

DP1-06: Búsqueda, alineamiento y construcción de un cladograma de una proteína de diferentes especies

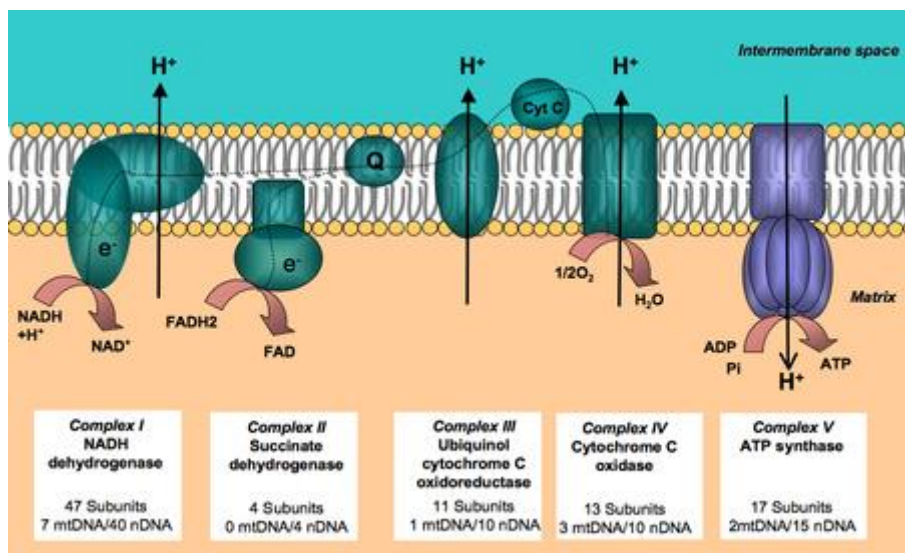
Tiempo: 1 h

Evaluación/6	Comunicación/4	Total/10

Criterios evaluados:

Objetivo: Obtener secuencias proteicas de una base de datos y utilizar un software informático para alinearlas, construir un cladograma y observar diferencias evolutivas en su secuencia.

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.

ClustalW es un software que permite la alineación de secuencias de genes o proteínas así como la construcción de cladogramas.

Materiales:

Ordenador con conexión a internet.

Método:

A. Búsquedas de secuencias nucleotídicas en una BASE DE DATOS.

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. Pinchar sobre *cox1* de *Homo sapiens* y con el ratón baja a la sección “Genomics regions, transcripts, and products” y selecciona la opción FASTA.
5. Copiar la secuencias de nucleótidos y pégala en un archivo de word, colocando el símbolo “>” antes del nombre del organismo. Guardar el archivo en formato “sólo texto”.txt.
6. Repetir el proceso para los organismos: chimpancé (*Pan paniscus*), mosca de la fruta (*Drosophila melanogaster*), gusano (*Caenorhabditis elegans*), planta dicotiledónea (*Arabidopsis thaliana*), maíz (*Zea mays*), hongo aspergillus (*Aspergillus niger*), alga (*Chlamydomonas reinhardtii*) y protozoó (*Plasmodium fragile*).

B. Alineamiento de secuencias mediante CLUSTAL.

7. Ir a la web de servicios de bioinformática de la European Molecular Biology Laboratory <http://www.ebi.ac.uk/services/>
8. Seleccionar Clustal Omega (nueva versión del antiguo ClustalW2).
9. Pegar las secuencias en formato FASTA, seleccionar DNA y pulsar Submit.
10. Añade color a las secuencias, compáralas y analízalas.

C. Creación de un cladograma

11. Selecciona la opción de árbol filogenético.
12. Analiza la relación filogenética entre las distintas especies.

Informe: Presenta las secuencias alineadas y el cladograma. Concluye sobre las secuencias de la proteína *cox1* las diferencias filogenéticas observadas, indicando qué organismos están más estrechamente emparentados y cuales más alejados evolutivamente.