

DP1-08: Uso de bases de datos de secuencias génicas

Tiempo: 1 h

1ª Parte: Uso de una base de datos para determinar las diferencias en la secuencia de bases de un gen en dos especies.

Objetivo: Obtener secuencias génicas de una base de datos y utilizar un software informático para alinearlas y observar diferencias.

Fundamento: La respiración celular es un proceso que lugar en la mitocondria y por el que se obtiene energía en forma de ATP a partir de moléculas orgánicas. La citocromo c oxidasa es el componente terminal de la cadena de transporte de electrones en la mitocondria, el cuál se encarga de reducir al oxígeno molecular y transformarlo en agua. La citocromo oxidasa es un complejo oligomérico y únicamente tres de sus subunidades están codificadas en el genoma mitocondrial (COX I, COX II y COX III).

El National Center for Biothecnology Information (NCBI) y el European Molecular Biology Laboratory (EMBL) son dos de las bases de datos más utilizadas en Biología, con información sobre genes y proteínas de los organismos secuenciados. Además, disponen de distintas herramientas bioinformáticas que permiten la búsqueda de secuencias homólogas, observación de estructuras 3D de proteínas, etc.

Materiales:

Ordenador con conexión a internet.

Método:

A. Búsquedas de secuencias génicas.

1. Ir a la web del National Center for Biothecnology Information <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
2. Seleccionar “gene” dentro de Search.
3. Introducir el nombre del gen citocromo c oxidasa subunidad I, abreviado “cox1” precedida de la especie del organismo donde se quiere buscar, como por ejemplo, el humano (*Homo sapiens*).
4. Picar sobre cox1 de homo sapiens y con el ratón baja a la sección “Genomics regions, transcripts, and products”. Coloca el cursor encima del “protein links”.
5. Seleccionar la opción FASTA.
6. Copiar la secuencias de aminoácidos y pegarla en un archivo de word, colocando el símbolo “>” antes del nombre del organismo. Guardar el archivo en formato “sólo texto”.txt.
7. Repetir el proceso para otro organismo, como el perro (*Canis lupus familiaris*).

B. Alineamiento de secuencias.

8. Ir a la web de servicios de bioinformática de la European Molecular Biology Laboratory <http://www.ebi.ac.uk/services/>
9. Seleccionar EMBOSS Needle.
10. Pegar las secuencias en formato FASTA y pulsar “submit”.
11. Analiza la similitud de ambas secuencias a partir del alineamiento producido.

2ª Parte: Uso de bases de datos para identificar el *locus* de un gen humano y su producto polipeptídico.

Objetivo: Usar una base de datos para identificar el locus de un gen humano y su producto polipeptídico.

Fundamento: El locus hace referencia a la localización específica de un gen en un cromosoma. Para indicar el locus de un gen, se anota, en este orden, la siguiente información:

1. Número del Cromosoma.
2. Posición en el Cromosoma.
 - Brazo Corto o pequeño: “p”
 - Brazo Largo: “q”
3. Posición en el Brazo.
 - Región—ej: Región 3
 - Banda—ej: Banda 1
 - Sub-banda—ej: Sub-banda 2

Ej: Locus 7q31.2

(Cromosoma 7, Brazo Largo, Región 3, Banda 1, Sub-banda 2)

Si el gen se encuentra situado en un telómero, el locus se indica:

1. Número del cromosoma.
2. Designación del brazo: “pter” (Corto), “qter” (Largo)

Ej: 2qter Telómero del Brazo Largo del Cromosoma 2

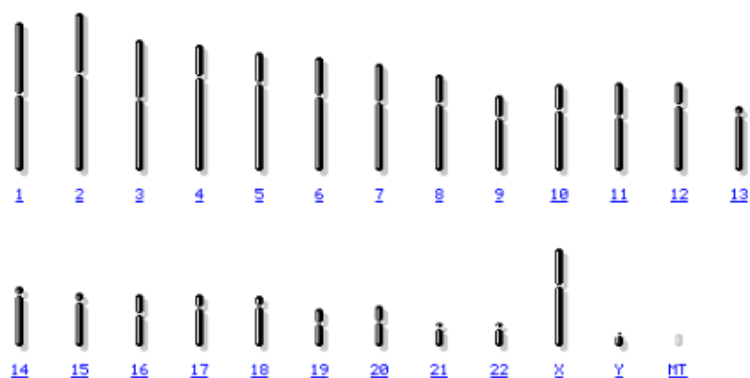
Materiales:

Ordenador con conexión a internet.

Método:

1. Ir a la web del National Center for Biotechnology Information <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
2. Seleccionar “genes & expression” en el menú de la columna de la derecha.
3. Ahora, en la columna de la derecha bajo el nombre de “Quick links”, pincha sobre Map Viewer.
4. En la nueva página, selecciona *Homo sapiens* dentro del menú desplegable y pulsa “go”.

Homo sapiens (human) genome view
 Annotation Release 108 statistics [Switch to previous build](#)



5. Sabemos que el gen que codifica para la cadena beta de la hemoglobina es responsable de la anemia falciforme pero, ¿dónde se localiza este gen? ¿cuál es su locus?
6. Introduce el nombre “hemoglobin subunit beta” y pulsa “find”.
7. ¿En qué cromosoma se localiza? ¿En qué brazo?
8. Usando el “quick filter” de la izquierda, selecciona “gene”, hasta localizar el gen HBB.
9. Pincha sobre el gen HBB.
10. En la nueva ventana, averigua:
 - a. Cuál es el tamaño de la región mostrada (en Kbp)
 - b. Cuántos genes hay en esta región del cromosoma 11.
 - c. Cuál es el locus del gen HBB.
11. Pincha sobre el gen HBB. En la nueva ventana, ve bajando hasta que encuentres un link para su producto polipeptídico en la sección “mRNA and Protein(s)”.
12. Repite el procedimiento desde el paso 6 para otros genes, como Sex Determining Region Y y Pancreatic amylase.