUES

SEARCH THIS JOURNAL

JOURNAL INFORMATION

- Aims and Scope
- Editorial Board
- Author Information
- Abstracting/Indexing
- Contact Information
- Pricing Information

SUBSCRIBE TO JOURNAL

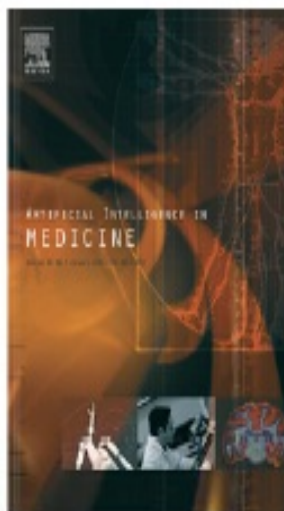
CAREER OPPORTUNITIES

More periodicals:

[FIND A PERIODICAL](#)

[FIND A PORTAL](#)

[GO TO PRODUCT CATALOG](#)



Current Issue

March 2008 | Vol. 42, No. 3

[VIEW CURRENT ISSUE](#)

[VIEW ALL ISSUES](#)

[SEARCH THIS JOURNAL](#)

ABOUT ARTIFICIAL INTELLIGENCE IN MEDICINE

This international journal publishes original articles from a wide variety of interdisciplinary perspectives concerning the theory and practice of medical artificial intelligence. Particular attention is given to AI-based clinical decision-making, medical knowledge engineering, knowledge-based systems in medical education and research, intelligent medical information systems, intelligent databases, books, and libraries, intelligent devices and instruments, medical AI tools, reasoning and metareasoning in medicine, and methodological, philosophical, ethical and social issues of AI in medicine.

ACTIVATE ONLINE ACCESS

Full-text articles are available from 1995 to the present. Access to abstracts is complimentary. Access to full-text is limited to print subscribers. [Register](#) or [login](#) to:

[Buy a Subscription Now](#)

[Activate Online Access](#)

RECEIVE FREE EMAIL ALERTS

[Register](#) or [login](#) to sign up now to receive each issue's table of contents via email as it becomes available.

[Add Table of Contents Alert](#)

FREE TRIAL ISSUE

Nonsubscribers, see what you are missing. [Register](#) or [login](#) to read the sample issue now!

[Free Trial Issue](#)



Heart Rhythm Society

Gateway to the Future

29th Annual
Scientific Sessions
May 14 - 17, 2008
San Francisco, CA

[Instructions to authors](#)

[Subscriptions](#)

[About the journal](#)

[Editorial board](#)

[Customized alerts](#)

[Net Tips](#)

[Help](#)

[Feedback](#)

[Guestbook](#)



The Journal of the
American Medical

Informatics Association is
published for the
American Medical
Informatics Association
by Hanley & Belfus, an
imprint of Elsevier

Stanford University
Libraries

HighWire Press® assists in
the publication of JAMIA
Online



[Have you activated your subscription?](#)

- ▶ [JAMIA PrePrints](#)
updated April 24, 2008
- ▶ [View Future Titles](#)
Through Mar/Apr 2008
- ▶ [Select an Issue from the Archive](#)
Jan/Feb 1994 - Mar/Apr 2008
- ▶ [Search for Articles](#)
Jan/Feb 1994 - Mar/Apr 2008



[Current Issue:](#)
Mar/Apr 2008

For an alternate route to JAMIA Online use
this URL:

<http://intl.jamia.org>

[\(More Information\)](#)



English



Description

Methods of Information in Medicine discusses the basic methodology and scientific fundamentals of processing data, information and knowledge in medicine and health care. It publishes original papers, reviews, reports, opinion papers, and editorials in medical informatics/health informatics and related disciplines such as medical biometry. Since the journal's foundation in 1962, progress in information processing methodology and in information and communication technology has significantly changed our societies. Medicine and health care have taken great advantage of this progress. **Methods of Information in Medicine** continues to publish papers in the whole range of processing data, information and knowledge in medicine and health care, including research in traditional as well as in new areas of this expanding field. It includes topics such as health information systems and patient records; diagnosis and therapy in health care; biomedical data, signal, and image interpretation; clinical bioinformatics; clinical data analysis and statistical studies; expert systems and knowledge representation; simulation and modeling.

Methods of Information in Medicine is official journal of the International Medical Informatics Association (IMIA)

Target group:

Medical informaticians, health informaticians, biostatisticians, informaticians/computer sciences interested in medicine and healthcare, healthcare professionals and researchers interested in informatics, health and biomedical informatics students

General information:

2008, Volume 47 (6 issues) ISSN 0026-1270

Editor-in-Chief:

R. Haux (Germany)

Associate Editors:

D. Aronsky (USA)

T. Y. Leong (Republic of Singapore)

Senior Consulting Editor:

A. T. McCray (USA)

Senior Editors:

J. H. van Bemmel (The Netherlands)

D. A. B. Lindberg (USA)

Founding Editor:

G. Wagner † (Germany)

Editorial Assistant:

I. Hoffmann (Germany)

Bücher

Zeitschriften

Zeitschriftensuche

Thrombosis and
Haemostasis

Ärztliche
Psychotherapie

Adipositas

arthritis + rheuma

Die Internistische
Welt

Die Medizinische
Welt

Die Psychiatrie

Hämostaseologie

IMIA Yearbook

Kinder- und
Jugendmedizin

Methods of
Information in
Medicine

Archive

Methods First

Suchen

Subscription
Prices

Subscribe

Authors

Advertising

Editorial Board

Student



Methods of Information in Medicine is official journal of the International Medical Informatics Association (IMIA).

Electronic Table of Contents

Register now for the latest in
**Methods of Information in
Medicine**

[Register...](#)

Recommend Methods of Information in Medicine



Use our [Recommendation Form](#)

Search

Browse our full-text [here](#)



Products

Journal of Biomedical Informatics

Journal information

[Product description](#)

[Editorial board](#)

[Audience](#)

[Abstracting/indexing](#)

[Special issues and supplements](#)

[Peer Review Policy](#)

Subscription information

[Bibliographic and ordering information](#)

[Conditions of sale](#)

[Dispatch dates](#)

Journal-related information

[Contact the publisher](#)

[Impact factor](#)

[Most downloaded articles](#)

[Other journals in same subject area](#)

[Related publications](#)

Support & contact

About Elsevier

Select your view

JOURNAL OF BIOMEDICAL INFORMATICS

Editor-in-Chief:

E.H. Shortliffe

See [editorial board](#) for all editors information

Special Issue on Biomedical Natural Language Processing

Guest Editors : Wendy W. Chapman, PhD., K. Bretonnel Cohen

Deadline for Submissions: 27th May 2008

Special Issue on Auditing of Terminologies

Guest Editors : James Geller, Yehoshua Perl, Michael Halper, Ronald Cornet

Deadline for Submissions: May 15 (earlier submissions are encouraged)

Description

The *Journal of Biomedical Informatics* (formerly *Computers and Biomedical Research*) has been redesigned to reflect a commitment to high-quality original research papers and reviews in the area of biomedical informatics. Although published articles are motivated by applications in the biomedical sciences (for example, clinical medicine, health care, population health, imaging, and bioinformatics), the journal emphasizes reports of new methodologies and techniques that have general applicability and that form the basis for the evolving science of biomedical informatics. Articles on medical devices, and formal evaluations of completed systems, including clinical trials of information technologies, would generally be more suitable for publication in other venues. Papers on applications of signal processing and image analysis are often more suitable for biomedical engineering journals, although we do publish papers that emphasize the information management and knowledge representation/modeling issues that arise in the storage and use of biological signals. System descriptions are welcome if they illustrate and substantiate the underlying methodology that is the principal focus of the report.

CONSIDERING SUBMITTING TO JBI? READ THIS SUMMARY TO LEARN WHAT IS APPROPRIATE FOR THE JOURNAL.

The *Journal of Biomedical Informatics* (JBI), first published by Academic Press in 1968 under the title *Computers and Biomedical Research* (CBR), was redesigned and renamed beginning with Volume 34 in 2001. Building on a strong 33-year history since CBR premiered in 1968, we made a number of changes to update and reorient the journal in light of the evolution of the field, while simultaneously seeking to fill a niche not clearly identified as a central focus by the other journals that publish papers in biomedical informatics research. We stated that goal as follows in our inaugural editorial:

"It is increasingly difficult to publish articles that will have broad appeal to a diverse readership. We have accordingly decided that it is important to introduce a tighter focus to the journal in the years ahead, and it is with this in mind that we have renamed the journal to reflect a more modern and narrow emphasis. The Journal of Biomedical Informatics (JBI) is intended to complement rather than to compete with the other major journals in biomedical informatics. In particular, we wish to emphasize papers that elucidate methodologies that generalize across biomedical domains and that help to form the scientific basis for the field. Papers will tend to be concerned with information technology rather than medical devices, and on underlying methods rather than system descriptions or summative evaluations. You should expect this journal to be an excellent source of new ideas about how to tackle difficult problems that arise in the development of computational solutions to problems in the biomedical sciences and clinical practice."

We are pleased by the subsequent success of the journal, with a growing impact factor every year, and hope that our readers and published authors are similarly impressed by the quality of both the work and the writing that we have attracted to these pages. That quality has come at some cost. In the early years of JBI, some papers that once would have been suitable for CBR were turned away without review because they did not conform to the new editorial policy. It is now much less frequent, but we still get some papers that are returned without review because the authors have either been unaware of our editorial focus or have not understood the implications of the changes that we have announced.

JBI seeks to publish papers that make a conceptual contribution to the field, for example by describing an innovation in methodology or techniques or by discussing substantive lessons that have been learned in the context of an interesting informatics project. When a contribution has a theoretical basis, that theory is an appropriate emphasis for the exposition as well. In the figure below we illustrate our view of the relationship between the scientific base in the field and the areas of application that characterize work in biomedical informatics. In our experience, many research projects that start as applications



For Readers

[Full text in ScienceDirect](#)

[Sample issue](#)

[Free volume/issue alert](#)

For Authors

[Guide for authors](#)

[Submit your article](#)

[Track your accepted article](#)

For Editors

[Tracking for Editors](#)

Related websites

[American Medical Association Publishing Ethics](#)

[Resource Kit \(PBR\)](#)

[Color Figures Online for Free!](#)

[Article Instructions](#)

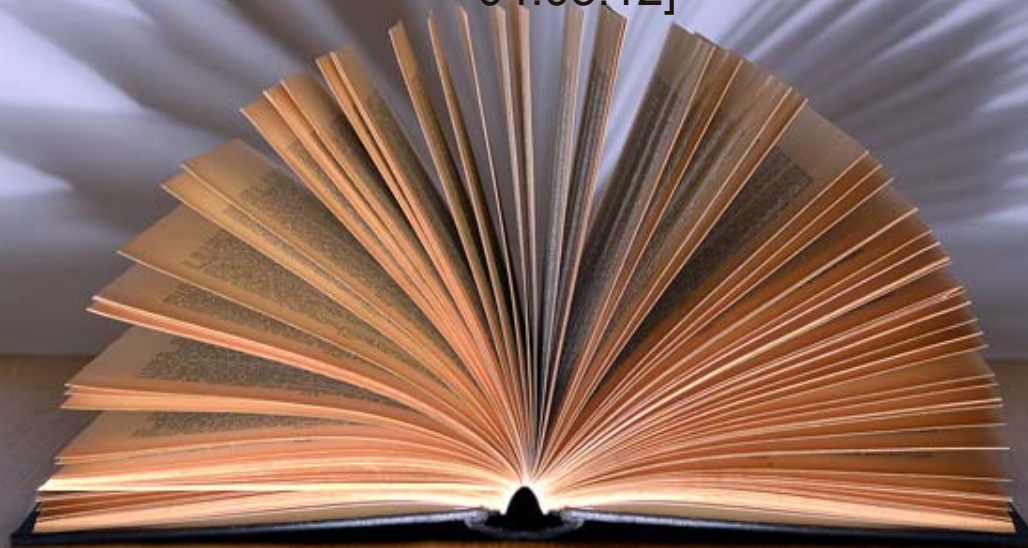
[Bookmark this page](#)

[Recommend this publication](#)

[Overview of all journals](#)

Използвани източници:

1. <http://www.nbu.bg/PUBLIC/IMAGES/File/departamenti/medikobiologichni/Bio.Aktivni.pdf> [Посетен на 04.03.12]
2. http://eprints.nbu.bg/666/1/Pc_appl._in_medicine.pdf [Посетен на 04.03.12]
3. http://en.wikipedia.org/wiki/Biological_database [Посетен на 02.03.12]
4. http://en.wikipedia.org/wiki/List_of_biological_databases [Посетен на 02.03.12]
5. <http://dawhois.com/site/biological-databases.com.html> [Посетен на 04.03.12]



Благодаря Ви ЗА ВНИМАНИЕТО!!!



