

W poszukiwaniu (opatentowanych?) sekwencji nukleotydów oraz aminokwasów

Konspekt prezentacji przedstawionej podczas seminarium: Wynalazki biotechnologiczne – aspekty praktyczne, AGH 12 kwietnia 2018r.

Marcin Maćkowski, rzecznik patentowy

(<mailto:mackowskiipatent@gmail.com>)

Podstawy teoretyczne

1. Centralny dogmat biologii molekularnej
https://pl.wikipedia.org/wiki/Centralny_dogmat_biologii_molekularnej
2. DNA
https://pl.wikipedia.org/wiki/Kwas_deoksyrybonukleinowy
3. Białka
<https://pl.wikipedia.org/wiki/Bia%C5%82ka>
4. Standard ST.25
<http://www.wipo.int/export/sites/www/standards/en/pdf/03-25-01.pdf>

Zaprezentowane narzędzia (bazy):

1. BLAST
<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>
2. Lens
<https://www.lens.org/lens/bio>

Przydatne narzędzia:

1. Zamiana trzyliterowych oznaczeń aminokwasów w polipeptydach na oznaczenia jednoliterowe:
http://bioinformatics.org/sms2/three_to_one.html
2. Translacja sekwencji nukleotydów DNA na sekwencję aminokwasów w polipeptydzie: <http://www.bioinformatics.org/sms2/translate.html>
3. Odwrotna translacja sekwencji aminokwasów w polipeptydzie na możliwą sekwencję nukleotydów w DNA:
http://www.bioinformatics.org/sms2/rev_trans.html