

โปรแกรม ENTREZ-NETWORK

วสันต์ จันทราทิตย์*

จิราภรณ์ จันทรคำ**

Entrez เป็นโปรแกรมชั้นยอดที่พัฒนาโดยหน่วยงาน The National Center for Biotechnology Information (NCBI) และ U.S. National Library of Medicine (NLM) ประเทศสหรัฐอเมริกา โดยทำการเชื่อมโยงข้อมูลที่เกี่ยวข้องกัน ทาง Nucleic acid sequence และ Protein sequence เข้ากับข้อมูลทาง Molecular Biology และ Genetic จาก MEDLINE ประมาณ 1.2 ล้านกว่าบทความหรือประมาณ 17% ของข้อมูลใน MEDLINE Entrez ทำให้ผู้ใช้สามารถสืบค้นข้อมูลของลำดับเบส หรือ โปรตีนพร้อมกับบทความของบทความจากวารสารทางวิทยาศาสตร์ที่เกี่ยวข้อง ตลอดจนถึงความสัมพันธ์ระหว่าง Nucleic acid sequence, Protein sequence ต่างๆ ในแง่ของ Phylogenetic tree โปรแกรม Entrez เผยแพร่ออกมาใน 2 รูปแบบ แบบที่หนึ่งบรรจุลงบนแผ่น CD-ROM 2 แผ่น คือ Entrez: Sequences และ Entrez: Reference ซึ่งเวลาใช้งานจะต้องใช้คอมพิวเตอร์ที่ติดตั้ง CD-ROM Drive 2 Drive เพื่อให้สามารถสืบค้นข้อมูลได้อย่างต่อเนื่องจาก CD ทั้งสองแผ่นพร้อมกัน หากมี CD-ROM Drive เพียงตัวเดียวผู้ใช้ต้องถอดเปลี่ยนสลับแผ่น CD เอง โดยโปรแกรมจะแจ้งให้ทราบผ่านหน้าจอคอมพิวเตอร์ แบบที่สองเรียกว่า ENTREZ-NETWORK ซึ่งติดตั้งบนคอมพิวเตอร์ประสิทธิภาพสูงที่ The National Center for Biotechnology Information (NCBI) ประเทศสหรัฐอเมริกา เปิดบริการให้เข้าไปใช้ได้โดยไม่เสียค่าใช้จ่ายตลอด 24 ชั่วโมง ผ่าน Web Browser เช่น Lynx, Netscape หรือ Mosaic โดยจาก % หรือ \$ prompt ให้ทำการ login เข้าไปที่

CMU% lynx <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>

* ภาควิชาจุลชีววิทยาคลินิก คณะเทคนิคการแพทย์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

** ห้องสมุดคณะเทคนิคการแพทย์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

หากติดต่อกัน ได้สำเร็จจะปรากฏประโยชน์ขึ้นบนหน้าจอคอมพิวเตอร์

Copyright 1989-1994. PINE is a trademark of the University of Washington.

[Closing folder "INBOX". Keeping all 13 messages]

Welcome to the National Center for Biotechnology Information. The NCBI is responsible for building, maintaining, and distributing GenBank, the NIH genetic sequence database that collects all known DNA sequences from scientists worldwide. The NCBI is a division of the National Library of Medicine (NLM) and is located on the campus of the National Institutes of Health (NIH) in Bethesda, Maryland.

GenBank

- * Overview

- * **Searching GenBank and other Databases** ให้เลือกกดตรงนี้

- * Anonymous FTP Access

- * BankIt -- Submitting Sequences to GenBank on the WWW

NCBI

- * Overview

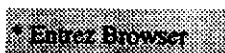
Welcome to the National Center for Biotechnology Information. The NCBI is responsible for building, maintaining, and distributing GenBank, the NIH genetic sequence database that collects all known DNA sequences from scientists worldwide. The NCBI is a division of the National Library of Medicine (NLM) and is located on the campus of the National Institutes of Health (NIH) in Bethesda, Maryland

ข้อความต่อไปนี้จะปรากฏขึ้นตามมาหลังจากเลือกกดที่ Searching GenBank and other Databases

SEARCHING GENBANK

Text and Similarity searching

NOTE: The following search methods are experimental and are provided to users for comments and suggestions. We expect to be modifying the interfaces, and adding search options and additional databases.



ให้เลือกกดที่ Entrez Browser ค่ะ ไปทันที

Combined nucleotide and protein sequence databases plus MEDLINE sequence similarity subset. (The original Entrez browser will still be available for a limited period of time.)

* Text Searching

GenBank and other sequence databases.

* dbEST Searching

จะปรากฏข้อความต่อไปนี้เป็นอันดับถัดไป

NEW ENTREZ BROWSER

Welcome to an experimental Entrez Browser. This service is provided by

the National Center for Biotechnology Information. NCBI also builds, maintains and distributes the GenBank Sequence Database. Sequence submissions can be made to GenBank using the new WWW tool, BankIt.

Search with Forms-Based Client

การสืบค้นข้อมูลสามารถเลือกค้นโดยอ้างอิงจากข้อมูลของ MEDLINE, protein database หรือ nucleotide database ได้ ในที่นี้จะใช้ Key word "sex identification & human & PCR" ในการสืบค้นข้อมูลที่อ้างอิง MEDLINE ก่อน จากนั้นจะใช้ Key word เดียวกันมาสืบค้นข้อมูลที่อ้างอิง nucleotide database เพื่อเปรียบเทียบกัน

* View online help

* Search a subset of MEDLINE เลือกกดที่นี่

* Search the protein database

* Search the nucleotide database

Search Field: [All Fields_] Search Mode: [Automatic_]

Enter Term: _____ Accept Clear

NCBI Home Entrez Home

จะปรากฏข้อความต่อไปนี้เป็นอันดับถัดไปหลังจากเลือกกดไปที่ Search a subset of MEDLINE

Search with Non-Forms Client

* Molecular biology subset of MEDLINE

* Protein database

* Nucleotide databas

Version 1.1 Last Update 03/16/95

Comments and questions to www@ncbi.nlm.nih.gov

Search Field: [All Fields__] Search Mode: [Automatic_]

Enter Term: sex identification Accept Clear

พิมพ์ Key word ที่ต้องการสืบค้นลงไป แล้วกด Accept

NCBI Home Entrez Home

Current Query

Search : sex [all] & identification [all] --> Retrieve 1648 Documents

จะพบเอกสารใน MEDLINE จำนวนทั้งสิ้น 1648 Document ที่มีคำว่า sex & identification
ปรากฏ อยู่

Add Term(s) to Query : ทำการเพิ่ม Key word ช่วยในการสืบค้น

Search Field: [All Fields__] Search Mode: [Automatic_]

Enter Term : human Accept Clear

CLEAR ALL

Current Query

Search : sex [all] & identification [all] & human [all] -->

Retrieve 918 Documents จำนวนวารสารที่เข้าข่ายมีจำนวนลดลง

Add Term(s) to Query : เพิ่ม Key word ช่วยในการสืบค้น เข้าไปอีก

Search Field: [All Fields_] Search Mode: [Automatic_]

Enter Term : pcr Accept Clear

Current Query

Search : sex [all] & identificaTION [all] & human [all] & pcr [all]

-> Retrieve 102 Documents กดเลือกตรงนี้เพื่อเข้าไปสืบค้นข้อมูล

NCBI Entrez

102 CITATIONS FOUND

Display [MEDLINE reports_] for [All_] articles below.

() Gibbons, 1995

ในแต่ละบทความผู้ใช้สามารถเลือกกดเพื่อสืบค้นรายละเอียดในแง่มุมต่างๆ อาทิการกดเลือก
ที่ View Report format

Strategies to respond to polymerase chain reaction

deoxyribonucleic acid amplification failure in a

preimplantation genetic diagnosis program. (View Report format,

MEDLARS format, ASN.1 format, or 30 MEDLINE neighbors

หมายเหตุ 30 MEDLINE neighbors หมายถึงว่าท่านสามารถเลือกกดที่ตรงตำแหน่งนี้เพื่อ
สืบค้นข้อมูลจากวารสารที่เกี่ยวข้องกับบทความของ Gibbons, 1995 ได้อีก 30
บทความ

() Geddy, 1993

Lack of detection of human papillomavirus DNA in male urine samples. (View Report format, MEDLARS format, ASN.1 format, or

ที่จะปรากฏบทความของบทความดังกล่าวขึ้นมา

[NCBI] [Entrez] [MEDLARS Format] [30 Medline neighbors] [No Protein links] [No Nucleotide links] [Save As...]

Am J Obstet Gynecol 172: 1088-1095; (1995)[95243310]elow.

Strategies to respond to polymerase chain reaction deoxyribonucleic acid amplification failure in a preimplantation genetic diagnosis program.

W. E. Gibbons, S. A. Gitlin & S. E. Lanzendorf

Jones Institute for Reproductive Medicine, Department of Obstetrics and Gynecology, Eastern Virginia Medical School, Norfolk 23507-1912, USA.

OBJECTIVES: Our purpose was to identify and evaluate practical methods

human lymphoblast cell lines and human embryo blastomeres were evaluated in a single-cell, nested primer polymerase chain reaction system with primer sequences for the specific locus surrounding the four base pair insertion mutation on exon 11 of beta-hexosaminidase A-Tay-Sachs disease, the delta F508 mutation of cystic fibrosis, and the sex-determining region on the Y chromosome. Reamplification polymerase chain reaction with standard polymerase chain reaction and primer extension preamplification was performed in deoxyribonucleic acid preparations after previous polymerase chain reaction amplification attempts had resulted in failure of amplification.

RESULTS: The amplification efficiency of Tay-Sachs disease, 51% (97/187), was significantly lower than that for cystic fibrosis, 85% (87/107), and for the sex-determining region on the Y chromosome, 85% (77/90). Tay-Sachs disease polymerase chain reaction amplification occurred in 51% of one-cell lymphoblasts, 89% of two-cell lymphoblasts, and 94% of samples when more than two cells were processed together. When previous amplification failure had occurred, standard Tay-Sachs disease polymerase chain reaction resulted in an blastomeres in which amplification failure occurred in a Tay-Sachs disease preimplantation genetic diagnosis cycle amplified by primer extension preamplification polymerase chain reaction, which increased the diagnostic information obtained from four to six of the seven embryos on which biopsy was performed. **CONCLUSIONS:** We suggest that practical approaches for consideration within a clinical preimplantation genetic diagnosis program to limit the net effect of amplification failure (i.e., reduced embryo transfer number) include increasing the deoxyribonucleic acid content in the polymerase chain reaction tube by using more than one blastomere and by using primer extension preamplification when the initial attempt at amplification fails.

นอกจากนั้นโปรแกรมยังได้จัดเตรียมข้อมูลของคำจำกัดความของ Technical term บางคำจากบทความที่น่าสนใจ แยกออกมาอยู่ในส่วนของ MeSH Term ให้สามารถเลือกสืบค้นได้ เช่นผู้ใช้อาจทราบคำจำกัดความ Preimplantation Phase

MeSH Terms:

- * Base Sequence
- * Blastomeres/chemistry
- * Chi-Square Distribution
- * Cystic Fibrosis/diagnosis
- * Human
- * Molecular Sequence Data
- * Polymerase Chain Reaction/methods

* Pregnancy

* Preimplantation Phase* กดเลือกอ่านคำจำกัดความของ” Technical Term”เหล่านี้ได้

* Prenatal Diagnosis/methods

* Sensitivity and Specificity

* Tay-Sachs Disease/diagnosis

* Tay-Sachs Disease/genetics

* Y Chromosome/genetics

Substances:

* DNA

คำจำกัดความของ Preimplantation Phase ก็จะปรากฏขึ้นบนจอ

Preimplantation Phase

The time period between fertilization and implantation.

ผู้ใช้งานสามารถสืบค้นข้อมูลของ Sex identification & human โดยอิงข้อมูล Nucleic acid data base โดยเฉพาะได้ โดยเลือกกดที่ Search the nucleotide database

NEW ENTREZ BROWSER

Welcome to an experimental Entrez Browser. This service is provided by the National Center for Biotechnology Information. NCBI also builds, maintains and distributes the GenBank Sequence Database. Sequence submissions can be made to GenBank using the new WWW tool, BankIt.

Search with Forms-Based Clients

* View online help

* Search a subset of MEDLINE

* Search the protein database

* Search the nucleotide database

Search Field: [All Fields__] Search Mode: [Automatic_]

Enter Term: sex identification Accept Clear

NCBI Home Entrez Home

Current Query

Search : sex [all] & identification [all] --> Retrieve 12 Documents

จำนวนบทความที่ค้นได้จะมีเพียง 12 บทความซึ่งจะน้อยกว่าการสืบค้น Key word เดียวกันจาก MEDLINE

Add Term(s) to Query : เพิ่มเติม Key word ช่วยในการสืบค้น

Search Field: [All Fields___] Search Mode: [Automatic_]

Enter Term : Accept Clear

CLEAR ALL

Current Query

Search : sex [all] & identification [all] & human [all] -->

กดเลือกดูข้อมูลตรงนี้

NCBI Entrez

6 CITATIONS FOUND

Display [GenBank reports___] for [All___] articles below.

() HUMMSC

Homo sapiens minisatellite at the pseudoautosomal region VNTR
DXYS17, allele C. (View GenBank format, Report format, FASTA
format, ASN.1 format, 2 MEDLINE links , or 4 nucleotide
neighbors)

หมายเหตุ 2 MEDLINE links , or 4 nucleotide neighbors หมายความว่า มีข้อมูลจากวารสารใน MEDLINE ที่เกี่ยวข้องกับ Homo sapiens minisatellite at the pseudoautosomal region VNTR DXYS17, allele E1. อยู่สอง 2 บทความ และมีข้อมูลของ nucleotide ที่มีความสัมพันธ์กับ sequence ของ Homo sapiens minisatellite,pseudoautosomal region VNTR DXYS17, allele E1. อยู่ 4 สาย

() HUMMSE1

Homo sapiens minisatellite at the pseudoautosomal region VNTR
DXYS17, allele E1. (View GenBank format, Report format, FASTA

[NCBI] [Entrez] [GenBank Format] [Report Format] [2 Medline links] [No
Protein links] [4 Nucleotide neighbors] [Save As...]

>gi|307290|gb|L17485|HUMMSC Homo sapiens minisatellite at the pseudoautosomal r
egion VNTR DXYS17, allele C.

TAGAATAGATGAGAATTAGTCTGTTCTACGAAATAGACGAGAATTAGTCTAGTCTAC
GAAATAGACTAGA

AATAGTCTAGTCTACGAAATAGACTAGAAATAGCCTAGTCTGTTCTACGAAATAGAC
TAGAAATAGTCTA

GTCTACGAAATAGACTAGAAATAGCCTAGTCTGTTCTACGAAATAGACTAGAAATA
GTCTGTTCTACGAA

ATAGACTAGAAATAGCCTAGTCTGTTCTACGAAATAGACTAGAAATAGCCTAGTCTG
TTCTACGAAATAG

ACTAGAAATAGTCTGTTCTCCGAAATAGACTAGAAATAGCCTAGTCTGTTCTACGAA
ATAGACTAGAAAT
AGCCTAGTCTGTTCTACGAAATAGACTAGAAATAGCCTAGTCTGTTCTACGAAATAG
AGTAGAAATAGTC
TAGTCTGTTCTACGAAATAG

เอกสารอ้างอิง

1. <http://www.ncib.nlm.nih.gov>
2. Ausubel F, Dracopoli N.C. 1995. Informatics for molecular biologists. Current protocols in molecular biology, supplement 30 CPMB.
3. info@ncbi.nlm.nih.gov.