

Spis treści

Przedmowa	XI
-----------------	----

CZĘŚĆ PIERWSZA

Wprowadzenie i biologiczne bazy danych

1 Wprowadzenie	3
Czym jest bioinformatyka?	5
Cele	5
Zakres zainteresowań	6
Zastosowania	7
Ograniczenia	8
Przyszłe obszary zainteresowań	9
Literatura uzupełniająca	9
2 Wprowadzenie do biologicznych baz danych	11
Co to jest baza danych?	11
Typy baz danych	12
Biologiczne bazy danych	15
Pułapki w bazach danych	19
Pobieranie informacji z biologicznych baz danych	21
Podsumowanie	30
Literatura uzupełniająca	30

CZĘŚĆ DRUGA

Przyrównywanie sekwencji

3 Przyrównywanie sekwencji parami	33
Podstawy ewolucyjne	33
Homologia sekwencji a podobieństwo sekwencji	34
Podobieństwo sekwencji a identyczność sekwencji	36
Metody	36
Macierze punktowania	44
Istotność statystyczna przyrównania sekwencji	49
Podsumowanie	51
Literatura uzupełniająca	52

4	Wyszukiwanie podobnych sekwencji w bazach danych	53
	Wyjątkowe wymagania związane z przeszukiwaniem baz danych.....	53
	Metoda heurystyczna.....	54
	BLAST.....	55
	FASTA.....	60
	Porównanie programów FASTA i BLAST	63
	Przeszukiwanie baz danych metodą opartą na algorytmie Smitha-Watermana	64
	Podsumowanie	65
	Literatura uzupełniająca	65
5	Przyrównanie wielu sekwencji.....	67
	Funkcja oceniająca	68
	Algorytmy wyczerpujące.....	68
	Algorytmy heurystyczne.....	69
	Kwestie praktyczne.....	76
	Podsumowanie	78
	Literatura uzupełniająca	79
6	Profile i ukryte modele Markowa	81
	Macierze ocen specyficzne względem pozycji.....	81
	Profile.....	84
	Model Markowa i ukryty model Markowa	85
	Podsumowanie	90
	Literatura uzupełniająca	91
7	Motywy białkowe i przewidywanie domen.....	93
	Identyfikacja motywów i domen w przyrównaniu wielu sekwencji.....	94
	Bazy danych motywów i domen białkowych oparte na wyrażeniach regularnych	94
	Bazy danych motywów i domen oparte na modelach statystycznych	96
	Bazy danych rodzin białkowych.....	99
	Wykrywanie motywów w nieprzyrównanych sekwencjach	100
	Logo sekwencyjne.....	102
	Podsumowanie	102
	Literatura uzupełniająca	103

CZĘŚĆ TRZECIA

Przewidywanie genów i promotorów

8	Przewidywanie genów	107
	Kategorie programów służących do przewidywania genów	108
	Przewidywanie genów u Prokaryota	108
	Przewidywanie genów u Eukaryota.....	115
	Podsumowanie	123
	Literatura uzupełniająca	124

9 Przewidywanie promotorów i elementów regulatorowych.....	125
Promotory i elementy regulatorowe u Prokaryota.....	126
Promotory i elementy regulatorowe u Eukaryota.....	126
Algorytmy służące do przewidywania	127
Podsumowanie	136
Literatura uzupełniająca	137

CZĘŚĆ CZWARTA

Filogenetyka molekularna

10 Podstawy filogenetyki	141
Ewolucja molekularna i filogenetyka molekularna.....	141
Terminologia.....	143
Filogeneza genów a filogeneza gatunków	145
Formy reprezentacji drzew.....	145
Dlaczego trudno znaleźć poprawne drzewo?	147
Procedura.....	148
Podsumowanie	156
Literatura uzupełniająca	157
11 Konstruowanie drzew filogenetycznych – metody i programy	159
Metody odległościowe.....	159
Metody oparte na znakach.....	167
Ocena drzewa filogenetycznego.....	181
Programy filogenetyczne.....	185
Podsumowanie	186
Literatura uzupełniająca	188

CZĘŚĆ PIĄTA

Bioinformatyka strukturalna

12 Podstawowe informacje na temat struktury białek	191
Aminokwasy.....	191
Tworzenie się peptydu	192
Kąty torsyjne.....	194
Hierarchia.....	194
Struktury drugorzędowe.....	197
Struktura trzeciorzędowa	199
Rozwiązywanie trójwymiarowej struktury białek	200
Baza danych struktur białkowych	201
Podsumowanie	205
Literatura uzupełniająca	206

13 Wizualizacja, porównanie i klasyfikacja struktur białkowych	207
Wizualizacja struktur białek	207
Analiza porównawcza struktur białkowych	211
Klasyfikowanie struktur białkowych	216
Podsumowanie	219
Literatura uzupełniająca	220
14 Przewidywanie struktury drugorzędowej białek	221
Przewidywanie struktury drugorzędowej białek globularnych	222
Przewidywanie struktury drugorzędowej białek transmembranowych	230
Przewidywanie splecionych helis	233
Podsumowanie	234
Literatura uzupełniająca	235
15 Przewidywanie struktury trzeciorzędowej białek	237
Metody	238
Modelowanie homologiczne	238
Rozpoznawanie zwoju	247
Przewidywanie struktur białkowych <i>ab initio</i>	252
CASP	253
Podsumowanie	254
Literatura uzupełniająca	255
16 Przewidywanie struktury RNA	257
Wstęp	257
Typy struktur RNA	259
Metody przewidywania struktury drugorzędowej RNA	260
Podejście <i>ab initio</i>	260
Podejście porównawcze	263
Ocena jakości	266
Podsumowanie	266
Literatura uzupełniająca	267

CZĘŚĆ SZÓSTA

Genomika i proteomika

17 Mapowanie, składanie i porównywanie genomów	271
Mapowanie genomów	271
Sekwencjonowanie genomów	273
Składanie sekwencji genomowej	276
Opisywanie genomów	279
Genomika porównawcza	284
Podsumowanie	289
Literatura uzupełniająca	290

18	Genomika funkcjonalna	291
	Metody sekwencyjne	291
	Metody oparte na mikromacierzach	298
	Porównanie SAGE i mikromacierzy DNA	310
	Podsumowanie	310
	Literatura uzupełniająca	311
19	Proteomika	313
	Technologia analizy ekspresji białek	313
	Modyfikacje potranslacyjne	320
	Sortowanie białek	322
	Oddziaływania między białkami	323
	Podsumowanie	329
	Literatura uzupełniająca	330
Dodatki		
	Dodatek 1 Ćwiczenia praktyczne	333
	Dodatek 2 Słownik	351

Indeks rzeczowy	367
-----------------------	-----