

Una proteina nella rete:

Glossario

Abstract: breve riassunto che illustra il contenuto di una pubblicazione.

Accession number: numero di serie assegnato a una sequenza nucleotidica o aminoacidica contenuti in una banca dati, in modo da poterla identificare in modo univoco.

Bioinformatica: disciplina cosituata dall'insieme degli strumenti informatici e delle loro applicazioni che sono utilizzati per ricerche di base e applicate nei diversi settori della biologia e della medicina.

BLAST: acronimo di Basic Local Alignment Search Tool. E' un programma per la ricerca di omologie locali di sequenza. BLAST può eseguire migliaia di confronti fra sequenze in pochi minuti perciò permette di confrontare in poco tempo una sequenza query con l'intero database per ricercare tutte le sequenze simili ad essa.

Cross reference: accession number ad altre banche dati che contengono informazioni relative al gene o alla proteina di interesse.

Database: banca dati, collezione di informazioni organizzate in modo che sia possibile richiamare diversi tipi di informazione (ad esempio PagineGialle on line).

Dominio: una parte della sequenza proteica con una struttura indipendente e con una funzione specifica

E-value: indica quanto è statisticamente probabile che l'allineamento tra due sequenze sia casuale. Più questo valore si avvicina allo zero più è probabile che le sequenze siano simili.

Fattore di trascrizione: una proteina che è coinvolta nella regolazione della trascrizione di un gene.

Homepage: pagina di accesso di un sito WEB. Dalla home page si possono trovare i link alle varie informazioni contenute nel sito.

Link: accesso diretto a diverse pagine di uno stesso sito Web o ad altri siti WEB (banche dati, referenze bibliografiche, ect) tramite un click del mouse su un'icona o una parola.

Mutazione: variazione nella sequenza nucleotidica di un gene che produce un fenotipo distinto.

NCBI: il National Center for Biotechnology Information, Bethesda, negli USA e' una fonte di informazioni di biologia molecolare. Questo centro crea e mantiene database pubblici,

svolge ricerche computazionali, sviluppa programmi per analizzare i dati genomici e si occupa della diffusione di informazione biomedica.

Omologia: il termine si riferisce a sequenze che condividono un progenitore comune. L'omologia e' un carattere qualitativo basato sulla misura oggettiva della similarita'.

Pax6: sesto elemento della famiglia di proteine Pax (=paired box), svolge la funzione di fattore di trascrizione.

Query: termine inglese che corrisponde a "interrogazione". Il dato (parole chiave o sequenze) che si immette nella apposita casella (indicata con "search for" o "find" o altro) costituisce la query.

Referenza: insieme dei dati che identifica una pubblicazione. Di solito comprende nome degli autori, titolo, nome della rivista o del libro e numeri di pagina.

Regioni a bassa complessita': sequenze proteiche che generalmente non sono considerate (mascherate) dalla ricerca perche' il loro allineamento avrebbe scarso significato biologico. Si tratta, per esempio di sequenze ricche di un dato amminoacido o di alcuni amminoacidi ripetuti piu' volte.

Sequenza amminoacidica: sequenza di amminoacidi che caratterizza una proteina.

Sequenza nucleotidica: sequenza di DNA o RNA composta appunto da nucleotidi.

Similarita': rappresenta un parametro quantitativo che esprime quanto una sequenza e' simile ad un'altra.