

NCBI 简介

ChenYuan

课程概要

- NCBI是啥？有啥？What
- NCBI怎么用？How

BLAST使用

BioPython使用

NCBI是啥？

Introduction to NCBI----What?



国家生物技术信息中心 (National Center for Biotechnology Information , 简称NCBI) 是美国国家医学图书馆 (NLM) 的一部分 (该图书馆是美国国家卫生研究所的一部分) 。

The National Center for Biotechnology Information



Created in 1988 as a part of the National Library of Medicine at NIH

- Establish public databases
- Research in computational biology
- Develop software tools for sequence analysis
- Disseminate biomedical information

NCBI Databases and Services

- GenBank [primary sequence database](#)
- Free public access to biomedical literature
 - PubMed [free Medline \(3 million searches per day\)](#)
 - PubMed Central [full text online access](#)
- Entrez [integrated molecular and literature databases](#)
- BLAST [highest volume sequence search service \(100 – 200 K searches per day\)](#)
- VAST [structure similarity searches](#)
- Software and Databases

NCBI数据库和工具

- › **生物数据库**
 - 文献数据库
 - 核酸数据库
 - 基因组资源库
 - ENTREZ数据库
- › **生物信息工具**
 - 数据挖掘的工具
 - 序列分析工具
 - 三维结构显示和相似查询的工具
- › **图谱 (MAPS)**
- › **癌症协作研究项目**
- › **FTP数据下载**

NCBI怎么用？

Introduction to NCBI----How?

Entrez全数据库搜索 Example: 血红蛋白 β 链HBB

查看基因信息

下载FASTA格式数据

Run BLAST

BLAST

BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) allows rapid sequence comparison of a query sequence against a database.

The BLAST algorithm is fast, accurate, and web-accessible.

BLAST--步骤

- 选择一个BLAST程序
- 选择你所感兴趣的序列，输入到BLAST中
- 选择一个用于搜索的数据库
- 为搜索和输出格式选择可选参数

BLAST--Step1 选择一个BLAST程序

Basic BLAST

Choose a BLAST program to run.

[nucleotide blast](#)

Search a **nucleotide** database using a **nucleotide** query
Algorithms: blastn, megablast, discontiguous megablast

[protein blast](#)

Search **protein** database using a **protein** query
Algorithms: blastp, psi-blast, phi-blast, delta-blast

[blastx](#)

Search **protein** database using a **translated nucleotide** query

[tblastn](#)

Search **translated nucleotide** database using a **protein** query

[tblastx](#)

Search **translated nucleotide** database using a **translated nucleotide** query

BLAST—Step2 输入

可以输入Acession number/gi/FASTA序列
或上传一个文件

NCBI/ BLAST/ blastn suite

Standard Nucleotide BLAST

blastn [blastp](#) [blastx](#) [tblastn](#) [tblastx](#)

Enter Query Sequence

BLASTN programs search nucleotide databases using a nucleotide query. [more...](#)

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) [?](#)

[Clear](#) [Query subrange](#) [?](#)

From

To

Or, upload file 选择文件 未选择任何文件 [?](#)

Job Title

Enter a descriptive title for your BLAST search [?](#)

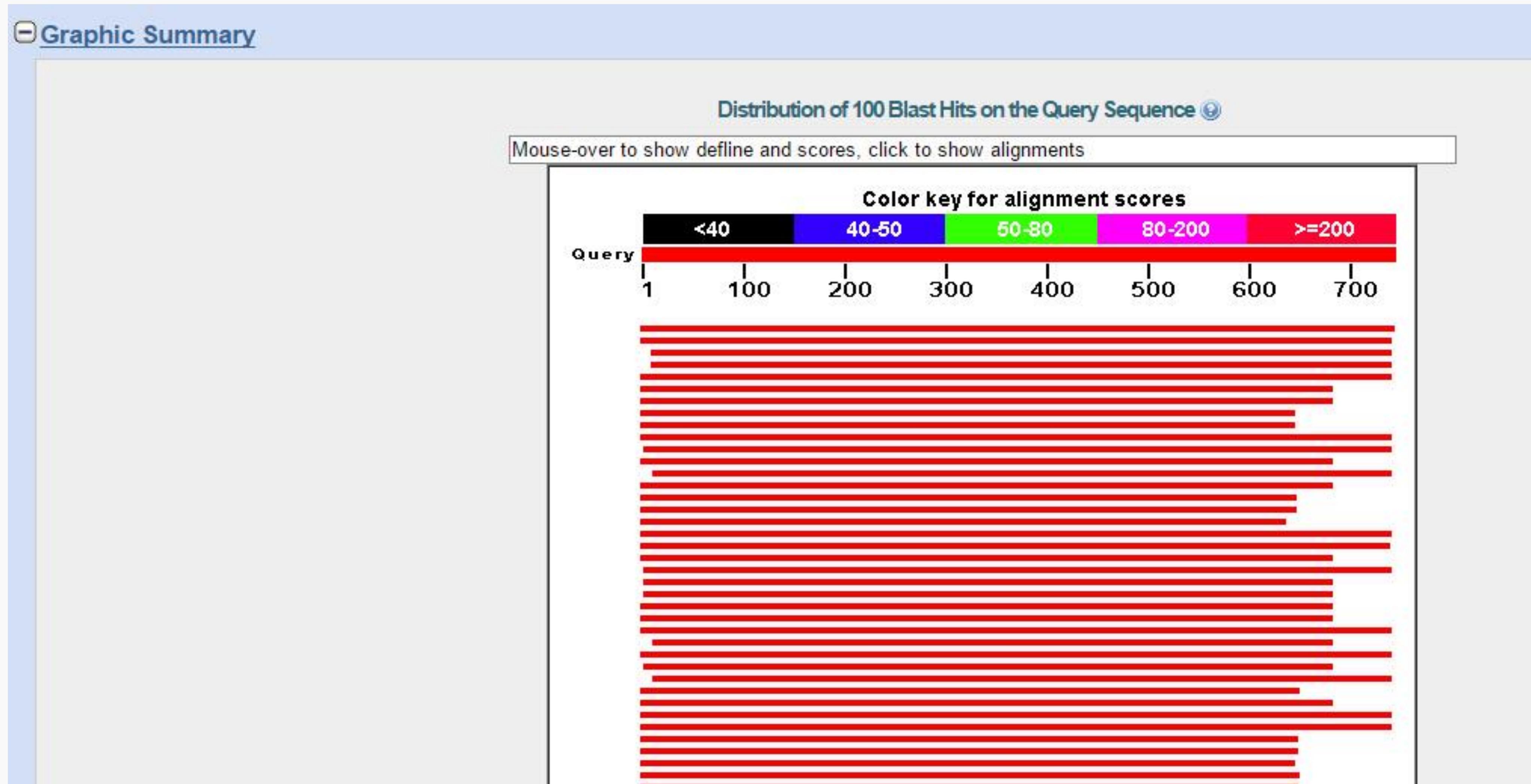
Align two or more sequences [?](#)

FASTA格式介绍

- 第一行是由大于号 “>” 起始的任意文字说明
- 从第二行开始为序列本身，只允许使用既定的核苷酸或氨基酸编码符号

```
>gi|1679627|gb|U41284.1|HSU41284 Homo sapiens cytochrome c oxidase (COX5B) gene, partial cds
GAGCTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGGCAACATAGAGAGACCCATCTCTAGAAAAAAACAAAAAATTAGC
CAGAOCACACACTTGAGTAGTGCCCTGTAGTCOCAGCCACTCTGGAGGCTGAGGTGAGAGGATGGCTTGGGCAC
AGGAGGGCAAGACTTCAGTGAGCCTTGATTGTATCAGTGCACCTTCAGACTAGGCAACAGAGTGAGAOCCT
GTCTCAAAAAATTAAACCTTGTGAACTGATG TGATTGOCOCCTTTCTTGTTAGAAATACATTTTAT
TTGTTTACTTTTACTTTATCATCATCACTTGTAAGATACCTTAAAGTAAAGACATCCTTTATCCT
TGAAACATTGAGGGTAAGTTTGATCTTAAACATAATGTATGGACTCCTGTGACTTTGTGAAGCTGTAT
```

BLAST—Step3 Result



- Download: <http://biopython.org/wiki/Download>
- Example:
 - 用BioPython转录翻译
 - 用BioPython进行BLAST