

Genexpressionsdatenbanken

ArrayExpress

Gliederung

- Mikroarrays
- Struktur von Genexpressionsdatenbanken
- Arrayexpress

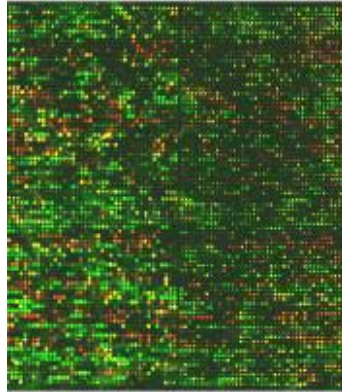
Aufbau und Statistik

Standardisierung

Abfragen und Einstellen von Daten

Mikroarrays

- Glasplatte mit an bestimmten Punkten fixierten kurzen DNA-Sequenzen
- Mehrere zehntausend Punkte mit identischer DNA-Sequenz, die 20 bis mehrere Hundert Nukleotide lang ist
- Sequenz sollte ein Gen oder ein Exon eines Gens definieren



Mikroarrays

- Verwendet zur Messung der Genexpression
- Welche Gene werden in einem bestimmten Zelltyp, zu einer bestimmten Zeit oder unter bestimmten Bedingungen exprimiert?
- Vergleich von gesundem und krankem Gewebe

Mikroarrays - Verwendung

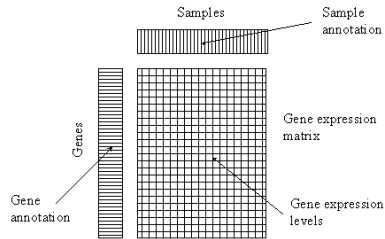
- Gesamte mRNA von Zellen unter 2 verschiedenen Bedingungen wird mit Fluoreszenzfarbstoff markiert: Bei Bedingung 1 grün und bei Bedingung 2 rot
- Beide Proben werden auf das Array gegeben und hybridisieren mit komplementärer Sequenz
- Messung der Menge an gebundener Probe über ausgestrahlte Fluoreszenz nach Anregung mit Laser

Mikroarray – Ergebnis und Messung

- Bindung der RNA mit Bedingung 1 → grüner Punkt
 - Bindung der RNA mit Bedingung 2 → roter Punkt
 - Beide binden gleich stark → gelber Punkt
 - Keiner von beiden bindet → schwarzer Punkt
 - Aus der Intensität der Fluoreszenz und den Farben lässt sich die relative Expressionsstärke von Genen in beiden Proben ermitteln
- **Ergebnis:** viele und sehr komplexe Daten

Struktur von Genexpressions-DB

- Genexpressionsdaten haben nur in Verbindung mit einer bestimmten biologischen Probe und den exakten Bedingungen unter denen die Proben gewonnen wurden Bedeutung.



Struktur von Genexpressions-DB

- Eine vollständige und detaillierte Genannotation ist notwendig, da ein Gen zu mehreren Punkten auf dem Array in Beziehung stehen kann.
- Es gibt keinen Standard für die Messung von Genexpressionsleveln. Daher sollte in der DB gespeichert sein, wie die Genexpressionsmatrix ermittelt wurde.

ArrayExpress

Genexpressionsdatenbank vom
European Bioinformatics Institute

Aufbau und Statistik

- Öffentliche Genexpressionsdatenbank
- 3 Hauptkomponenten: Arrays, Experimente und Protokolle
- DB Statistik vom Mai 2005:
 - DB Größe in MB: 580705
 - DB Zeilen: 336.318.536
 - Experimente: 667
 - Arrays: 447
 - Protokolle: 3683
 - Hybridisierungen: 19241

Struktur und Statistik

- MIAMExpress: webbasiertes Tool zum Einstellen von Daten
- ArrayExpress Hauptspeicher mit öffentlichem und passwortgeschütztem Zugang
- Anfrage optimiertes Data Warehouse mit aufgearbeiteten und kontrollierten Daten
- Expression Profiler: integriertes Online Visualisierungs- und Analysetool

Standardisierung

- ArrayExpress unterstützt die Standards und Empfehlungen der Microarray Gene Expression Data (MGED) society (www.mged.org)
- Dazu gehört die „Minimum Information About a Microarray Experiment“ (MIAME) und der Standard MAGE (Microarray and Gene Expression) bestehend aus einem Objektmodell (MAGE-OM), die „Microarray Gene Expression Mark up Language“ (MAGE-ML) und MAGE-stk (Software zur Erstellung von MAGE-ML)

Abfragen von Daten

Query for Experiments

Give an experiment **accession number** for example E-MANP-2, [Query >>](#)

or fill out some of the following fields to get a list of matching experiments:

| | | |
|---|--|--|
| Species < any species > | Author <input type="text"/> | Laboratory <input type="text"/> |
| Array accession number <input type="text"/> | Array design name <input type="text"/> | Array provider <input type="text"/> |
| Experiment type < any type > | Experimental Factors < any factor > | Description contains the word <input type="text"/> |

Query for Arrays

Give an array **accession number** for example A-TIGR-32, [Query >>](#)

or fill out some of the following fields to get a list of matching arrays:

| | |
|--|---|
| Array design name <input type="text"/> | Array provider <input type="text"/> |
|--|---|

Query for Protocols

Give a protocol **accession number** for example P-SNGR-8, [Query >>](#)

or fill out the following field to get a list of protocols of the given type:

| |
|--------------------------------------|
| Protocol type < any type > |
|--------------------------------------|

Ergebnis

User **guest**, your query for **experiments** produced
1
match

with accession = **E-MEXP-14**

| | | | |
|--|-------------------------------|--|--|
| 1 / 1 | Experiment : E-MEXP-14 | Submitter(s) : Williams | Lab : Biosciences, The University of Birmingham |
| Experiment Design Type : growth condition | | | |
| (Generated description) : Experiment with 10 hybridizations, using 10 samples of species [Platichthys flesus], using 10 arrays of array design [Birmingham Flounder 160], producing 10 raw data files and 0 transformed and/or normalized data files. | | | |
| (Submitter's description 1) : Comparison of environmentally sampled flounder from the Tyne and Alde estuaries, related experiment E-MEXP-15 | | | |
| Retrieve data >> | | Experimental protocols >> Get MAGE-OM view >> | |
| Providers >> | | Array design used >> E-MEXP-14.zip (632 KB) >> | |
| Bibliographic references >> | | Samples >> E-MEXP-14.tar.gz (606 KB) >> | |

Retrieve Data

18 BioAssays

Select all Invert selection

- MBA.MEXP-84 >
- MBA.MEXP-91 >
- MBA.MEXP-92 >
- MBA.MEXP-93 >
- MBA.MEXP-94 >
- MBA.MEXP-95 >
- MBA.MEXP-96 >
- MBA.MEXP-97 >
- MBA.MEXP-98 >
- MBA.MEXP-102 >
- MBA.MEXP-103 >
- MBA.MEXP-104 >
- MBA.MEXP-105 >
- MBA.MEXP-106 >
- MBA.MEXP-107 >
- MBA.MEXP-108 >
- MBA.MEXP-109 >
- MBA.MEXP-110 >

22 QuantitationTypes

Select all Invert selection
If nothing is selected, ratios will be exported


- GEM ID >
- Incyte Location >
- Diff Expr >
- Balanced Diff Expr >
- P1 Signal >
- P1 S/D >
- P1 Area% >
- P2 Balanced Signal >
- P2 Signal >
- P2 S/D >
- P2 Area% >
- Probe 1 >
- P1 Description >
- Probe 2 >
- P2 Description >
- Gene ID >
- Plate Row >
- Plate Column >
- Plate ID >
- Gene Name >
- Clone ID >
- Clone Source >

Array Annotation

Select all Invert selection
If nothing is selected, reporter or composite sequence names and numeric database identifiers will be exported (works faster)

- Database DB:embl
- Reporter identifier
- Reporter name
- Reporter group
- Reporter sequence type
- Reporter control type
- Database DB:tramb1
- Feature coordinates: metaColumn metaRow column row

[Export data >](#)

| | |
|---|--|
|  | <p>See data matrix ></p> <p>Quick data analysis in Expression Profiler</p> <p>Complete data upload to Expression Profiler</p> <p>Data upload to new Expression Profiler</p> |
|---|--|

MAGE-OM View

| | |
|--------------------------------------|--|
| bioAssays { 11 of 20 } | |
| identifier | PBA:707 |
| bioAssayCreation | |
| identifier | HYB:707 |
| name | AM2730vsAMPool(2B06) |
| descriptions | associated 1 Description objects > |
| protocolApplications | associated 1 ProtocolApplication objects > |
| array | referenced Array object > |
| sourceBioMaterialMeasurements | associated 2 BioMaterialMeasurement objects > |
| bioAssayTreatments { 1 of 1 } | |
| identifier | PBASCAN:707 |
| protocolApplications | associated 1 ProtocolApplication objects > |
| target | referenced PhysicalBioAssay object > |

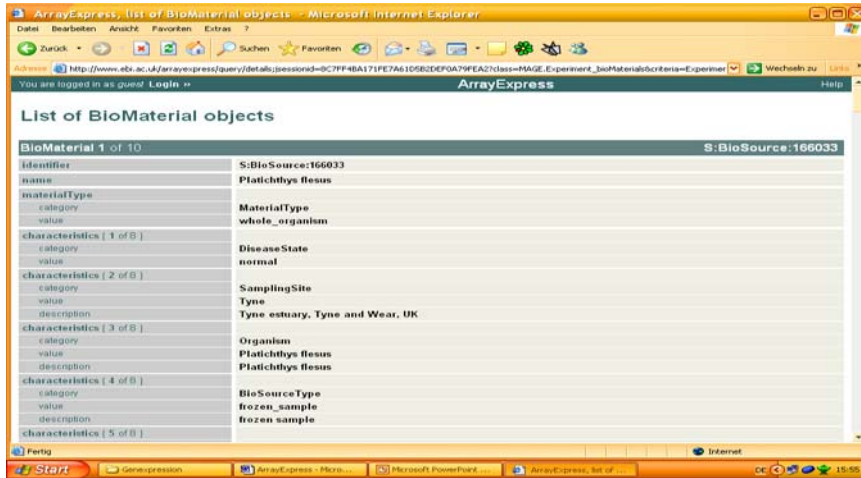
Providers

| Contact 1 of 5 | | PERS:Timothy_Williams:159 |
|----------------|---|---------------------------|
| identifier | PERS:Timothy_Williams:159 | |
| lastName | Williams | |
| firstName | Timothy | |
| midInitials | D | |
| affiliation | | |
| identifier | ORG:The University of Birmingham | |
| name | Biosciences,The University of Birmingham | |
| address | Edgbaston,Birmingham,West Midlands,B15 2TT,United Kingdom | |
| parent | | |
| identifier | ORG:The University of Birmingham:Biosciences | |
| name | Biosciences | |

Bibliographie

| BibliographicReference 1 of 1 | |
|-------------------------------|---|
| title | A DNA expression array to detect toxic stress response in European flounder (<i>Platichthys flesus</i>) |
| authors | Timothy Williams, Karl Gensberg;Steven Minchin andJamesChipman |
| publication | Aquatic Toxicology |
| year | 2003 |
| volume | 65 |
| pages | 141-157 |
| parameters { 1 of 1 } | |
| category | PublicationType |
| value | journal_article |

Proben



Ergebnis bei Suche nach Array

| | | | | |
|--|--------------------------|--------------------------------------|-----------------------------|--|
| 1 / 1 | Array : A-MEXP-14 | Name : Birmingham Founder 160 | Version : 2B | Provider : Biosciences,The University of Birmingham |
| <p>(Generated description): Array with 960 features, in 16 zones, with 146 biosequences representing 146 reporters and 0 composite sequences, with surface type aminosilane</p> <p>(Submitter's description 1): This array contains PCR products which were amplified from European flounder (<i>Platichthys flesus</i>) genomic DNA, liver or ovary cDNA and clones derived from SSH (Clontech PCR-select) comparisons of wild flounder from the Tyne estuary (Tyne and Wear, UK) and Alde estuary (Suffolk, UK). This array includes PCR products representative of genes of toxicological interest.</p> | | | | |
| <p>Get MAGE-OM view >> Experiments done with this Array >> Available MAGE-ML files:</p> | | | | |
| Providers >> | | Spreadsheet (Excel) >> | A-MEXP-14.zip (27 KB) >> | |
| | | Spreadsheet (tab-delim.) >> | A-MEXP-14.tar.gz (24 KB) >> | |

Protokoll

| Protocol 1 of 1 | | P-MEXP-1029 |
|----------------------------------|---|-------------|
| identifier | P-MEXP-1029 | |
| text | Flounder liver samples were crushed with DEPC treated, autoclaved, mortars and pestles. mRNA was prepared from each sample with the PolyAttract kit (Promega). First strand cDNA was synthesised from 200ng mRNA using Superscript II reverse transcriptase (Invitrogen) with random nonamer primers (Alta Bioscience, Birmingham, UK). Remaining RNA was removed by adding NaOH (Sigma) to 133 mM and EDTA (Sigma) to 33mM and incubating at 65C for 1 hour. Subsequently, the reactions were neutralised with Tris/Cl pH8 (Sigma) added to 250mM. cDNA was purified by OIA-prep spin columns (Qiagen), after addition of sodium acetate pH 5.2 (Sigma) to 333mM. cDNA was eluted in 50ul EB (Qiagen). | |
| parameterTypes [1 of 2] | | |
| identifier | PARAM:EXTRACTED_PRODUCT:3591 | |
| name | Extracted product | |
| parameterTypes [2 of 2] | | |
| identifier | PARAM:AMPLIFICATION_EXTRACT:3592 | |
| name | Amplification | |


Data Warehouse

Anfragen nach Geneigenschaften wie Name, Funktion, Familie, Motive und Domänen oder Probeneigenschaften

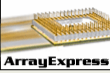
Bearbeiten Ansicht Favoriten Extras ?

Zurück Suchen Favoriten

http://www.ebi.ac.uk/aedw/index.html Wechseln zu



EMBL-EBI
European Bioinformatics Institute



ArrayExpress Data Warehouse Prototype Help

Simple Query Form

Gene(s) *All gene properties (name, synonyms and references to various databases).
Single term: approximate match.
Comma separated list: exact match.*

Species *A word or a phrase from the experiment description*

Description *Accession number*

UniProt *Accession number*

Query »
Clear »

At present, the following experiments are accessible from this prototype:
[E-AFMX-4](#) [E-AFMX-5](#) [E-MEXP-18](#) [E-MEXP-25](#) [E-MEXP-32](#)


Send any comments to the **ArrayExpress Team**. Help

Internet

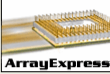
Bearbeiten Ansicht Favoriten Extras ?

Zurück Suchen Favoriten

http://www.ebi.ac.uk/aedw/DW/?sessionId=\$session?queryType=21Gene&nextPage=GeneList_mod.vm&superRetrieve=21gene_name%2Csynonym%2Cembl% Wechseln zu



EMBL-EBI
European Bioinformatics Institute



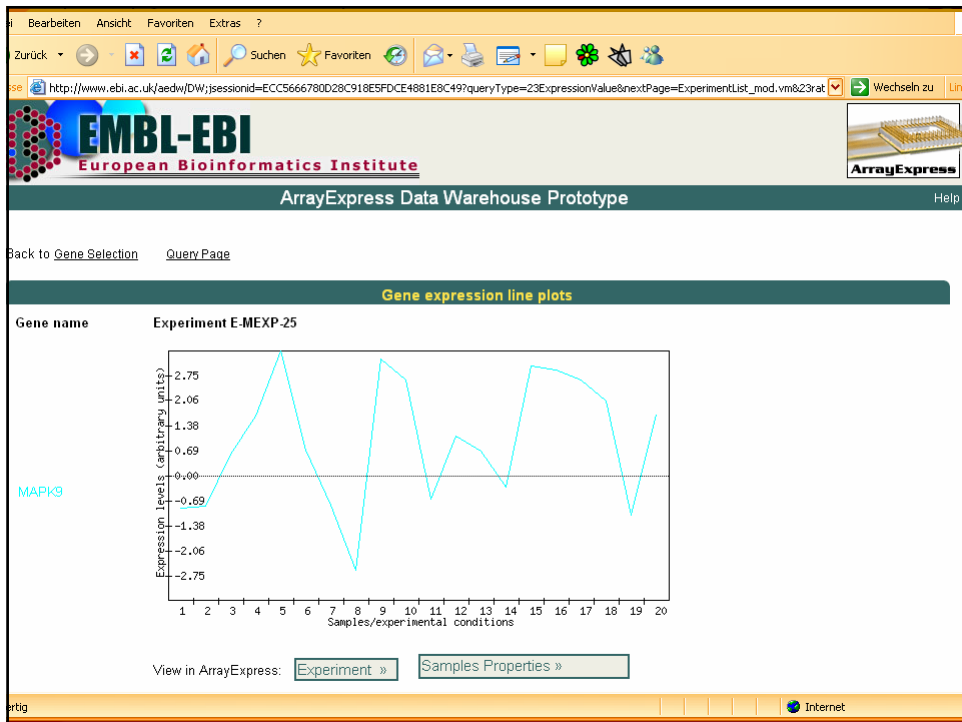
ArrayExpress Data Warehouse Prototype Help

[Back to Query Page](#) Display expression of selected gene(s)

Gene Selection

| Gene name | Synonym | EMBL | EnsGene | GO | InterPro | LocusLink | refseq | UniGene | UniProt |
|--|-------------------------|--------------------------|---------------------------------|--|---------------------------|----------------------|-----------------------------|---------------------------|------------------------|
| <input type="checkbox"/> MAPK9 | JNK2 PRKM9 | U09759 | | GO:0006950 GO:0007254 GO:0007165 GO:0004705 GO:0005634 | IPR003527 | | | Hs.381507 | P45984 |
| <input type="checkbox"/> JUND | | X56881 | ENSG00000130522 | GO:0006357 GO:0003702 GO:000785 | IPR005643 | 3727 | NM_005354 | Hs.2780 | P17636 |
| <input type="checkbox"/> MAPK10 | JNK3 JNK3A PRKM10 | U07620 | ENSG00000109339 | GO:0004708 GO:0007254 GO:0007165 GO:0004705 GO:0005634 | IPR003527 | 5602 | NM_138982 | Hs.151051 | P53779 |
| <input type="checkbox"/> JUN | | BG491844 | ENSG00000116621 | GO:0002228 GO:0003702 GO:0003700 | IPR005643 | 3725 | NM_002228 | Hs.78465 | P05412 |
| <input type="checkbox"/> JUNB | | | ENSG00000171223 | GO:0006357 GO:0003714 | IPR005643 | 3726 | NM_002229.1 | Hs.400124 | P17275 |

Internet



Submission und Curation

- Online über MIAMExpress
- MAGE-ML basierende Verbindung mit einer externen Anwendung oder Datenbank
- Curation erfolgt vor dem Laden der Daten in den Hauptspeicher

Curation

- Übereinstimmung zu MIAME, Genauigkeit und Vollständigkeit der biologischen Daten und Datenkonsistenz
- Bei Submission zum Data Warehouse: normalisierte Daten und Qualität der biologischen Annotation
- Array Designs werden zusätzlich annotiert in Bezug auf aktuelle Version der Sequenz-DB am EBI und aktuelle Genannotationen