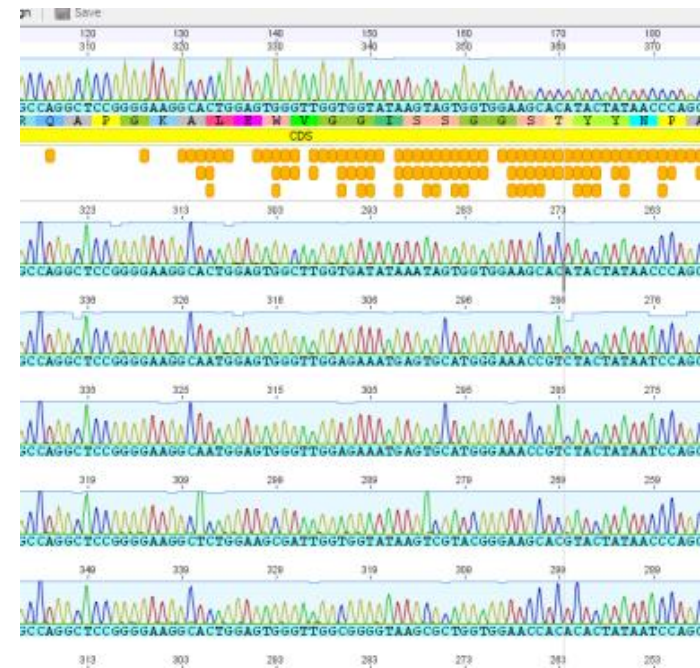
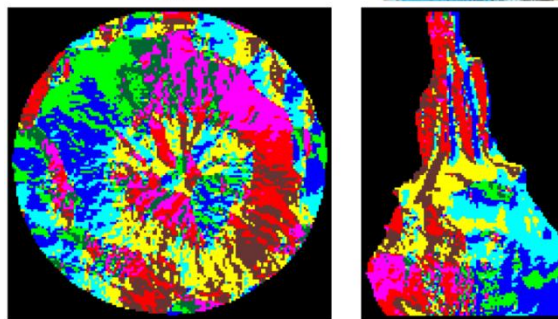
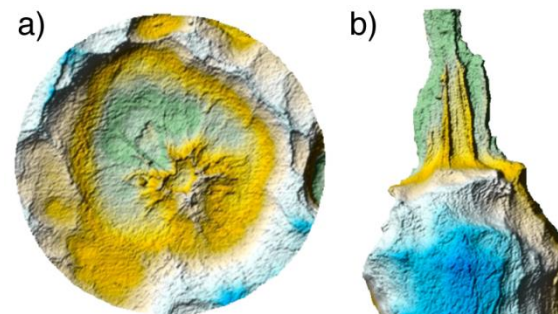
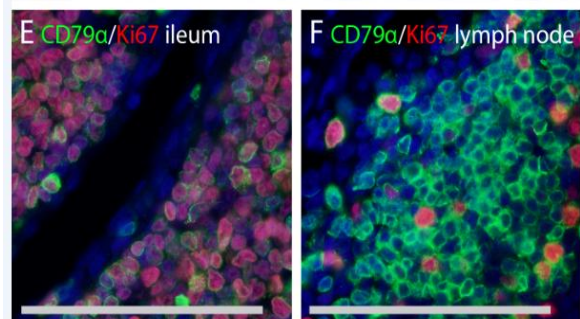
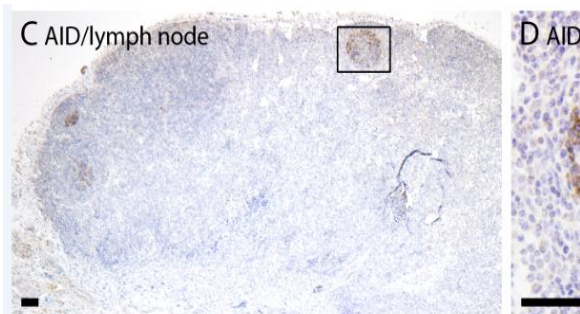


Tutkimusdataa eläinlääketieteellisen anatomian osastolla

Mikael Niku 21.5.2013

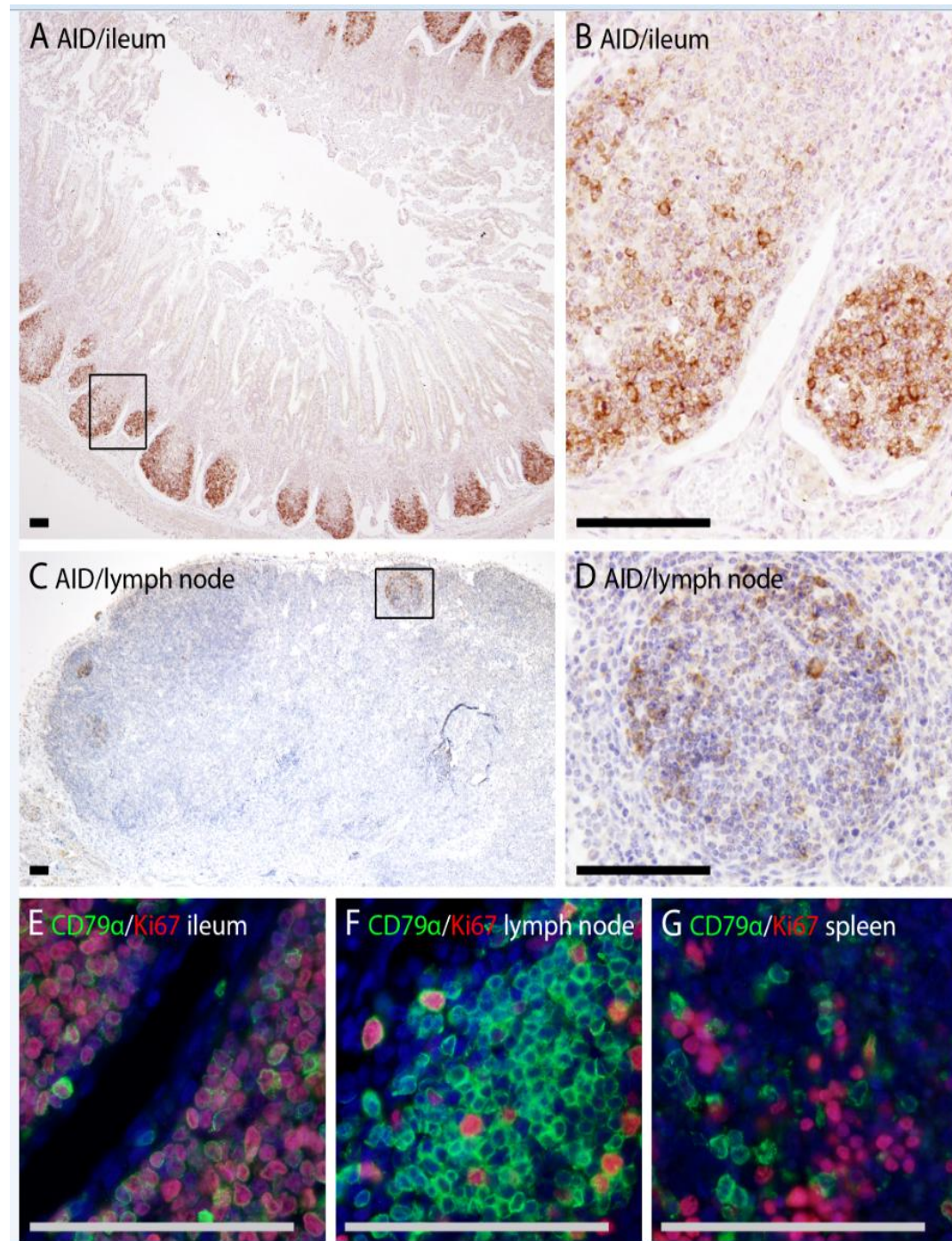


Paljon kudoksia

- Tässä: naudan immuunijärjestelmän kehitys (Liljavirta ym. 2013).

Ruskea väri:
mutaattoriensyymi AID
naudan sikiön kudoksissa; **punainen**
ja **vihreä** väri:
jakautuvat B-solut

- Varsinaiset julkaistavat tulokset: kuvia ja joskus niistä tuotettua numerodataa



Access-relaatiotietokanta

- Tiedot kudoksenäytteiden taustoista ja laboratoriossa tehdyistä käsittelyistä (= lähinnä metadataa)
- Fyysisen näytearkiston tunnistenumero

ISH/IH-tulokset: lisäys / muokkaus

Uusi lasi

Uusi samanlainen

[Ohje](#)

Lasi

14700

Erityistä huomionarvoa

Tehty

1.4.2011

Näytetyyppi

parafiini

Sarja

1567

Koetin

-

PCR-alukkeet

-

Mikrotus

eih 15 min 700 W 500 ml 2xSSC pH 6

Proteaaasi

-

Immunov.

anti-cleaved caspase 3 Cell Signaling 1:100; anti-rabbitlg biotinyloitu Dako 1:7000

Tekijä

Rauha

Arvioija

Mikael

Yhteenveto

Erikoiset

peroksidaasiblokki H2O2-metanoli, biotiiniblokki, normaali tyramidiampifikaatio

Näytteet

Näyte	Paksuus	Fiksaus	Rakenne	NH-laatu	IV-laatu	Huom
5665 ko tyhjäsuolet jejunum 2/2	4	p	2	2	2	1 keränen, jossa n. 10 + solua
5665 ko tyhjäsuolet jejunum 1/3	4	p	1	2	2	vain pieni imukeränen, joka täysin neg
5665 ko tyhjäsuolet jejunum 1/1	4	p	2	2	2	1 follikkeli, jossa keskiverrosti + soluja (n. 10-20 kpl), muttei tä
5664 si sykkyräsuolet ileum 2/1 s63	4	p	2	2	2	täynnä + soluja, voimakas väri
5664 si sykkyräsuolet ileum 1/2 s63	4	p	2	2	2	vain hyvin vähän + soluja (n. 1/follikkeli); pienet follikkelit vasta
*						

Record: 14 of 5

No Filter

Search

Huomioita lasista

Kuvat

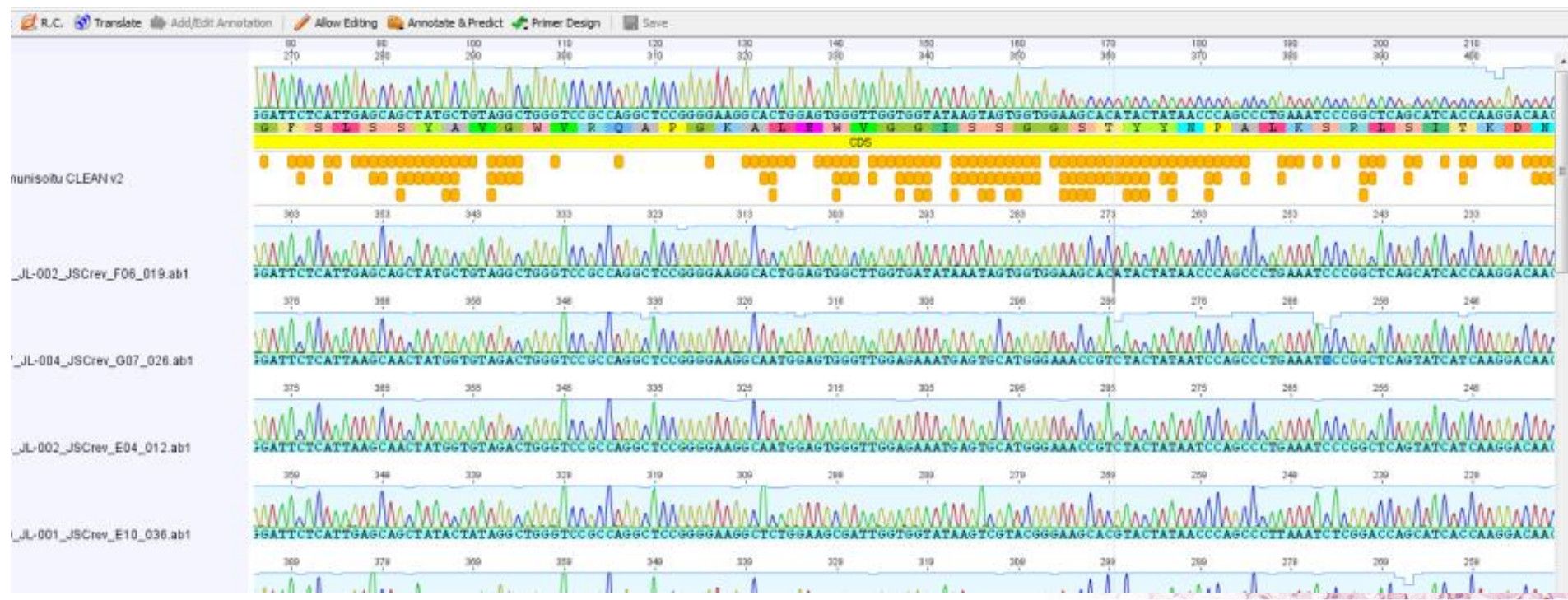
Näyte	Kuvat
5665 ko tyhjäsuolet jejunum 2/2	

Kudosdatan käsittelyä

- Alkuperäiset näytteet fyysisenä arkistona
 - Laitoksella arkistokaapissa
- Näytteiden metatiedot Access-tietokannassa (ei juuri varsinaisia tuloksia)
 - Yliopiston verkkolevyllä
- Näytteistä otetut kuvat ja tuotetut analyysitulokset kunkin ao. tutkijan jäljiltä
 - Missä sattuu, miten sattuu
- Tutkimusryhmän yhteiskäytössä, mutta ei suoranaisesti jaeta ulkopuolelle
- Määristä: metatietokanta n. 10 Mt; kuvadataa karkeasti luokkaa 1-5 Gt/vuosi

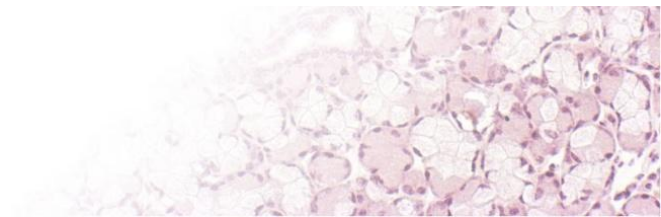
Monenmoista sekvenssidataa

- Oma tuotantoa
 - Esim. vasta-ainegeenien mutaatiomekanismien tutkimus: sekvensoidaan suuri otos geenejä ja analysoidaan niiden eroavaisuuksia



Monenmoista sekvenssidataa

- Muualla tuotetun datan jalostusta
 - Esim. uusien vasta-ainegeenien hakua kansainvälisessä naudan genomisekvensointihankkeessa tuotetusta raakadatasta, tai ”valmiin” genomidatan arviointia, korjausta ja annotointia
 - Käytettävä data julkisista sekvenssitietokannoista

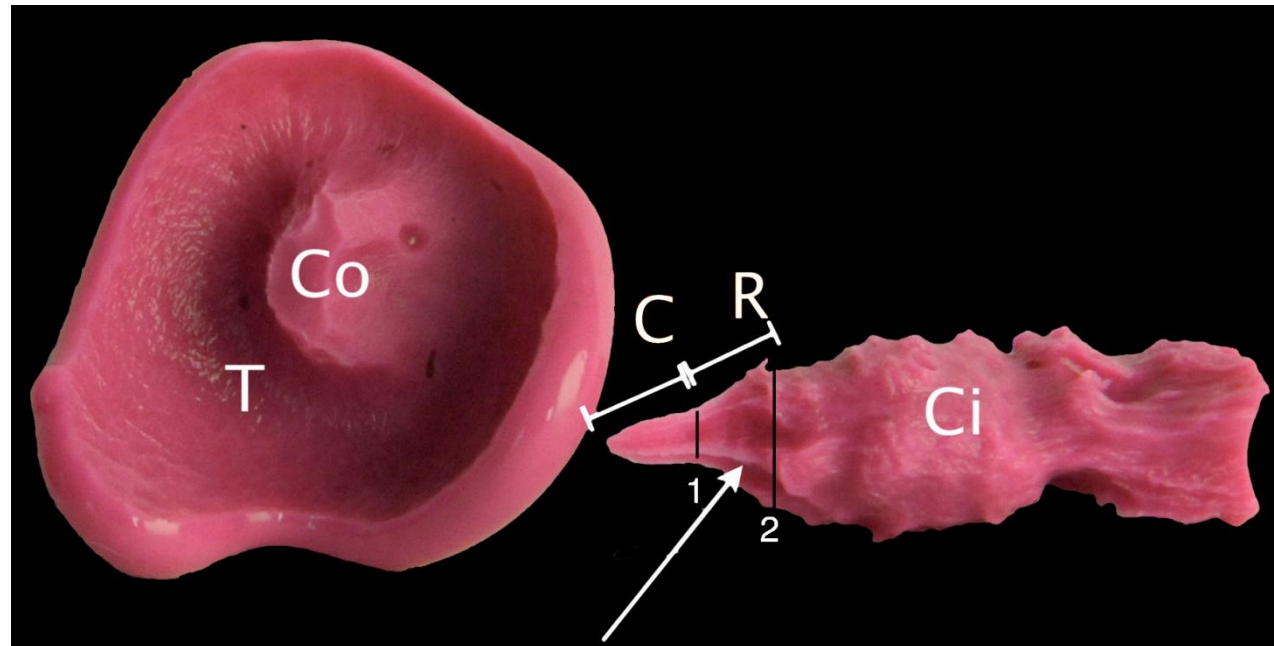


Sekvenssidatan käsittelyä

- Käsitellään ensisijaisesti kaupallisen bioinformatiikkaohjelmiston (Biomatters Geneious) avulla
- Tallennetaan ohjelmiston hallinnoimaan MySQL-tietokantaan, joka sijaitsee toimistotyöasemalla pyörivällä palvelimella
 - Luettavissa vain em. ohjelmistolla, mutta voidaan tarvittaessa eksportata standardiformaatteihin
 - Varmennettu kotikonstein
- Ryhmän yhteiskäytössä; harkinnan mukaan jaetaan julkisiin sekvenssitietokantoihin (mutta eri syistä vain harvoin)
- Määrästä: tällä hetkellä n. 30 Gt (pakatun tietokannan koko)

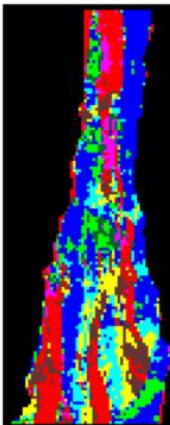
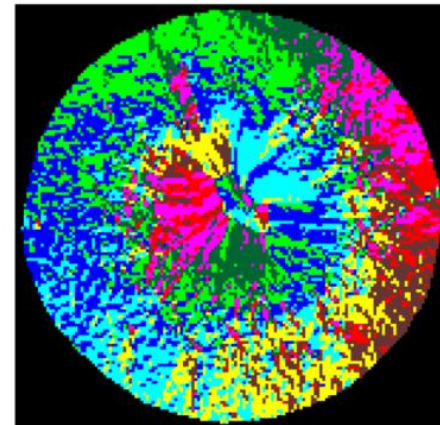
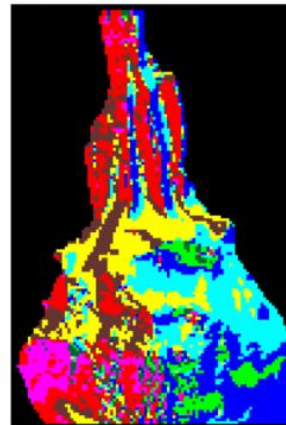
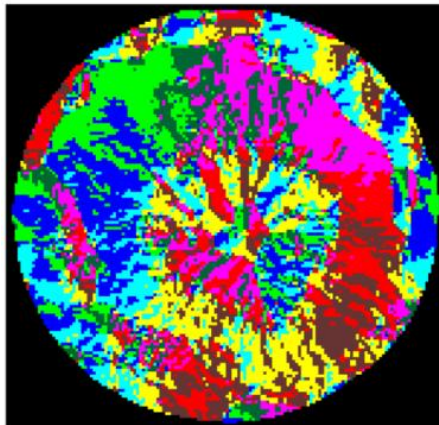
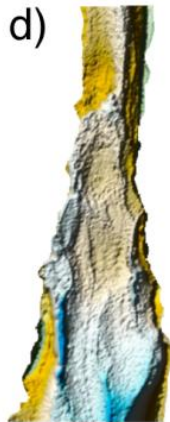
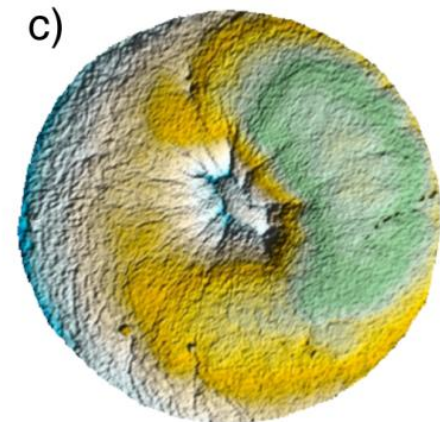
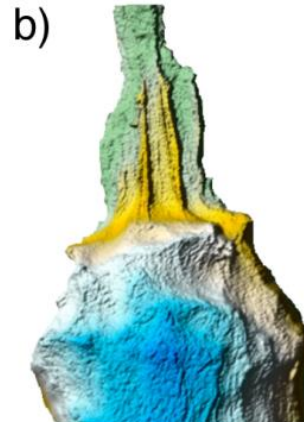
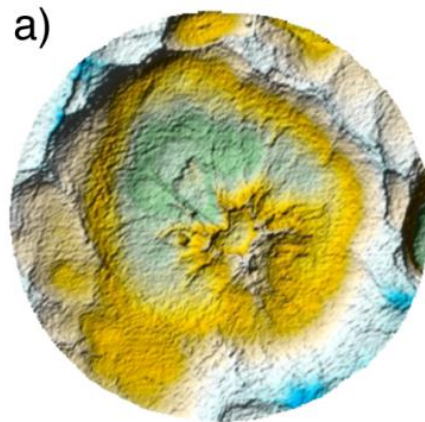
3D-anatomiaa

- Tutkitaan mm. lehmän vedinten (nännien) morfologiaa (muotoa) ja tämän yhteyttä esim. utaretulehdusalttiuteen
- Silikonivalokset skannataan laserskannerilla (Nextec Hawk 3D) 30x30 μm resoluutiolla



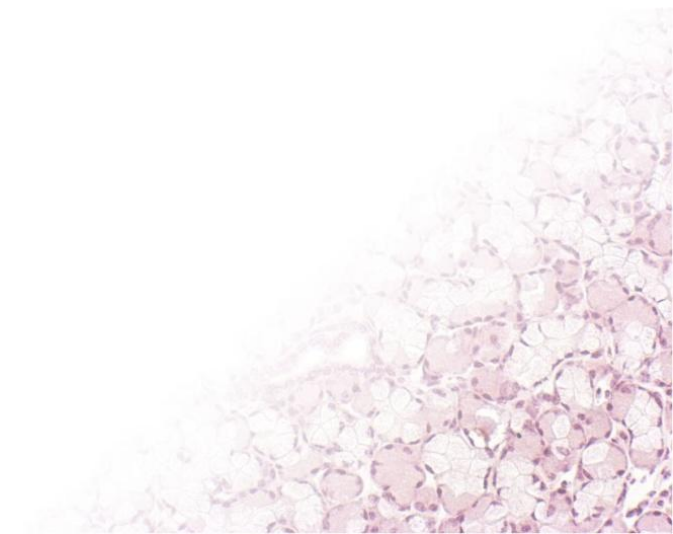
3D-anatomiaa

- Skannausdata käsitellään Geographical Information Systems (GIS) –ohjelmistolla



3D-datan käsittelyä

- Säilössä skannauslaboratorion tietokoneella Biotekniikan instituutissa (hankkeen vastaavan tutkijan käsityksen mukaan), ja lisurintekijän omalla koneella (“mun pitää vähän kaivella”)
- Raakadata käsiteltävissä vain kahdella kokeiluasteella olevalla ohjelmistolla



GWAS-dataa: Genome Wide Association

- Selvitetään, mitkä geenimuodot ovat yhteydessä lonkkanivelen kehityshäiriöön
- Luetaan suuri joukko snippejä (*single nucleotide polymorphism*) koirilta ja verrataan lonkan rakennetietoon: mitkä snipit ovat yhteydessä kehityshäiriöön → ko. geenialue tutkittavaksi

