

Bioinformática - CBIO 4404

Diego Mauricio Riaño Pachón

10 de octubre de 2011

Índice general

1. Bases de bioinformática	9
2. Herramientas de Unix útiles en bioinformática	11
2.1. Introducción al sistema Unix	11
2.1.1. La línea de comandos	11
2.1.2. Su casa y el árbol de directorios	13
2.1.3. Organizando archivos	15
2.1.4. Algunas operaciones básicas con archivos	16
2.2. Formatos de secuencias	18
2.2.1. Fasta	18
2.2.2. GenBank	18
2.2.3. Algunas operaciones básicas con secuencias en formato Fasta	20
3. Búsquedas en bases de datos biológicas	21
3.1. NCBI – Bases de datos y búsqueda de información	21
3.1.1. Iniciemos una visita a sus bases de datos	21
3.1.2. Recuperación de Secuencias en el NCBI con búsquedas más específicas	27
3.2. Recuperación de secuencias usando SRS@EBI	28
4. Manipulación básica de secuencias	33
4.1. Limpieza de secuencias	33
4.2. Mapa de restricción	35
4.3. Análisis de la composición del ADN	35
4.3.1. Contenido de G+C	36
4.3.2. Composición monomérica y palabras cortas	36
5. Creación de bases de datos relacionales	37
6. Búsquedas en base de datos biológicas - Segunda parte	41
6.1. PubMed	41

6.1.1.	Entendiendo la información en los registros de PubMed	41
6.1.2.	Realizando búsquedas	42
6.2.	Descarga por lotes usando Entrez	43
6.3.	Recuperar todas las secuencias de un organismo o taxon	43
6.4.	Recuperar la información publicada sobre un gen	44
6.5.	Bases de datos en el European Bioinformatics Institute (EBI)	44
6.5.1.	SRS	44
6.5.2.	EB-eye	44
6.6.	Expasy	45
6.7.	Mas ejercicios	45
7.	Ontologías en bioinformática: Gene Ontology	47
7.1.	Consultas en GO	47
8.	Introducción al análisis de redes usando Cytoscape	53
9.	Análisis de enriquecimiento de anotaciones de genes	55
10.	Comparación de secuencias I - Matrices de puntos	57
11.	EMBOSS	61
11.1.	Recuperando secuencias de bases de datos	61
11.2.	Selección de marco de lectura abierto	62
11.3.	Barajar/mezclar secuencias	63
11.4.	Predicción de regiones hidrofóbicas	63
11.5.	Alineamientos	63
12.	Comparación de secuencias II - Alineamientos pareados	65
12.1.	Matrices de sustitución	65
12.2.	Alineamiento Global	65
12.3.	Alineamientos locales	66
12.4.	Significancia de los alineamientos	67
13.	BLAST: BASIC LOCAL ALIGNMENT SEARCH TOOL	69
13.1.	Encontrando la región genómica de un transcrito.	73
13.2.	Blast+ en la línea de comandos	73
14.	Alineamientos múltiples	75
14.1.	Alineando las secuencias de amino ácidos de TRIM5 α de primates	76
14.1.1.	CLUSTALX	76

14.1.2. T-COFFEE	76
14.1.3. MUSCLE	77
14.1.4. Comparar los alineamientos usando la herramienta web ALTAVIST	77
14.1.5. Del alineamiento de proteínas al de nucleótidos	78
14.1.6. Editando y visualizando alineamientos	79
14.1.7. Estimando distancias entre las secuencias	79
15.PSSMs, Logos de secuencias y HMMs	81
15.1. PSSM	81
15.2. Logos de secuencias	82
15.3. Modelos Ocultos de Markov: HMMs	82
15.3.1. Buscando los dominios de una proteína	83
15.3.2. Visualización de HMMs	84
16.Diseño de primers para PCR	85
16.1. Diseño de primers usando Quantprime	87
16.2. Crear primers a partir de alineamientos de proteínas	90
Apendices	97

Índice de figuras

1.1. ¿Que es la bioinformática?	10
2.1. Icono del programa Terminal	12
2.2. Terminal en Linux	12
2.3. Árbol de directorios en Linux	14
2.4. Sistema de permisos en Linux	15
3.1. Página de inicio NCBI	22
3.2. Ventanilla de búsqueda en el NCBI	22
3.3. Página principal de Entrez	25
3.4. Página principal de SRS	29
3.5. Opciones SRS	29
3.6. Opciones SRS	30
3.7. Formulario de búsqueda SRS	31
3.8. Criterios de búsqueda avanzada	31
4.1. VecScreen: Herramienta para detectar contaminación de vectores.	33
5.1. SQLite Manger en Firefox	38
7.1. Consultas en “Gene Ontology”	48
7.2. Visualización del grafo acíclico dirigido de una sección de GO	49
7.3. Consultas en “Gene Ontology”	50
7.4. Resultados de la consulta en “Gene Ontology”, usando el nombre de gen ANAC092 .	50
7.5. Términos GO asociados al gen ANAC092	51
10.1. Dot Let @ SIB	57
10.2. Agregar secuencias en Dot Let	58
10.3. Botones de control	58
10.4. Resultado	59
11.1. Recuperando secuencias de las bases de datos	62

13.1. Tipos de BLAST disponibles en el NCBI	69
13.2. Interfaz web de NCBI BLAST usando el programa blastx	70
13.3. Parámetros de búsqueda en BLAST	70
13.4. Resultados blast: gráfica	71
13.5. Resultados blast: hits	72
13.6. Resultados blast: alineamientos	72
14.1. Resultados de la comparación de alineamientos con ALTAVIST	77
14.2. Resultados de la comparación de alineamientos con ALTAVIST	78
15.1. Logo de secuencias de los sitios de unión de LexA	82
15.2. Resultados de una búsqueda en Pfam	83
16.1. Creación un proyecto en QUANTPRIME	88
16.2. Adicionando transcritos al proyecto en QUANTPRIME	88
16.3. QUANTPRIME buscando primers para los genes solicitados	89
16.4. Listado de los mejores primers encontrados por QUANTPRIME	89
16.5. Página de información para un par de primers seleccionados	90
16.6. Página de inicio en iCODEHOP	91
16.7. Diseño de primer en iCODEHOP	91
16.8. Diseño de primer en iCODEHOP	92
16.9. Detección de BLOCKS en el alineamiento de secuencias de proteínas. Se diseñaran primers para cada BLOCK	93
16.10 Detección de BLOCKS en el alineamiento de secuencias de proteínas. Se diseñaran primers para cada BLOCK	94

Capítulo 1

Bases de bioinformática

La bioinformática es una disciplina que surge de la interacción entre la biología, la estadística y las ciencias de la computación (Figura 1.1). Tiene como principales objetivos el manejo y análisis de grandes volúmenes de datos, principalmente producto de las nuevas tecnologías en biología molecular, como la genómica, la proteómica y la metabolómica, especialmente hoy en día con el advenimiento de nuevas tecnologías de secuenciación de ácidos nucleicos que están revolucionando la forma en como estudiamos los genomas. Otro aspecto importante incluye el desarrollo de nuevos métodos computacionales, algoritmos y/o software, para el análisis de esos datos.

Según Philip Bourne (UCSD), “la bioinformática se ha convertido en el interprete del lenguaje genómico del ADN y está intentando descifrar lenguajes mas complejos en los que las proteínas son los sustantivos, las interacciones son la sintaxis, las rutas metabólicas son las oraciones y los sistemas vivos son el volumen completo” (BOURNE, 2004).

Por lo tanto, de forma similar a la biología molecular, la bioinformática constituye hoy en día una caja de herramientas que todo investigador en biología tiene que manejar (STEIN, 2008 presenta un punto de vista muy interesante).

En este curso nos concentraremos en el análisis de datos biológicos, usando, en la mayoría de los casos, herramientas de libre acceso, la mayoría de las cuales se desempeñan mejor en sistemas operativos tipo Unix¹.

¹Linux, MacOSX, BSD, etc. Si quiere intentar tener una copia en su casa u oficina de alguno de esos sistemas operativos, recomiendo que use VirtualBox (u otra tecnología de virtualización), para instalar por ejemplo Linux dentro del sistema operativo existente, e.g., Windows XP; claro esto es si tiene un computador con por lo menos dos Cores y 2GB de RAM, de lo contrario es mas conveniente tener un sistema Dual boot.

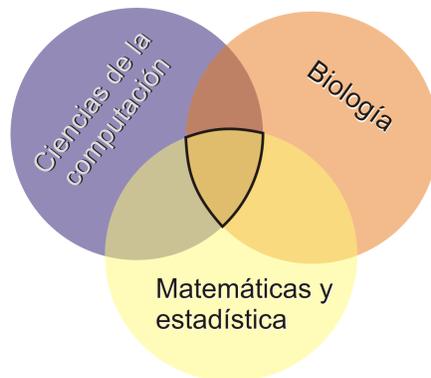


Figura 1.1: La bioinformática es la disciplina que surge de la interacción de tres ciencias básicas: Biología, Matemáticas, y Ciencias de la computación. Cuando algunas de ellas dominan a las restantes se obtiene otra disciplina diferente de la bioinformática, por ejemplo, si matemática y biología son mas importantes obtenemos biomatemáticas. Es importante que las tres ciencias base esten balanceadas para realizar proyectos de bioinformática.

Capítulo 2

Herramientas de Unix útiles en bioinformática

2.1. Introducción al sistema Unix

El sistema operativo¹ es el conjunto de programas (“software”) que sirve como interfaz entre la máquina (“hardware”) y el usuario, y que le permite a este último ejecutar aplicaciones. Los sistemas operativos más comunes son: Windows (XP, Vista), Unix y MacOS X. Sistemas operativos tipo Unix (e.g., Linux) son usados principalmente en servidores, pero su uso en estaciones de trabajo y escritorios está en aumento. Las principales características de Unix son: multi-tarea, multi-usuario y portabilidad². La mayoría de Unixes hoy en día tienen una interfaz gráfica amigable al usuario, desde la cual se pueden llevar a cabo casi todas las tareas de uso diario, como crear documentos, imprimir y navegar internet. Además de esta interfaz gráfica, existe una interfaz en línea de comandos que le permite al usuario ejecutar tareas mucho más complejas y poderosas. A continuación vamos a aprender a usar la línea de comandos y algunos comandos que facilitan el manejo de archivos de gran tamaño, usando Linux como sistema operativo. Una guía sobre el uso de varios de esos comandos está disponible en el Apéndice 16.2³.

2.1.1. La línea de comandos

A la línea de comandos se accede a través de un programa intérprete llamado “shell”⁴. Existen varios tipos de “shell” en Unix. En la mayoría de distribuciones Linux la “shell” bash viene instalada por defecto. Para usar la “shell” o línea de comandos de su computador, inicie el programa **Terminal**, que tiene un icono similar al que se muestra en la Figura 2.1.

¹Más información en http://en.wikipedia.org/wiki/Operating_system

²Se refiere a que programas creados en diferentes Unixes pueden correr en uno u otro generalmente sin problema.

³Guías para otros programas usados comúnmente en bioinformática están disponibles en <http://www.embnet.org/en/QuickGuides>

⁴http://en.wikipedia.org/wiki/Unix_shell



Figura 2.1: Icono del programa Terminal

Al hacer click (o doble click, dependiendo de su configuración) en el icono iniciará el programa **Terminal**, similar al que se muestra en la Figura 2.2. Esta aplicación le da acceso a la línea de comandos de Linux a través de un *prompt*, que le indica que el sistema está esperando sus instrucciones. En la Figura 2.2, el *prompt* consiste de la cadena de caracteres `[user@server]$`, la cual consiste del nombre del usuario que esta usando el programa **Terminal**, seguido del nombre de la máquina, y el símbolo dolar, inmediatamente despues hay un cursor parpadeante a la espera de sus comandos.

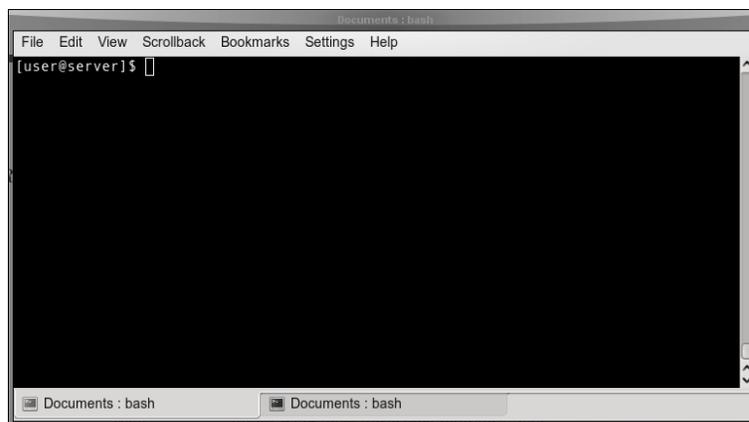


Figura 2.2: Terminal en Linux

El *prompt* puede ser modificado alterando la variable de sistema `PS1`⁵. Vamos a cambiar el *prompt* para asegurarnos que todos tenemos el mismo.

En la sesión de **Terminal** ejecute los comandos como se muestran en el listado *Cambiando el prompt*. En la línea 4 salvamos el *prompt* en la nueva variable `SAVE`, en caso de que necesitemos recuperarlo. En línea5 modificamos el *prompt* actual, `\u`⁶, indica a nuestra “shell” mostrar el usuario actual, `\h`, muestra el nombre de la máquina y `\w`, muestra el directorio actual, el resto de caracteres se muestran sin ninguna modificación⁷. Compare su nuevo *prompt* (línea 6) con el antiguo (línea 1), el símbolo `~` hace referencia a su directorio casa, o directorio de usuario, en el sistema (vea Sección 2.1.2)

Cambiando el prompt

- ```
1 [user@server]$
2 [user@server]$ echo $PS1
```

<sup>5</sup><http://tldp.org/HOWTO/Bash-Prompt-HOWTO/c141.html>

<sup>6</sup>Lista de modificadores de *prompt* en bash: <http://tldp.org/HOWTO/Bash-Prompt-HOWTO/bash-prompt-escape-sequences.html>

<sup>7</sup>Ejercicio opcional: ¿Cómo hacer permanente el cambio de *prompt*?

```

3 [\u@\h]$
4 [user@server]$ SAVE=$PS1
5 [user@server]$ PS1="[\u@\h:\w]$ "
6 [user@server:~]$

```

Ahora que conoce su *prompt* y sabe como manipularlo, vamos a empezar a interactuar con el sistema a través de comandos. Para iniciar, ejecute el comando que se muestra en la línea 7, `wget` es un programa para descargar archivos de la red . Las líneas 8 a 17 muestran la salida típica de este comando, puede diferir ligeramente de la que se muestre en su **Terminal**. Cuando este comando termine, ejecute el que se muestra en la línea 19, que descomprime el archivo que acabó de descargar.

```

----- Descarga de archivos -----
7 [user@server:~]$ wget http://molbio00.bio.uni-potsdam.de/tmp/file1.tgz
8 --2009-07-27 12:56:25-- http://molbio00.bio.uni-potsdam.de/tmp/file1.tgz
9 Resolving molbio00.bio.uni-potsdam.de... 141.89.197.45
10 Connecting to molbio00.bio.uni-potsdam.de|141.89.197.45|:80... connected.
11 HTTP request sent, awaiting response... 200 OK
12 Length: 2413 (2.4K) [application/x-tar]
13 Saving to: `file1.tgz'
14
15 100%[===== // ==>] 2,413 --.-K/s in 0.006s
16
17 2009-07-27 12:56:25 (368 KB/s) - `file1.tgz' saved [2413/2413]
18
19 [user@server:~]$ tar xzf file1.tgz

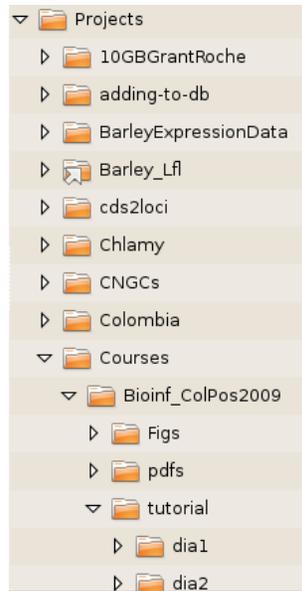
```

### 2.1.2. Su casa y el árbol de directorios

Cada usuario en un sistema Unix tiene reservado un espacio, generalmente dentro del directorio “/home”, en un subdirectorio que tiene el mismo nombre del usuario, e.g., para el usuario “diriano” su directorio personal es “/home/diriano”, y recibe el nombre de directorio “casa”, o directorio de usuario. La primera vez que inicia una sesión en Linux o en **Terminal**, se encuentra en su directorio casa. Si en algún momento no sabe en donde está, puede usar el comando que se muestra en la línea 20 para ubicar la ruta dentro del árbol de directorios en la que se encuentra. Es importante que note que los directorios utilizan el carácter “/” para referirse a una ruta de subdirectorios anidados, como se muestra en la línea 21 en el listado *Navegando el árbol de directorios*.

El árbol de directorios se refiere a la organización anidada de directorios en el sistema de archivos (Figura 2.3), similar a la organización de directorios en Microsoft Windows<sup>TM</sup> que se puede visualizar con el **Explorador de Windows**.

Con el comando “listar” (Línea 22) muestra los directorios y archivos que se encuentran en el directorio actual. Este comando recibe argumentos/opciones que permiten obtener mas información sobre archivos y directorios. Una de las opciones más usadas es ‘-l’ (“menos ele”; Línea24), cuya salida se muestra en las líneas 25 a 27, donde se muestra la lista de directorios en la ubicación



**Figura 2.3:** Árbol de directorios en Linux

actual, junto con los permisos sobre esos directorios, el número de subdirectorios, tamaño, fecha de última modificación y nombre.

---

Navegando al árbol de directorios

---

```

20 [user@server:~]$ pwd
21 /home/user
22 [user@server:~]$ ls
23 dia1 dia2
24 [user@server:~]$ ls -l
25 total 0
26 drwxr-xr-x 2 user group 68 Aug 5 09:01 dia1/
27 drwxr-xr-x 2 user group 68 Aug 5 09:02 dia2/
28 [user@server:~/dia1]$ cd dia1
29 [user@server:~]$ cd ..
30 [user@server:~]$ cd /home/user/dia2/

```

Como se mencionó anteriormente, los sistemas Unix son multiusuario, lo que implica que debe existir un sistema de permisos en el sistema de archivos, para por ejemplo evitar pérdidas accidentales de datos, e.g., que un usuario elimine datos de otro. En la línea 38, se muestran los permisos del directorio `dia2` en la primera cadena de caracteres antes del primer espacio. El primer carácter indica si estamos ante un directorio (`d`), un archivo (`-`), o un enlace (`l`). Los siguientes 9 caracteres están divididos en 3 grupos de 3 caracteres cada uno, como se muestra en la Figura 2.4<sup>8</sup>.

Ya sabemos como mostrar información sobre los directorios y archivos en la ubicación actual. Para cambiar de directorio usamos el comando `cd nombre_directorio`, como se muestra en la línea 28. Si desea subir un nivel en la jerarquía de directorio, ejecute el comando `cd ..`, otra

<sup>8</sup>Ejercicio opcional: ¿Cómo cambiar los permisos de un archivo o directorio?

|   |                |              |
|---|----------------|--------------|
|   | <u>grupo</u>   |              |
| d | rwxr           | -xr-x        |
|   | <u>usuario</u> | <u>otros</u> |

**Figura 2.4:** Sistema de permisos en Linux. r: permiso de lectura; w: permiso de escritura; x: permiso de ejecución.

opción es usar la ruta absoluta del directorio al que se quiere llegar, como se muestra en la línea 30. Vuelva al subdirectorio `/home/usuario/dial`.

Antes de continuar, quisiera presentar el comando más importante de cualquier sistema Unix, es el comando “manual”, que muestra información sobre el uso de los diferentes comandos, por favor úsenlo cada vez que tengan alguna duda sobre las opciones o la sintaxis de algún comando, e.g., `man ls`.

### 2.1.3. Organizando archivos

Las operaciones más comunes con archivos son: copiar, mover y borrar. La sintaxis de los comandos para mover o copiar es la misma: “comando origen destino”. Por ejemplo suponga que tiene un archivo llamado “test1.txt” en su directorio home y lo quiere mover al directorio “~/dial/”, tendría que ejecutar el comando que se muestra en la línea 42. Puede crear y remover directorios (vacíos) usando los comandos `mkdir` y `rmdir`, respectivamente.

```

----- Organizando archivos y directorios -----
31 [user@server:~]$ cd
32 [user@server:~]$ ls -l
33 total 0
34 drwxr-xr-x 2 user group 68 Aug 5 09:01 dial/
35 drwxr-xr-x 2 user group 68 Aug 5 09:02 dia2/
36 [user@server:~]$ touch test1.txt
37 [user@server:~]$ ls -l
38 total 0
39 drwxr-xr-x 2 user group 68 Aug 5 09:01 dial/
40 drwxr-xr-x 2 user group 68 Aug 5 09:02 dia2/
41 -rw-r--r-- 1 user group 0 Aug 18 20:42 test1.txt
42 [user@server:~]$ mv test1.txt dial/
43 [user@server:~]$ ls -l dial/
44 total 0
45 -rw-r--r-- 1 user group 0 Aug 18 20:42 test1.txt
46 [user@server:~]$ ls -l
47 drwxr-xr-x 2 user group 68 Aug 5 09:01 dial/
48 drwxr-xr-x 2 user group 68 Aug 5 09:02 dia2/
49 [user@server:~]$

```

## 2.1.4. Algunas operaciones básicas con archivos

Usando algunos comandos de UNIX podemos obtener información sobre archivos, y la información que ellos contienen, de forma rápida y eficiente, muchas veces no es necesario abrir el archivo, que puede ser de varios megabytes, para obtener esa información.

En el subdirectorio “~/dial/”, encuentra el archivo “TAIR9\_pep\_20090619”, que corresponde a la base de datos de secuencias de proteínas predichas en el genoma de la planta modelo *Arabidopsis thaliana*. Para saber cuantas líneas tiene este archivo, ejecute el comando que se muestra en la línea 55.

¿A que se deben las diferencias en las salidas de los comandos ejecutados en las líneas 55 y 57<sup>9</sup>?

Como se muestra en la línea 53, el tamaño de esta base de datos de secuencias es de 18'173,159 bytes. Para saber a cuanto corresponde esto en una unidad mas amigable use el comando que se muestra en la línea 59.

En la mayoría de ocasiones es importante ver como luce el archivo, ya sea en su comienzo o final, pero debido al gran tamaño de los archivos con los que se trabaja normalmente, no es conveniente abrir el archivo con ningún editor de textos, ya que esto podría reducir el tiempo de respuesta del computador. Los comandos que se muestran en las líneas 63 y 74, muestran las 10 primeras y últimas líneas en el archivo, respectivamente.

Usando el comando `grep`, como se muestra en la línea 85, puede obtener un listado de las líneas en el archivo de interés que contienen un patrón dado, i.e., una cadena de texto específica.

---

Operaciones básicas con archivos

```
50 [user@server:~]$ cd dial/
51 [user@server:~/dial]$ ls -l
52 total 35496
53 -rw-r--r-- 1 user group 18173159 Aug 30 16:14 TAIR9_pep_20090619
54 -rw-r--r-- 1 user group 0 Aug 18 20:42 test1.txt
55 [user@server:~/dial]$ wc TAIR9_pep_20090619
56 274243 790613 18173159 TAIR9_pep_20090619
57 [user@server:~]$ wc -l TAIR9_pep_20090619
58 274243 TAIR9_pep_20090619
59 [user@server:~/dial]$ ls -lh
60 total 35496
61 -rw-r--r-- 1 user group 17M Aug 30 16:14 TAIR9_pep_20090619
62 -rw-r--r-- 1 user group 0B Aug 18 20:42 test1.txt
63 [user@server:~/dial]$ head TAIR9_pep_20090619
64 >AT1G51370.2 | Symbols: | F-box family protein
65 MVGGKKKTKICDKVSHEEDRISQLPEPLISEILFHLSTKDSVRTSALSTKWRYLWQSVPG
66 LDLDPYASSNTNTIVSFVESFFDSHRDSWIRKLRLLDLGYHHDKYDLMSWIDAATTRRIQH
67 LDVHCFHDNKIPLSIYTCTTLVHLRLRWAVLTNPEFVSLPCLKIMHFENVSYNETTLQK
68 LISGSPVLEELILFSTMPKGNVLQLRSDTLKRLDINEFIDVVIYAPLLQCLRAKMYSTK
69 NFQIISSGFPAKLDIDFVNTGGRYQKKKVIDILIDISRVRDLVISSNTWKEFFLYSKSR
70 PLLQFRYISHLNARFYISDLEMLPTLLESCPKLESLLILVMSSFNPS*
71 >AT1G50920.1 | Symbols: | GTP-binding protein-related
72 MVQYNFKRITVVPNGKEFVDIILSRTQRQTPVTVHKGYKINRLRQFYMRKVYKTQTNFHA
```

<sup>9</sup>Revise la página de manual: `man wc`



## 2.2. Formatos de secuencias

Existen diferentes formatos para secuencias, generalmente en texto plano. Lo que significa que se pueden ver y editar con cualquier editor de texto, como `vi` o `picco`. Algunos de estos formatos son más comunes que otros y muchos programas de bioinformática aceptan varios de los formatos más comunes (LEONARD *et al.*, 2007).

Todos los formatos de secuencias tienen una característica (campo) en común: un identificador para cada secuencia. De forma que esta pueda ser reconocida de forma unívoca.

### 2.2.1. Fasta

El formato más sencillo es conocido como Fasta<sup>11</sup>. En el cual una entrada, secuencia, se puede dividir en dos partes: La línea de identificación, que **debe** comenzar con el símbolo “>” y seguida inmediatamente del identificador de la secuencia (Ver línea 103), que puede ser cualquier cadena de caracteres sin espacios. Las líneas inmediatamente después del identificador corresponden a la secuencia propiamente dicha (Líneas 104-110).

Fasta es el formato de secuencias más comúnmente usado en aplicaciones bioinformáticas.

---

Secuencia en formato FastA

```
103 >gi|110742030|dbj|BAE98952.1| putative NAC domain protein [Arabidopsis thaliana]
104 MEDQVGFGRPNDEELVGHYLRNKIEGNTSRDVEVAISEVNICSYDPWNLRFQSKYKSRDAMWYFFSRRE
105 NNKGNRQSRRTTVSGKWLTGESVEVKDQWGFCEGFRGKIGHKRVLAFLDGRYPDKTKSDWVIHEFHFDL
106 LPEHQRTYVICRLEYKGDADILSAYAIDPTPAFVFNMTSSAGSVVNQSRQRNSGSYNTYSEYDSANHGQ
107 QFNENSNIMQQQLQGSFNPLLEYDFANHGGQWLSDYIDLQQQVPPYLAPYENESEMIWKHVIENFEFLV
108 DERTSMQQHYSDHRPKKPVSGVLPDDSSDTETGSMIFEDTSSSTDSVGSSEDEFGHTRIDDIPSLNIEPL
109 HNYKAQEOPKQSQSKEKVISSQKSECEWKMAEDSIKIPPSTNTVVKQSWIVLENAQWNYLKNMIGVLLFIS
110 VISWIIILVG
```

### 2.2.2. GenBank

El formato GenBank<sup>1213</sup> es usado por el “National Center for Biotechnology Information” (NCBI<sup>14</sup>), el mayor repositorio de secuencias, tanto de ácidos nucleicos como de proteínas, a nivel mundial. El NCBI junto con el, EMBL<sup>15</sup> y el DDBJ<sup>16</sup>, mantienen en forma conjunta “The International Nucleotide Sequence Database” (MIZRACHI, 2008).

Una entrada en este formato está compuesta por dos partes. La primera parte consiste de las posiciones 1 a 10, y generalmente contiene el nombre del campo, e.g., LOCUS, DEFINITION, ACCESSION o SOURCE. La segunda parte de cada entrada contiene la información para el campo correspondiente. Cada entrada termina con el símbolo “\” (Línea 173). Puede encontrar mayor

---

<sup>11</sup><http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/fasta.shtml>

<sup>12</sup><http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Sitemap/samplerecord.html>

<sup>13</sup><ftp://ftp.ncbi.nih.gov/genbank/release.notes/gb172.release.notes>

<sup>14</sup><http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

<sup>15</sup><http://www.ebi.ac.uk/embl/>

<sup>16</sup><http://www.ddbj.nig.ac.jp/>

información sobre este tipo de archivo siguiendo el enlace <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Sitemap/samplerecord.html>

---

111 LOCUS BAE98952 429 aa linear PLN 27-JUL-2006

112 DEFINITION putative NAC domain protein [Arabidopsis thaliana].

113 ACCESSION BAE98952

114 VERSION BAE98952.1 GI:110742030

115 DBSOURCE accession AK226863.1

116 KEYWORDS .

117 SOURCE Arabidopsis thaliana (thale cress)

118 ORGANISM Arabidopsis thaliana

119 Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;

120 Spermatophyta; Magnoliophyta; eudicotyledons; core eudicotyledons;

121 rosids; eurosids II; Brassicales; Brassicaceae; Arabidopsis.

122 REFERENCE 1

123 AUTHORS Totoki,Y., Seki,M., Ishida,J., Nakajima,M., Enju,A., Morosawa,T.,

124 Kamiya,A., Narusaka,M., Shin-i,T., Nakagawa,M., Sakamoto,N.,

125 Oishi,K., Kohara,Y., Kobayashi,M., Toyoda,A., Sakaki,Y.,

126 Sakurai,T., Iida,K., Akiyama,K., Satou,M., Toyoda,T., Konagaya,A.,

127 Carninci,P., Kawai,J., Hayashizaki,Y. and Shinozaki,K.

128 TITLE Large-scale analysis of RIKEN Arabidopsis full-length (RAFL) cDNAs

129 JOURNAL Unpublished

130 REFERENCE 2 (residues 1 to 429)

131 AUTHORS Totoki,Y., Seki,M., Ishida,J., Nakajima,M., Enju,A., Morosawa,T.,

132 Kamiya,A., Narusaka,M., Shin-i,T., Nakagawa,M., Sakamoto,N.,

133 Oishi,K., Kohara,Y., Kobayashi,M., Toyoda,A., Sakaki,Y.,

134 Sakurai,T., Iida,K., Akiyama,K., Satou,M., Toyoda,T., Konagaya,A.,

135 Carninci,P., Kawai,J., Hayashizaki,Y. and Shinozaki,K.

136 TITLE Direct Submission

137 JOURNAL Submitted (26-JUL-2006) Motoaki Seki, RIKEN Plant Science Center;

138 1-7-22 Suehiro-cho, Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa 230-0045, Japan

139 (E-mail:mseki@psc.riken.jp, URL:http://rarge.gsc.riken.jp/,

140 Tel:81-45-503-9625, Fax:81-45-503-9586)

141 COMMENT An Arabidopsis full-length cDNA library was constructed essentially

142 as reported previously (Seki et al. (1998) Plant J. 15:707-720;

143 Seki et al. (2002) Science 296:141-145).

144 This clone is in a modified pBluescript vector.

145 Please visit our web site (<http://rarge.gsc.riken.jp/>) for further

146 details.

147 FEATURES Location/Qualifiers

148 source 1..429

149 /organism="Arabidopsis thaliana"

150 /db\_xref="taxon:3702"

151 /chromosome="1"

152 /clone="RAFL08-19-M04"

153 /ecotype="Columbia"

154 /note="common name: thale cress"

155 Protein 1..429

156 /product="putative NAC domain protein"

157 Region 5..137

158 /region\_name="NAM"

159 /note="No apical meristem (NAM) protein; pfam02365"

160 /db\_xref="CDD:111274"

161 CDS 1..429

162 /gene="At1g01010"

163 /coded\_by="AK226863.1:89..1378"

164 ORIGIN

165 1 medqvgfgfr pndeelvghy lrnkiegnts rdvevaisev nicsydpwnl rfqskyksrd

166 61 amwyffsrre nnkgnrqsrt tvsgkwkltg esvevkdqwg fcsegfrgki ghkrvlfald

167 121 grypdktksd wvihefhydl lpehqrtyvi crleykgdda dilsayaidd tpafvpmnts

168 181 sagsvvnqsr qrnsgsynty seydsanhgq qfnensnimq qqplqggsfnp lleydfanhg

169 241 qqwlsdyidl qqgvpylapy enesemiwkh vieneflv dertsmqghy sdhrpkpvs

170 301 gvlpddssdt etgsmifedt sstsdsvgss depghtridd ipslniepl hnykaqeqpk

171 361 qqskekviss qksecewkma edsikippst ntvkqswivl enaqwnylkn miigvllfis

172 421 viswiilvg

173 //

### 2.2.3. Algunas operaciones básicas con secuencias en formato Fasta

En lo que resta de esta sección, y la siguiente, solo usaremos secuencias en formato Fasta. Por favor verifique que las secuencias de *A. thaliana* en el archivo TAIR9\_pep\_20090619 están en este formato. Puede usar el comando “head nombre\_archivo”, o el comando “less nombre\_archivo”<sup>17</sup>.

¿Algunas vez ha tenido que contar el número de secuencias o cambiar el identificador de secuencias en formato Fasta? Si se trata de una docena de secuencias, esto se podría hacer fácilmente en cualquier editor de textos, pero cuando son miles de secuencias la opción del editor de textos dejar de ser viable. Afortunadamente algunos comandos de Unix nos permiten realizar estas tareas simples de forma rápida.

Como observó en la línea 85, el comando “grep” nos podría ser de ayuda para contar el número de secuencias en un archivo Fasta. el modificador “-c” cuenta el número de líneas que contienen un patrón dado en un archivo, y podemos aprovechar el hecho de que en un archivo Fasta el símbolo “>” aparece una única vez por cada secuencia, como se muestra en la línea 180.

---

```
174 [user@server:~]$ cd ~/dial/
175 [user@server:~/dial]$ ls -l
176 total 70992
177 -rw-r--r-- 1 user group 18173159 Aug 30 16:14 TAIR9_pep_20090619
178 -rw-r--r-- 1 user group 18173159 Aug 30 19:54 TAIR9_pep_20090619.lc
179 -rw-r--r-- 1 user group 0 Aug 18 20:42 test1.txt
180 [user@server:~/dial]$ grep -c ">" TAIR9_pep_20090619
181 33410
182 [user@server:~/dial]$ sed 's/>/>ATH_/' TAIR9_pep_20090619 > TAIR9_pep_20090619.mod
183 [user@server:~/dial]$ head TAIR9_pep_20090619.mod
184 >ATH_AT1G51370.2 | Symbols:
185 MVGGKKKTKICDKVSHEEDRISQLPEPLISEILFHLSTKDSVRTSALSTKWRYLWQSVPG
186 LDLDPYASSNTNTIVSFVESFFDSHRDSWIRKLRDLGLGYHHDKYDLMWIDAATTRIQH
187 [user@server:~/dial]$
```

En otras ocasiones es importante modificar el identificador de cada secuencia, de forma que este incluya, por ejemplo, una abreviatura que represente el nombre de la especie a la que pertenece la secuencia. Nuevamente Unix nos permite hacer este cambio muy rápido usando el comando sed como se muestra en la línea 182.

---

<sup>17</sup>Para salir de less presione “q”

## Capítulo 3

# Búsquedas en bases de datos biológicas

Este capítulo corresponde a una versión modificada de una guía original de la profesora Silvia Restrepo.

### 3.1. NCBI – Bases de datos y búsqueda de información

El Centro Nacional de Información en Biotecnología, NCBI por sus siglas en inglés, es una institución pública de los Estados Unidos de América, que salvaguarda toda la información sobre los genomas de varias especies, así como la mayor base de datos pública sobre secuencias de ADN y proteínas. Su página principal de red esta ubicada el siguiente enlace: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

Esta página conecta con todos los datos disponibles en sus servidores (PubMed, ALL Databases (Entrez), Blast, OMIM, Books, TaxBrowser, Structure), como se observa en la Figura 3.1. Aunque Entrez está listado como uno de los servicios, en realidad casi todos ellos dependen directamente de Entrez. Por ejemplo, PubMed y Taxonomy están íntimamente ligados al Entrez.

#### 3.1.1. Iniciemos una visita a sus bases de datos

Como primera medida, entremos en PubMed. Esta base de datos contiene información sobre publicaciones científicas, y sus registros han sido compilados por el NLM (librería nacional de medicina), con colaboración de los editores. Allí encontrará la mayoría de referencias que necesite, incluyendo el resumen (Abstract) y en algunos casos la publicación de forma gratuita.

Para obtener ayuda sobre como efectuar búsquedas, refiérase al siguiente enlace: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/bookshelf/br.fcgi?book=helppubmed>

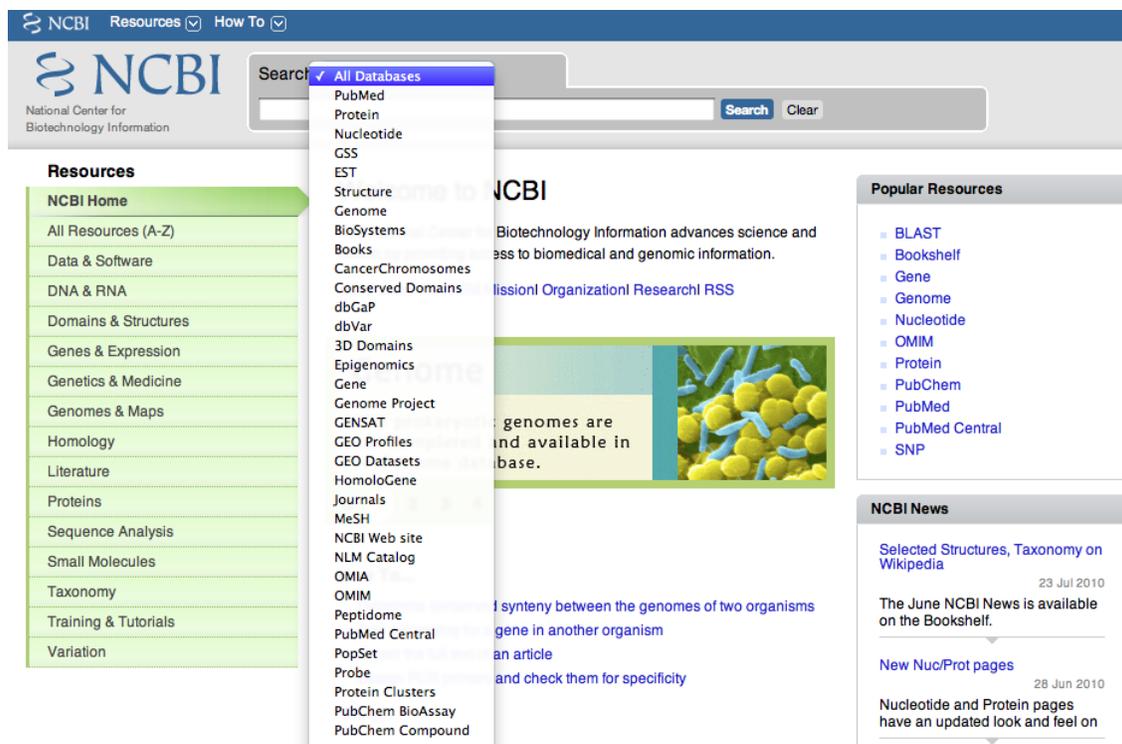


Figura 3.1: Página de inicio NCBI

Las páginas tienen un menú de bases de datos en una barra superior, las búsquedas deben colocarse en la ventanilla que se muestra en la Figura 3.2.

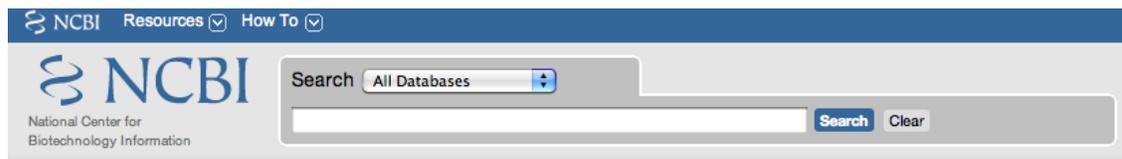


Figura 3.2: Ventanilla de búsqueda en el NCBI

Una búsqueda debe tomar un formato similar a este:

“palabraclave” [field] operador lógico “palabraclave” [field] ...

Donde **palabra clave** es la palabra que sirve para identificar un registro (record) según el campo (field) usado. Por ejemplo, una palabra clave puede ser "garcía.em" en el campo de "autores". **Operador lógico** es cualquiera de estos operadores booleanos: AND, OR, NOT, BUT, etc. Cuando reemplace con sus propios términos claves en el formato de arriba, recuerde que los campos deben estar entre paréntesis cuadrados [ ], pero los operadores van solos (sin los símbolos, ), adicionalmente, las comillas en la palabra claves son opcionales, pero cumplen la función de forzar una búsqueda con la palabra exacta en vez de ser flexible.

Por ejemplo, si quiero buscar todos los artículos de 1999 publicados por García y demás en la revista Science, uso el siguiente comando: García[AU] AND 1999[DP] AND "science"[TA]. Entre más información entre en la búsqueda, mayor restringida será la respuesta, (por ejemplo, si incluyo más autores).

Los campos (fields) más comunes que se pueden preguntar en PubMed son los siguientes:

**All Fields [ALL ]** Includes all searchable PubMed fields. However, only terms where there is no match found in one of the Translation tables or Indexes via the Automatic Term Mapping process will be searched in All Fields. PubMed ignores stopwords from search queries.

**Author Name [AU ]** Various limits on the number of author names included in the MEDLINE citation have existed over the years (see NLM policy on author names). MEDLINE does not list the full name. The format to search for an author name is: last name followed by a space and up to the first two initials followed by a space and a suffix abbreviation, if applicable, all without periods or a comma after the last name (e.g., fauci as or o'brien jc jr). Initials and suffixes may be omitted when searching. PubMed automatically truncates on an author's name to account for varying initials, e.g., o'brien j [au] will retrieve o'brien ja, o'brien jb, o'brien jc jr, as well as o'brien j. To turn off this automatic truncation, enclose the author's name in double quotes and qualify with [au] in brackets, e.g., "o'brien j"[au] to retrieve just o'brien j.

**EC/RN Number [RN ]** Number assigned by the Enzyme Commission to designate a particular enzyme or by the Chemical Abstracts Service (CAS) for Registry Numbers.

**Entrez Date [EDAT ]** Date the citation was added to the PubMed database. Citations are displayed in Entrez Date order which is last in, first out. Dates or date ranges must be entered using the format YYYY/MM/DD [edat], e.g. 1998/04/06 [edat] . The month and day are optional (e.g., 1998 [edat] or 1998/03 [edat]). To enter a date range, insert a colon (:) between each date (e.g., 1996:1997 [edat] or 1998/01:1998/04 [edat]).

**Issue [IP ]** The number of the journal issue in which the article is published.

**Journal Title [TA ]** The journal title abbreviation, full journal name, or ISSN number.

**Language [LA ]**

**Publication Date [DP ]** The date that the article was published. Dates or date ranges must be searched using the format YYYY/MM/DD [dp], e.g. 1998/03/06 [dp] . The month and day are optional (e.g., 1998 [dp] or 1998/03 [dp]). To enter a date range, insert a colon (:) between each date (e.g., 1996:1998 [dp] or 1998/01:1998/04 [dp]).

**Substance Name [NM ]** The name of a chemical discussed in the article. Synonyms to the Supplementary Concept Substance Name will automatically map when qualified with [nm]. This field was implemented in mid-1980. Many chemical names are searchable as MeSH terms before that date.

**Text Words [TW ]** Includes all words and numbers in the title and abstract, and MeSH terms, subheadings, chemical substance names, personal name as subject, and MEDLINE Secondary Source (SI) field. The Personal Name of Subject field can also be searched directly using the search field tag [ps], e.g., nightingale f [ps].

**Title Words [TI ]** Words and numbers included in the title of a citation.

**Title/Abstract Words [TIAB ]** Words and numbers included in the title and abstract of a citation.

**Unique Identifiers [UID ]** PubMed Unique Identifier PMID and MEDLINE Unique Identifier UI .

**Volume [VI ]** The number of the journal volume in which an article is published.

Ahora vamos a la página donde se encuentra ENTREZ. Para ello seleccione ALL DATABASES en la ventanilla de bases de datos de la página principal. Entrez es un sistema de búsqueda de secuencias almacenadas en las bases de datos. Se pueden hacer preguntas sofisticadas para obtener un conjunto de secuencias que sean de interés propio, por ejemplo, puedo pedir que muestre todas las secuencias genómicas de Arabidopsis que fueron incluidas en la base de datos entre los años 97' y 99' que además contengan anotación (en la tabla de "features") sobre regiones promotoras. La Figura 3.3 muestra la página de entrada al servidor de Entrez.

Así en una sola página podemos realizar búsquedas simultáneamente en todas las bases de datos o seleccionar una sola base de datos y hacer una búsqueda por base de datos.

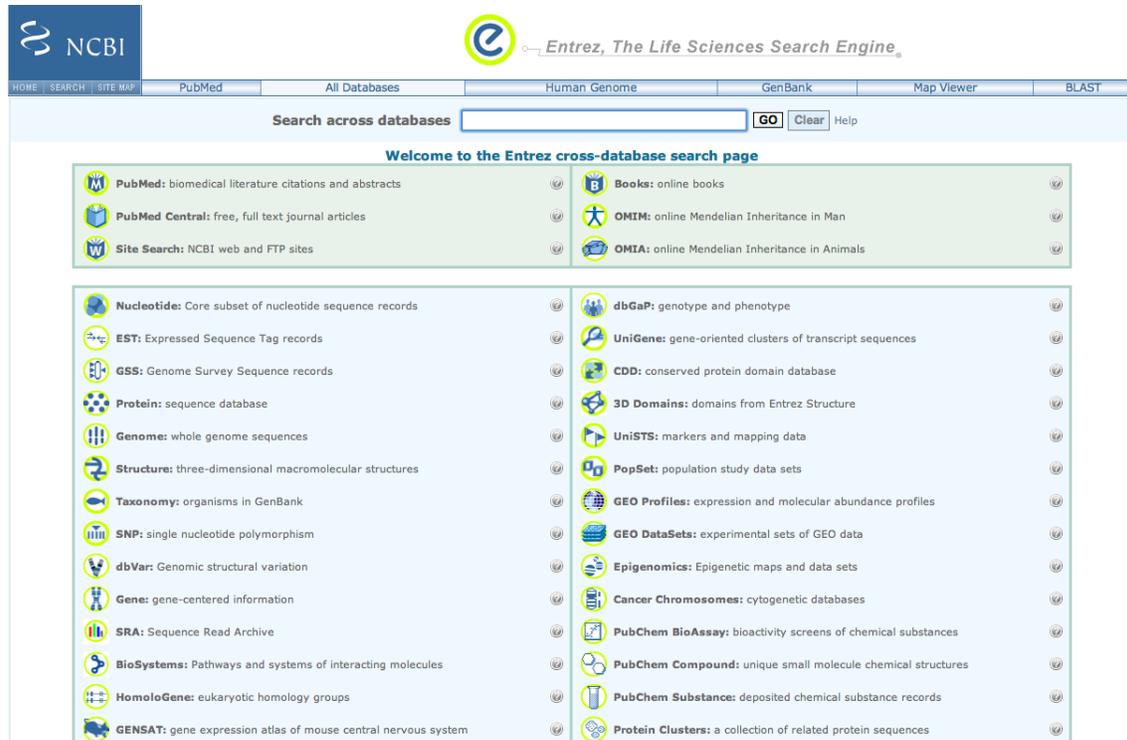
En la casilla de búsqueda, se pueden preguntar secuencias usando sus números identificadores (como el gi-number o con el número de accesión). También se pueden formular preguntas más complicadas utilizando la sintaxis de entrez, similar a como vimos PubMed:

**“palabraclave”[field] operador lógico “palabraclave”[field] ...**

Para obtener mayor información sobre Entrez puede seguir el enlace: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/bookshelf/br.fcgi?book=helpentrez&part=EntrezHelp>

## Ejercicios

1. ¿Cuál es la clasificación taxonómica del alga *Chlamydomonas reinhardtii*, y qué otras plantas son cercanas, de tal manera que puedan usarse como fuente de marcadores. Cuantas secuencias de proteínas están presentes en GenBank para la especie *Chlamydomonas reinhardtii*?



**Figura 3.3:** Página principal de Entrez

2. Vaya a la página de PubMed y consiga las referencias que traten sobre la biología molecular y/o genética de la yuca (*Manihot esculenta*). ¿Cuántas fueron publicadas en los últimos dos años y de qué laboratorios (o regiones geográficas) son sus autores? Explique cómo realizó la búsqueda. Hint: GoPubMed <http://www.gopubmed.org/>
3. Use Entrez para encontrar todas las secuencias tipo EST (Expressed Sequence Tag) de arroz que han sido depositados en la base de datos.

Revise la descripción de los principales formatos de secuencias en la sección 2.2.

### ¿Qué bases de datos encontramos en el NCBI?

El NCBI posee un gran número de bases de datos. La más conocida es GenBank que contiene todas las secuencias nucleotídicas. GenPept contiene las secuencias de proteínas. Otras bases de datos son Genome, Structure, PubMed

En GenBank las secuencias están organizadas en 17 divisiones, 11 tradicionales y 6 Bulk. En las tradicionales las secuencias han sido mandadas directamente por los investigadores, están caracterizadas y las divisiones son:

**PRI** primates

**PLN** plantas

**BCT** Bacterias

**INV** Invertebrados

**ROD** Roedores

**VRL** Virales

**VRT** otros vertebrados

**MAM** Mamíferos (Ej. ROD + PRI)

**PHG** Fagos

**SYN** Sintéticos (vectores de clonacion, etc)

**UNA** sin anotación

Las Bulk consisten en secuencias mandadas en grupo via email o ftp, inexactas y poco caracterizadas, son:

**dbEST** Base de datos de ESTs, Expressed Sequence Tags

**dbSTS** Sequence-tagged sites: son cortos landmarks genómicos para los cuales hay información de secuencia y de mapa

**dbGSS** Genomic survey sequences. Contiene: datos de secuencia paso único del genoma, secuencias terminales de BAC, YAC y cosmidos, secuencias de exones

**dbHTGS** High-Throughput Genomic Sequences. Fue creada para guardar información de la secuenciación de genomas que no estaba terminada ni curada pero para darla a conocer a la comunidad científica tan pronto como estuviera disponible

y además se tienen bases de datos para:

**HTC** High Throughput cDNA

**PAT** Patent

## RefSeq

Especial énfasis queremos hacer en una base de datos de NCBI llamada RefSeq. Esta base de datos fue creada para obtener una colección biológicamente no-redundante de secuencias de ADN, ARN y proteínas. Cada RefSeq (secuencia de referencia) representa una molécula única que ocurre naturalmente en un organismo. Esta base de datos es de tipo curada por investigadores. Cada molécula no es un resultado de investigación sino es una síntesis de información.

Volvamos a la página principal de NCBI y en la ventana de search, dejando all databases escribamos NC\_001139<sup>1</sup>. Vemos que en Nucleotide tenemos 1 hit, al igual que en Genome y en Gene tenemos 631.

Abramos la de Nucleotide: obtenemos un flatfile de secuencia que corresponde a la secuencia completa del cromosoma VII de la levadura. Examinemos un poco el flatfile, **¿qué información contiene?**

Notemos que los identificadores de esta base de datos cambian y son del tipo 2+6 con dos letras y 6 números, la siguiente tabla nos muestra que significan estas letras:

|                          |                                                                   |
|--------------------------|-------------------------------------------------------------------|
| <b>mRNA and Proteins</b> |                                                                   |
| NM_123456                | Curated mRNA                                                      |
| NP_123456                | Curated Protein                                                   |
| NR_123456                | Curated non-coding RNA                                            |
| XM_123456                | Predicted mRNA                                                    |
| XP_123456                | Predicted Protein                                                 |
| XR_123456                | Predicted non-coding RNA                                          |
| <b>Gene records</b>      |                                                                   |
| NG_123456                | Genomic Region                                                    |
| <b>Chromosome</b>        |                                                                   |
| NC_123456                | Complete genomic molecule, Microbial replicons, organelle genomes |
| <b>Assemblies</b>        |                                                                   |
| NT_123456                | Contig                                                            |
| NW_123456                | WGS supercontig (assembly of WGS)                                 |

### 3.1.2. Recuperación de Secuencias en el NCBI con búsquedas más específicas

**CONOCEMOS EL ORGANISMO.** Las búsquedas en NCBI se pueden hacer más dirigidas si conocemos el organismo del cual buscamos información. Entramos a la página inicial de NCBI, vamos a TaxBrowser, ponemos el nombre del organismo que estamos buscando. Cuando lo seleccionamos, a la derecha aparece una tabla de número de secuencias por tipo de molécula o proyecto. Al hacer clic en alguna de ellas, por ejemplo proteínas, nos lleva directamente a las proteínas de ese organismo.

<sup>1</sup>asegúrese de incluir el símbolo underscore

**CONOCEMOS EL O LOS NÚMEROS DE ACCESO.** Si conoce el número de acceso directamente lo puede poner en la ventana de búsqueda de la página principal de NCBI. Para varias secuencias se ponen los números con la palabra OR entre ellos, por ejemplo AJ487842 or AJ487843. Finalmente para una seguidilla de números de acceso se pone: AJ487842::AJ487851[ACCN]

**DIRIGIMOS LA BÚSQUEDA CON LIMITS.** Por ejemplo si quiero buscar las secuencias curadas de mRNA relacionadas con un tipo de cáncer en humanos puedo hacer la siguiente búsqueda: en la ventana de búsqueda pongo COLON CANCER AND NONPOLYPOSIS, busco la base de datos de nucleótidos. Luego en LIMITS selecciono la molécula mRNA y en only from (base de datos) selecciono RefSeq. Luego selecciono arriba la otra pestaña Preview/index y ahí en organismos escribo humans y selecciono AND

### 3.2. Recuperación de secuencias usando SRS@EBI

Existe sin embargo una alternativa excelente para la búsqueda de secuencias biológicas, que nos permite controlar casi todos los aspectos de nuestra búsqueda, esta alternativa es el Sistema de Recuperación de Secuencias (SRS). Este sistema fue desarrollado teniendo en mente precisamente esta labor de recuperar secuencias biológicas de una manera efectiva, de allí su diseño y sus capacidades.

En este taller trabajaremos con el SRS ofrecido por el Instituto Europeo de Bioinformática (EBI), <http://srs.ebi.ac.uk/>. O entrando al EBI, (<http://www.ebi.ac.uk/>) , database → database browsing se llega a SRS.

Una manera sencilla de consultar el SRS es mediante la casilla Quick Text Search. En dicha casilla es posible realizar búsquedas en diversas bases de datos disponibles en el menú desplegable, como se muestra en la Figura 3.4

Por ejemplo seleccionando la opción “Nucleotide Sequences” realizaremos nuestra búsqueda en la base de datos de DNA EMBL (homóloga al genBank y al DDBJ).

Realice una búsqueda rápida por HIV-1 con diferentes opciones del menú desplegable. Hasta este momento el SRS parece ser bastante menos completo comparado con el sitio web del NCBI, pero ahora empezaremos a comprobar donde radica todo su potencial.

Ahora realizaremos una búsqueda avanzada. Seleccione la pestaña Library Page ubicada en la parte superior de su pantalla y se muestra en la Figura 3.5

A continuación será llevado a la sección del SRS donde se describen cada una de las bases de datos que componen el sistema (Figura 3.6). Como puede ver el SRS comprende muchas bases de datos a la vez y esa es una de sus principales virtudes, por esta razón al SRS se le conoce algunas veces como una “base de datos de bases de datos”, pues a través de este sistema podemos consultar múltiples bases de datos al mismo tiempo, de acuerdo a nuestras necesidades particulares.

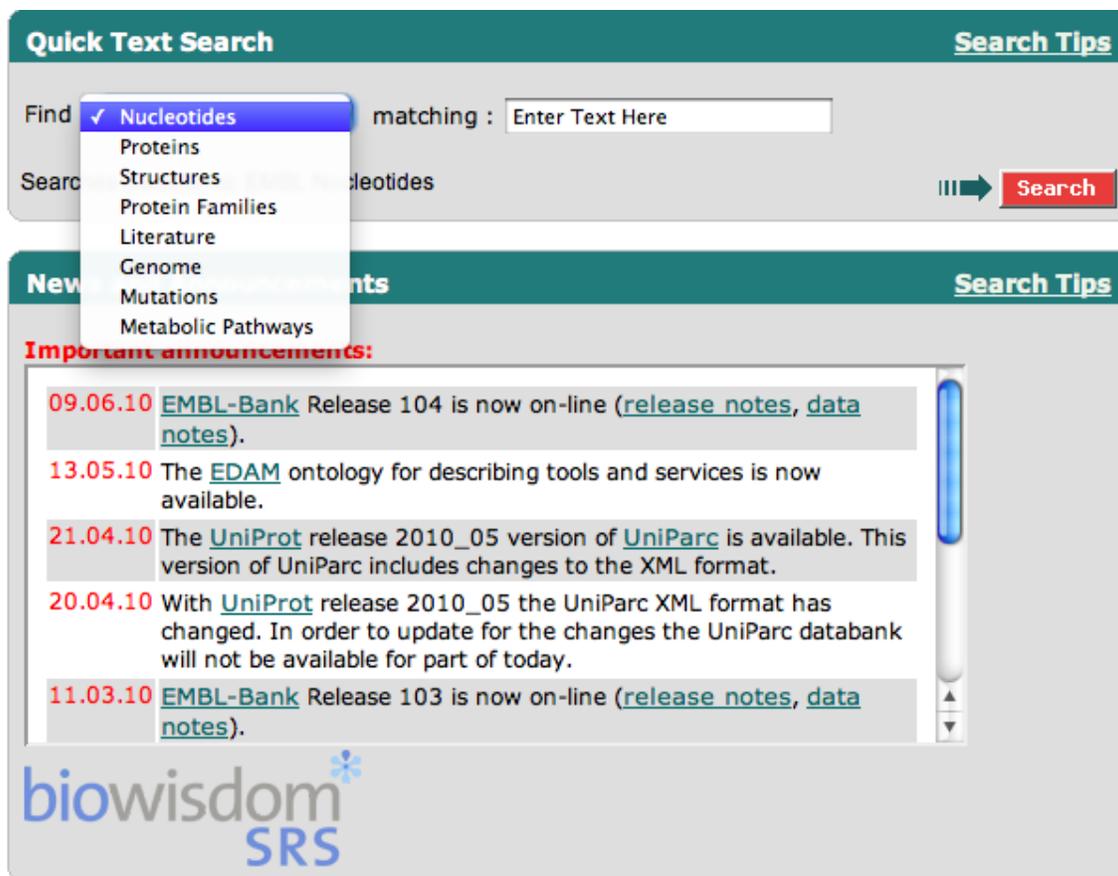


Figura 3.4: Página principal de SRS

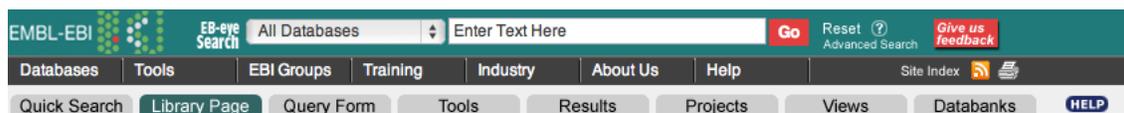


Figura 3.5: Opciones SRS

Como puede darse cuenta el SRS es similar al sistema ENTREZ del NCBI, en el sentido en que nos permite consultar muchas bases de datos al mismo tiempo, pero esta vez no restringidos únicamente a aquellas con las que cuenta el NCBI sino a virtualmente cualquier base de datos. El número de bases de datos con las que cuenta el SRS depende de cada implementación, es decir el administrador del SRS determina qué bases de datos quiere o no incluir en su sistema

Ubique el cursor del ratón sobre alguna de las entradas, después de unos segundos una casilla de texto explicativo aparecerá. *¿Qué tipo de información proveen las bases de datos EMBL (Contig Updates), UniprotKB/Swissprot?*

Al seguir el enlace a cualquiera de estas bases de datos obtendremos mayor información acerca de esta, como el número de entradas presentes, fecha de actualización etc. Sin embargo, por ahora nuestro interés es el de seleccionar algunas bases de datos para realizar nuestras búsquedas. Seleccione las

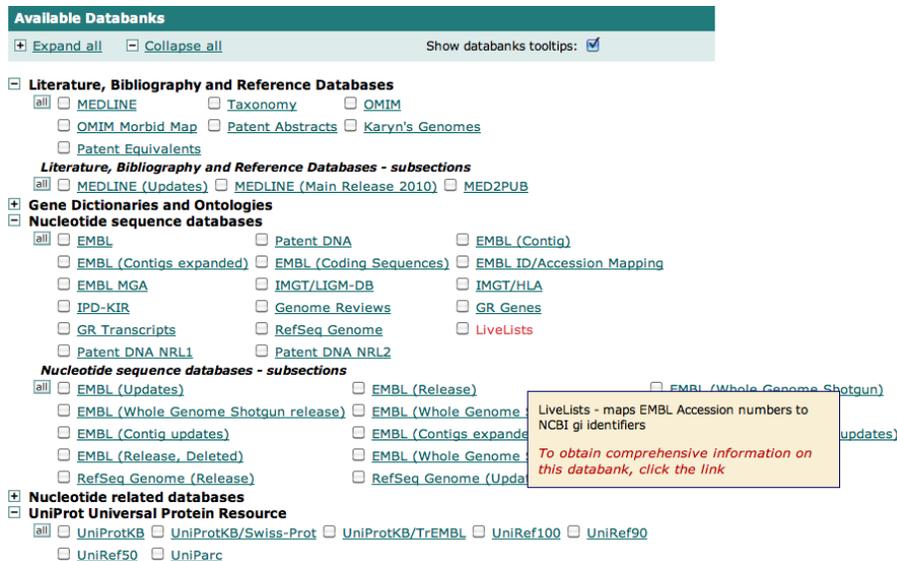


Figura 3.6: Opciones SRS

casillas pertenecientes a las bases de datos de “UniprotKB/Swissprot” y “UniprotKB/TrEMBL”. Cerciórese de que estas sean las únicas bases de datos seleccionadas.

A la izquierda de su pantalla encontrará la casilla “Search Options” la cual nos permitirá seleccionar el nivel de profundidad de nuestra búsqueda, Por ser esta la primera vez que trabajamos con este sistema seleccionaremos la forma estándar de búsqueda.

Presione el botón “**Standard query Form**” de la casilla “**Search Options**”

Esta acción le llevará al formulario estándar de búsqueda en el SRS (Figura 3.7). El cual consta de 4 partes fundamentales.

**Fields you can search** Campos de búsqueda, donde podemos entrar nuestros términos de búsqueda de acuerdo a cualquiera de las opciones presentes en los respectivos menús desplegables.

**Create View** Crear vista, esta opción trabaja en conjunto con la opción 3, y acá podemos definir el tipo de campos que queremos ver en nuestra página de resultados. Para nuestro ejemplo, tenemos interés en seleccionar todas las proteínas de superficie conocidas de *Plasmodium falciparum* con actividad inmunogénica, relacionadas con el merozoito.

**Result Display Options** Opciones para mostrar los resultados, donde podemos definir el número de resultados que queremos por página, así como el formato de salida, ya sea alguno de los definidos en el menú desplegable o mediante la creación de una vista personalizada (opción “create view”).

**Search Options** Opciones de búsqueda, donde podemos definir, entre otras cosas, el tipo de conector lógico (booleano) a utilizar para los términos definidos en 1.

The screenshot shows the SRS search interface. It is divided into several sections:

- Search Options:** Includes options to combine search terms with '& (AND)', use wildcards (checked), and get results of type 'Entry'.
- Fields you can search:** A section with a header and a sub-header 'In a single field, you can separate multiple values by: &, | or !'. It contains four rows, each with a dropdown menu set to 'AllText' and an empty text input field.
- Your search terms:** A red 'Search' button.
- Result Display Options:** Includes options to view results using 'UniprotView' or 'Create a view', and a 'Show 30 results per page' option.
- Create a view:** A section with a header 'Select the fields you want displayed in your view and choose the format'. It includes a list of fields (ID, EntryName, Data Class, AccessionNumber, Primary Accession Number, Sequence Version, Creation Date) and a 'Display As' option set to 'Table'.
- Tips:** A section with a header 'Tips' and text: 'To do more advanced queries, use the [Extended Query](#) Form.'

Figura 3.7: Formulario de búsqueda SRS

Defina estos criterios en la sección “Fields you can search” de acuerdo la Figura 3.8.

This screenshot shows the 'Fields you can search' section of the SRS search form. It includes a sub-header 'In a single field, you can separate multiple values by: &, | or !' and a red 'Search' button. Below this, there are four rows, each with a dropdown menu and a text input field:

- Organism Name: plasmidium falciparum
- Keywords: merozoite
- Description: surface antigen
- AllText: (empty)

Figura 3.8: Criterios de búsqueda avanzada

A continuación presione el botón “**search**” ubicado en la parte superior de esta sección y espere unos segundos.

Seguramente en este momento ya tenga una visión más exacta de las posibilidades que ofrece el SRS y sus principales diferencias con el sistema Entrez. Primero, pudimos definir exactamente no solamente la base de datos que queríamos consultar, sino las secciones específicas de esta. Además de esto pudimos también definir exactamente los términos de búsqueda en secciones específicas de las entradas, lo cual nos da un completo control sobre los resultados que queremos obtener.

Juegue un poco con las diferentes opciones de formatos que ofrece el SRS en la sección “**Result Display Options**”, del formulario de búsqueda. Intente también creando su propio formato de salida con la opción “**Create view**”.

Encuentre todas las proteínas nucleares hipotéticas de *Saccharomyces cerevisiae*, y muestre la información en formato fasta.



## Capítulo 4

# Manipulación básica de secuencias

Este capítulo corresponde a una versión modificada de una guía original de la profesora Silvia Restrepo.

### 4.1. Limpieza de secuencias

Un Vector, es un agente que lleva fragmentos de ADN de interés a una célula específica. Si éste es utilizado para reproducir un fragmento de ADN, se le conoce como *Vector de Clonación*, si se utiliza para expresar cierto gen, se conoce como *Vector de Expresión*. Los vectores más usados son plásmidos, BACs, YACs, cósmidos y los bacteriófagos Lambda y P1. En cualquier caso que se utilice un vector, cuando se manda a secuenciar el fragmento de interés, se puede identificar las secuencias vector y eliminarlas. Para esto se puede emplear VecScreen siguiendo el enlace <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/VecScreen/> (Figura 4.1).

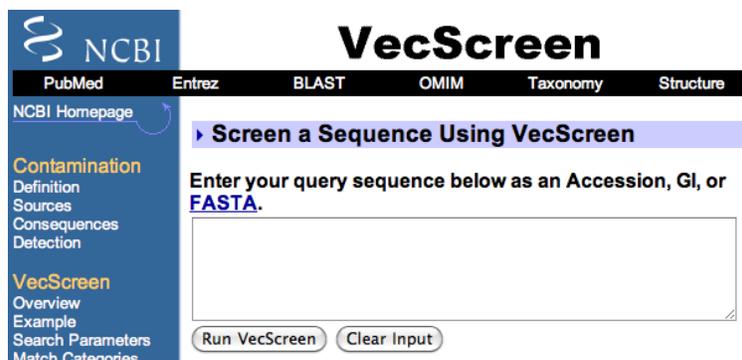


Figura 4.1: VecScreen: Herramienta para detectar contaminación de vectores.

En el campo de búsqueda que aparece en la página, pegue la Secuencia Problema 1 y ejecútela como “**Run VecScreen**”.

En la siguiente página, deje los campos que se encuentran por defecto (para ver los resultados

de manera gráfica) y dele click a “**View report**”.

Posibles resultados:

- Si la secuencia NO tiene secuencias de vector contaminantes: “Non-significant homology”.
- Si la secuencia SI tiene secuencias de vector contaminantes:
  - Sección gráfica: con diferentes colores muestra, sobre el mapa de la secuencia problema, donde se encuentran las secuencias contaminantes.
  - Alineamiento: se muestra el alineamiento entre la secuencia problema y las secuencias contaminantes homólogas de vectores que se encontraron.

---

Secuencia problema 1

---

```
>Secuencia_Problema_1
TCTATNGGCGATTGGGTACCGGGCCCCCCTCGAGGTGCGACGGTATCGATAAGCTTGATA
TCGAATTCATGGGATTCTTAACAACAATAGTTGCTTGTTCATTACCTTTGCAATATTA
TTCACCTCATCCAAAGCTCAAACTCCCCCAAGATTATCTTAACCCTCACAATGCAGCTC
GTAGACAAGTTGGTGTGGCCCCATGACATGGGACAATAGGCTAGCAGCCTATGCCAAA
ATTATGCCAATCAAAGAATTGGTGACTGCGGGATGATCCACTCTCATGGCCCTTACGGCG
AAAACCTAGCCGCCCTTCCCTCAACTTAACGCTGCTGGTGTGTAATAAATGTGGGTG
ATGAGAAGCGTTTCTATGATTACAATTCAAATCTTGTGTAGGAGGAGTATGTGGACACT
ATACTCAGGTGGTGTGGCGTAACCTCAGTACGCTCGGTTGTGCTAGGGTTCGAAGCAACA
ATGGTTGGTTTTTCATAACTTGCAATTATGATCCACCAGGTAATTTTATAGGACAACGTC
CCTTTGGCGATCTTGAGGAGCAACCCTTTGATTCCAAATGGAACTTCCAACCTGATGTCT
AAGAATTCCTGCAGCCCGGGGATCCACTAGTTCTAGAGCGCCGCCACCGGGTGGAGC
TCCAGCTTTTGTCCCTTTAGTGAGGGTTAATTTTCGAGCTTGGCGTAATCATGGTCATAG
CTGTTTCTGTGTGAAATTTGTTATCCGCTCACAATTCACACAACATACGAGCCGGAAGC
ATAAAGTGTAAGCCTGGGGTGCCATAATGAGTGAGCTAACTCACATTAATTCGTTGCGC
TCACTGCCCGCTTCCAGTCGGGAAACCTGTCGNGCCAGCTGCATTAATGAATCGGCCAA
CGCGGGGGAAAAGGCGGGTTTGGCGTATTGGGGCGCTCTTCCGCTTCCTCGCTCACTGG
ACTCNGTTGCGCTCGGTCTGTCGGTGCNGAGNGGNAATCAGCCNCCCCCAAAAGGN
GGNNAATCCGGTTANCCNCGNAATCCGGGGGAAAACNCCNNGAAAAACNTGGGGANCAA
AAAGNCCCCAAAAGGGCCAGNAACNNNNAAAAAGGGCCNGNGTGNNGGGGGTTT
TNCCAAAGGNCCCCCCCCGNGAANANNNNCCAAAANTCCCCCCTCAATCCAANGG
GGNGAAAACCCCCGGGNANNTTAAAAANANCGGGGTTNCCCCNGGAAAACCCCCNGGG
NCNCCNGGTTCCNACCCGGCCCTTAANGGAAAATGNCNCCNTT
```

En la Secuencia Problema 1, ¿Encuentra fragmentos similares a algún vector?

En el caso en que encuentre secuencias contaminantes de vectores, ¿Entre qué nucleótidos se encuentra el inserto de interés?

Elimine las secuencias contaminantes y vuelva a VecSreen con esta nueva secuencia. ¿Qué obtiene?

Se debe entonces proceder a limpiar la secuencia eliminando los fragmentos correspondientes a vector.

## 4.2. Mapa de restricción

Los mapas de restricción sirven para verificar que la secuencia que se recibió del centro de secuenciación en efecto corresponde a la secuencia que se mando. Igualmente se puede usar esta herramienta para verificar largas secuencias (como genomas bacterianos) que fueron ensambladas a partir de fragmentos mas cortos. El número y tamaño de los fragmentos predichos deben corresponder al mapa de restricción experimental.

Una herramienta que permite hacer este tipo de análisis se encuentra siguiendo el enlace <http://biotools.umassmed.edu>, seleccionando la opción “Restriction Mapping Tool”.

En la siguiente página pegue la secuencia “35\_292648\_.ab1” y seleccione la opción ‘entire linear map’ y ‘Submit Sequence to wwwwtag’. Note que tiene la opción de escoger que enzimas de restricción desea usar.

```
----- Secuencia 35_292648_.ab1 -----
>35_292648_.ab1 ABIX Testing -- no comment RESTRICCION
CGGGCGTCACCGCATTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTTAAGGGATAATCTATTTTC
NCTTATTCANANAAATTAGTAATTACNCATAACNCNCAACTTTGANGCCCNCATTATAANG
ATTAGCAGGNCATTATATAAGNGGGCANCCTTTTATTTCANACATTAATTACTTAATTTN
GGGCAANCCANAAAANGGACAAGTCTAGAGTCNCATTACNGGGNACATATTTGCCTNGGG
TTCATCACTCTCNCCTTACATACAAACTTTCCATCTTTACCAAAAANAANAGCAACCCTT
GNACCCGGGGCAACANGGGGNACATCCGGGGGANAAATTAACGATTTTCCCTGGGAACG
GGGACNTCTTGAANAGGCAATATTTGGATCNCAATTAANGGGCAAGCNTTTGGCCTTTT
NGGATCANATTCNCCTTCNCAAATAAATTTCCGAAAGAATTATAATAATTACNACCCTT
ATAGCCGGAGCAACAATTGANGCATANGGGATTTAGCGGACTTCCTTCTGAACGGGGGCA
TATCCCGAACCCAANATTACNCATTNCTAGTACAAGCCTNGGCATCAACATATAGAAA
CNTTCCAAGAACAATTAGTAGGNAAGCGACAAAATTAACCTTCCCTGGGAACNGCCNNGAN
GGANAATTGATTACNAGTACCTNGGCTCTTTTAATTTNGGGNCGGGGGGGGGGGGGGG
```

La página de resultados le muestra la información de su secuencia, las enzimas que no cortan su secuencia, el número de cortes para cada enzima y un mapa de sus secuencias con los sitios de corte.

¿La secuencia tiene sitios de corte para la enzima cfoI?

¿Si digiriera el fragmento con las enzimas EcoRI y BamHI y corriera la digestión en un gel de agarosa, qué tamaños de bandas observaría?

## 4.3. Análisis de la composición del ADN

En esta sección vamos a usar algunos programas del paquete EMBOSS (“The European Molecular Biology Open Software Suite”; <http://emboss.sourceforge.net/>) para calcular algunas estadísticas sobre secuencias de ADN. Mas adelante nos volveremos a encontrar con EMBOSS para desarrollar tareas mas complicadas.

#### 4.3.1. Contenido de G+C

El contenido en G+C de la secuencia de ADN es importante por varias razones. El apareamiento entre las bases G y C es más estable que entre las bases A y T. Así, el contenido en bases de la secuencia determinara el comportamiento de la secuencia en experimentos de laboratorio.

Siguiendo el enlace <http://mobyli.pasteur.fr/cgi-bin/portal.py?form=geecee> llegará a una interfaz web del programa geecee del paquete EMBOSS, que le permite calcular el contenido de G+C de una secuencias de ADN.

¿Cuál es el contenido de G+C de la secuencia 35\_292648..ab1?

#### 4.3.2. Composición monomérica y palabras cortas

También podemos fácilmente calcular las frecuencias de k-meros, i.e., monómeros, dímeros, trímeros, tetrámeros, pentámeros, ...

Siga el enlace <http://mobyli.pasteur.fr/cgi-bin/portal.py?form=compseq> y calcule la proporción de monómeros, dímeros y trímeros de la secuencia 35\_292648..ab1. Presente los resultados en forma tabular..

## Capítulo 5

# Creación de bases de datos relacionales

En este capítulo vamos a crear bases de datos relacionales usando SQLite<sup>1</sup> como motor de base de datos y la extensión de Firefox SQLite Manager<sup>2</sup> como interfaz a la base de datos.

Primero tenemos que asegurarnos que el programa `sqlite3` está instalado en nuestro computador. Para esto iniciemos el programa **Terminal**<sup>3</sup>. Una vez en **Terminal** podemos escribir `sqlite3` en la línea de comandos, si se obtiene un salida similar a la mostrada en las líneas 15 a 18, `sqlite3` está instalado y funcionando correctamente, de lo contrario es necesario descargarlo del sitio web referenciado en la nota al pie número 1

---

Ejecutando sqlite3

```
14 [user@server:~]$ sqlite3
15 SQLite version 3.6.12
16 Enter ".help" for instructions
17 Enter SQL statements terminated with a ";"
18 sqlite>
19 [user@server:~]$
```

Una vez hemos comprobado que el motor de bases de datos está instalado y funcionando correctamente, tenemos que asegurarnos que el complemento **SQLite Manager** de **Firefox** esta instalado, para esto, en el **Firefox**, vaya al menú **Herramientas** → **SQLite Manager**; si esta opción de menú no aparece entonces es necesario instalar la interfaz a SQLite desde el sitio referenciado en la nota al pie número 2.

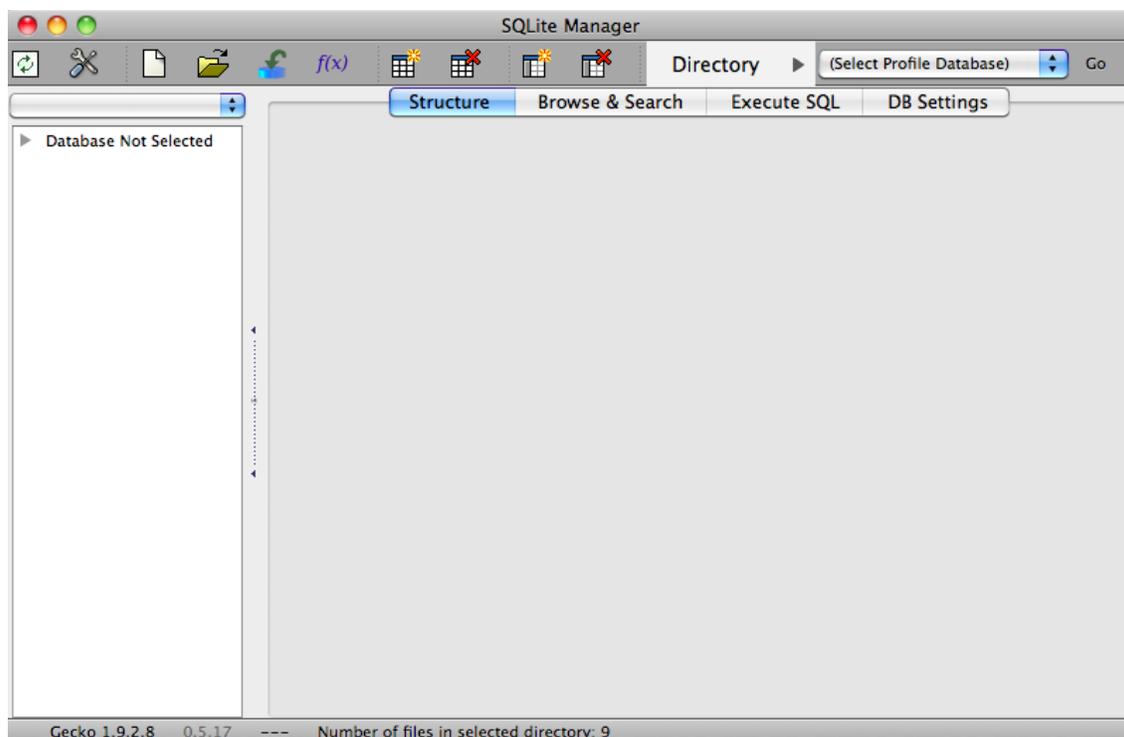
Una vez henmos comprobado que el **SQLite Manager** está instalado podemos hacer click en el menú **Herramientas** → **SQLite Manager**, lo que iniciará una ventana como la que se muestra en la figura 5.1

---

<sup>1</sup><http://www.sqlite.org/>

<sup>2</sup><https://addons.mozilla.org/en-US/firefox/addon/5817/>

<sup>3</sup>Como hacer esto depende del sistema operativo. En MacOSX puede usar spotlight, i.e., el ícono de lupa en la parte superior derecha de su escritorio, y escribir Terminal, luego darle click al ícono del programa.



**Figura 5.1:** SQLite Manger en Firefox

Aquí podemos empezar a manipular bases de datos relacionales usando el motor `sqlite3`.

Cree la base de datos `PlnTFDB`, haciendo click en el botón **New database**. Seleccione el directorio en donde desea guardarla, puede ser en el directorio **Documentos**.

Importe los archivos<sup>4</sup> `tf.csv`, `Species.csv`, `Domains.csv`<sup>5</sup> en las tablas `TF`, `Species`, y `Domains` respectivamente, usando la opción **import**, y asegurandose de seleccionar `Tab` como el separador de campos e indicar que la primera fila consiste en los nombres de los campos. En el siguiente cuadro de diálogo indique el tipo de datos de cada columna.

Cree los siguientes índices<sup>6</sup>:

**Tabla TF:** `Sp_pepid` sin duplicados, como una clave primaria, `Sp_ID` y `family_id`

**Tabla Species:** `Sp_ID` sin duplicados

**Tabla Domains:** `Sp_pepid` con duplicados<sup>7</sup>, `domainid` con duplicados.

Relaciones entre las tablas: El campo `Sp_ID` de la tabla `TF` está relacionado con el campo `Sp_ID` de la tabla `Species`. El campo `Sp_pepid` de la tabla `Domains` está relacionado con el campo `Sp_pepid`

<sup>4</sup>Los archivos pueden ser descargados desde Sicua Plus

<sup>5</sup>Antes de importat abra cada uno de los archivos con un procesador de texto y defina que tipo de columnas aparecen, `VARCHAR`, `NUMERIC`, `INTEGER`, `FLOAT`

<sup>6</sup>¿Para qué sirven los índices?

<sup>7</sup>¿Por qué es necesario aceptar duplicados?

de la tabla TF. ¿Que tipo de relación hay entre los campos: uno-a-uno, uno-a-varios, varios-a-varios? En este ejercicio particular no los estamos usando, pero ¿qué son las claves externas (foreign keys)?

A manera de ejemplo vamos a realizar algunas consultas sencillas a la base de datos. Haga click en la pestaña **Execute SQL**, y en el cuadro **Enter SQL** escriba lo siguiente:

```
SELECT TF.Sp_pepid, TF.family_id, Species.Species_full_name
FROM TF, Species
WHERE TF.Sp_ID=Species.Sp_ID
```

Identifique las operaciones de **proyección**, **selección** y **conexión (JOIN)** en la anterior declaración SQL.

Vamos a hacer las siguientes consultas a la base de datos: **¿Cuáles son las familias de factores de transcripción presentes en las especies estudiadas?**

```
SELECT DISTINCT TF.family_id
FROM TF
```

**¿Cuántas familias son?**

```
SELECT COUNT(DISTINCT TF.family_id)
FROM TF
```

**¿Cuántas familias hay en cada especie?**

```
SELECT Species.Species_full_name, COUNT(DISTINCT TF.family_id)
FROM TF, Species
WHERE TF.Sp_ID=Species.Sp_ID
GROUP BY Species.Sp_id
```

**Responda las siguientes preguntas:**

1. **¿Cuántos genes por familia y por especie hay?**
2. **¿Cuántos genes por especie hay?**
3. **¿Que dominos están presentes en los genes de la familia MYB de la especie *Arabidopsis thaliana*?**
4. **¿Cuál es el número de dominios diferentes presentes en los genes de las diferentes especies?**
5. **¿Cuál es la especie con mayor número de dominos diferentes?**
6. **¿En que especie y gen se encuentra el dominio mas largo?**
7. **¿Para qué sirve la expresión `limit` en una declaración SQL en SQLite?**



## Capítulo 6

# Búsquedas en base de datos biológicas - Segunda parte

### 6.1. PubMed

Esta sección corresponde a una versión modificada del tutorial <http://www.nlm.nih.gov/bsd/disted/pubmedtutorial/>. Esta guía consiste en seguir el tutorial disponible en el enlace anterior y resolver las preguntas que aparecen mas abajo en rojo.

**PubMed** es la base de datos de literatura mantenida por el NCBI, actualmente tiene alrededor de 19 millones de registros.

#### 6.1.1. Entendiendo la información en los registros de PubMed

Una referencia bibliográfica en PubMed está compuesta de campos que ofrecen información específica (Título, autor, lenguaje, etc) sobre el artículo publicado. La siguiente lista es una muestra de los campos que aparecen generalmente:

- Título del artículo
- Nombres de los autores
- Resumen publicado con el artículo
- Vocabulario controlado de términos de búsqueda (Medical Subject Headings)
- Información sobre la revista
- Instituto o universidad a la que está afiliado el primer autor
- Lenguaje en que el artículo fue publicado

- Tipo de publicación (revisión, carta, nota pequeña, etc)
- Identificador único de PubMed (PubMed Unique Identifier, PMID)

### Ejercicios:

- Haga una búsqueda en PubMed e identifique los campos que se mencionaron arriba.
- Realice una búsqueda en PubMed con el término “eye”. ¿Cuáles de los siguientes términos serán recuperados?
  - Eye, chin and forehead
  - Eye, eyelids, cornea, iris, y todos los demás términos que estén subordinados al termino “eye” en MeSH.
  - Eye (únicamente)
- ¿Cuál fue la búsqueda exacta que realizó en el paso anterior? Pista: Ubique la caja de text “**Search details**” en la página de resultados.
- Haga una búsqueda en la base de datos MeSH usando como palabras clave sus áreas de interés e identifique los términos MeSH asociados.

### Preguntas

- ¿En que consiste el “status” de una entrada en PubMed?
- ¿Cuál es la diferencia entre MEDLINE y PubMed?
- ¿Qué son y para que sirven los términos MeSH?
- ¿En que consiste “Automatic Term Mapping”?

#### 6.1.2. Realizando búsquedas

Empleando la opción de búsqueda avanzada, usando la opción “**Search builder**”, recupere todos los artículos científicos publicados por las profesoras Silvia Restrepo y Adriana Bernal desde el 2008 hasta el 2009, responda:

- ¿Cuántos artículos encontró?
- ¿En que revistas fueron publicados?
- ¿A qué tipo de publicación corresponden?
- ¿Qué términos MeSH hay en común?

- ¿Qué términos MeSH reflejan el tema principal de los artículos?
- Nombre tres referencias relacionadas al artículo mas reciente de la lista de resultados. ¿Cómo las identificó?
- Envíe los resultados de su búsqueda a su correo electrónico, usando la opción “**Send to**”

## 6.2. Descarga por lotes usando Entrez

En aquellos casos en que se tiene un colección de identificadores de alguna base de datos consultada por Entrez, el sistema cuenta con una aplicación de descarga por lotes: “Batch Entrez” (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sites/batchentrez>)

Use el archivo `ID_list.txt`<sup>1</sup> para hacer una consulta Batch Entrez y responda:

- ¿Cuántos identificadores pueden ser recuperados por Entrez?
- ¿En que base de datos se encuentran esos registros?
- ¿Existe algún aviso importante para cualquiera de los registros? En caso afirmativo, explique en que consiste y por que puede pasar.
- Enumere los pasos a seguir para cambiar la visualización de los registros y obtener las secuencias en formato Fasta y descargarlas en un archivo de texto.

## 6.3. Recuperar todas las secuencias de un organismo o taxon

En algunas ocasiones es necesario recuperar del NCBI todas las secuencias de ácidos nucleicos o de proteínas para una especie particular o para un grupo de organismos que pertenecen al mismo grupo taxonómico. Podemos empleada el “Taxonomy Browser” del NCBI para simplificar este proceso.

Haga una búsqueda en la base de datos de taxonomía usando *Ornithorhynchus anatinus* como especie de interés. Los nombres vulgares comunes pueden ser usados, pero siempre es preferible emplear el nombre científico. Al llegar al registro para la especie identifique su clasificación taxonómica. El número de registros en cada una de las bases de datos para la especie o grupo seleccionado, aparece como un enlace en la parte derecha de la página de resultados. Siguiendo esos enlaces puede descarga el conjunto completo de secuencias de la base de datos correspondiente.

Responda:

- ¿Cuántas proteínas se encuentran?

---

<sup>1</sup>Disponible en Sicua Plus

- ¿Cuántas secuencias de ácidos nucleicos?
- ¿Qué otro tipo de información podría extraer?

## 6.4. Recuperar la información publicada sobre un gen

Haga una búsqueda en alguna de las base de datos usando como palabra clave el nombre del gen de interés y el organismo, Por ejemplo, usando la base de datos “Gene”:

```
tpo[sym] AND human[orgn]
```

En la página de resultados, siga el enlace al gen deseado. Si no existe un registro para el gen en las bases de datos seleccionadas, haga una nueva búsqueda en todas las bases de datos “All databases”.

Cuando encuentre el registro para el gen, identifique en la página de resultados el enlace “Link”. Haciendo clic en este enlace desplegará una lista con mas enlaces, seleccione PubMed. Allí encontrará los registros de la base de datos de literatura que hacen referencia a su gen de interés.

Haga una búsqueda en la base de datos de “Gene” usando el nombre de gen “ANAC092” en la especie *Arabidopsis thaliana*.

- ¿Que artículos en pubmed hacen referencia a ese gen?
- Describa el gen usando la información encontrada en la base de datos “Gene”

## 6.5. Bases de datos en el European Bioinformatics Institute (EBI)

### 6.5.1. SRS

El “Sequence Retrieval System” (SRS) lo vimos en la Sección3.2. Siga el enlace <http://srs.ebi.ac.uk/srs/doc/index.html> y familiarícese con las opciones de búsqueda de este sistema.

### 6.5.2. EB-eye

Este es otro sistema de búsqueda en el EBI.

Haga una búsqueda en todas las bases de datos usando las palabras clave “glutathione s-transferase” en la página del EBI (<http://www.ebi.ac.uk/>).

**Responda:**

- Describa la página de resultados, ¿Cuántas bases de datos fueron consultadas? ¿En que categorías están agrupadas esas bases de datos?

- ¿Cuántas y cuáles reacciones enzimáticas son mediadas por la enzima glutathione s-transferasa?
- ¿Qué ontologías tienen registros asociados para la enzima? Descríbalas.
- ¿Qué es una ontología? De ejemplos de algunas ontologías en biología

## 6.6. Expasy

El Expasy (<http://expasy.org/>) es el “**Expert Protein Analysis System**” mantenido por el Instituto Suizo de Bioinformática. Como su nombre lo indica está enfocado en el análisis de proteínas.

En esta sección vamos a usar algunas de las aplicaciones que se encuentran en el enlace <http://expasy.org/tools/>, principalmente aquellas con el logo del Expasy.

Use la secuencia de la proteína ANAC092 de *Arabidopsis thaliana* para desarrollar los ejercicios de esta sección.

### Responda:

- ¿Cuál es el peso molecular y punto isoelectrico de la proteína? ¿Qué herramienta usó para calcular esos parámetros?
- ¿Cuántos y cuáles fragmentos se generan luego de una digestión con tripsina? ¿Qué herramienta uso para hacer la predicción? Calcule el punto isoelectrico y el peso molecular de cada fragmento.
- Identifique la composición de amino ácidos de ANAC092. ¿Qué aplicaciones empleó?

## 6.7. Mas ejercicios

Encuentran mas guías siguiendo los enlaces <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/guide/all/howto/> y <http://www.ebi.ac.uk/inc/help/search.help.html>.



## Capítulo 7

# Ontologías en bioinformática: Gene Ontology

Para desarrollar este capítulo tiene que leer la documentación sobre “Gene Ontology” siguiendo el enlace: <http://www.geneontology.org/GO.doc.shtml> y posiblemente seguir otros enlaces que allí se encuentren.

Parte de esta guía es una versión modificada del tutorial encontrado en el enlace: [http://www.geneontology.org/teaching\\_resources/tutorials/2007-10\\_GO-resources\\_jblake.doc](http://www.geneontology.org/teaching_resources/tutorials/2007-10_GO-resources_jblake.doc), pueden seguir independiente ese tutorial para desarrollar mas habilidades usando GO.

- ¿Cuál es el objetivo del proyecto “Gene Ontology” (GO)?
- Describa las tres ontologías que hacen parte de GO.
- ¿En que consiste anotar un producto génico con términos GO?
- Describa en que consisten las versiones “Slim” de GO.
- ¿Cuál es la diferencia entre las ontologías y las anotaciones? Puede revisar los enlaces en la sección de descargas (“Downloads”).

Siga el enlace: <http://www.obofoundry.org/> de “The Open Biological and Biomedical Ontologies”. **Seleccione tres ontologías (diferentes a GO) que puedan ser útiles en su investigación y descríbalas brevemente.**

### 7.1. Consultas en GO

Vamos a usar “AmiGO” para hacer consultas a GO. AmiGO es un navegador basado en HTML que facilita la formulación de consultas tanto de las ontologías como de las asociaciones a los genes.

Haga una búsqueda de término usando “carbohydrate metabolism”.

El resultado de la consulta muestra todos los términos que incluyen la cadena de caracteres “carbohydrate metabolism”. Haga clic en el primer término “carbohydrate biosynthetic process”.

Lo primero que ve en cada línea es uno de los símbolos: +, −, o ●, como se muestra en la Figura 7.1. El símbolo + puede ser usado para expandir un node, mostrando todos los hijos del término seleccionado. El símbolo − puede ser usado para cerrar el nodo seleccionado. Finalmente ● significa que el término no tiene hijos. Luego de esos símbolos va a encontrar las letras **P**, **I** o **R**, que identifican el tipo de relación: “parte de” (“part of”), “es un” (“is a”), o “regula” (“regulates”), respectivamente. Enseguida encuentra el identificador del término y el término. Al término le sigue un número en paréntesis que le indica el número de productos génicos que ha sido anotados con ese término o a términos mas específicos (hijos).

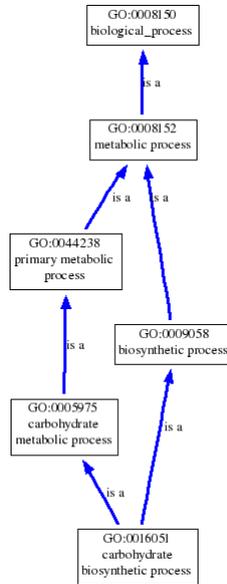
- ▣ all : all [446404 gene products]
- ⊕ ⓘ GO:0008150 : biological\_process [340066 gene products]
- ⊕ ⓘ GO:0008152 : metabolic process [177489 gene products]
- ⊕ ⓘ GO:0009058 : biosynthetic process [81620 gene products]
- ▣ ⓘ **GO:0016051 : carbohydrate biosynthetic process [4904 gene products]**
- ⊕ ⓘ GO:0019578 : aldaric acid biosynthetic process [0 gene products]
- ⊕ ⓘ GO:0034637 : cellular carbohydrate biosynthetic process [3048 gene products]
- ⊕ ⓘ GO:0046399 : glucuronate biosynthetic process [6 gene products]
- ⊕ ⓘ GO:0009312 : oligosaccharide biosynthetic process [347 gene products]
- ⊕ ⓘ GO:0019685 : photosynthesis, dark reaction [277 gene products]
- ⊕ ⓘ GO:0000271 : polysaccharide biosynthetic process [3112 gene products]
- ⊕ ⓘ GO:0043255 : regulation of carbohydrate biosynthetic process [213 gene products]
- ⊕ ⓘ GO:0044238 : primary metabolic process [139847 gene products]
- ⊕ ⓘ GO:0005975 : carbohydrate metabolic process [18086 gene products]
- ▣ ⓘ **GO:0016051 : carbohydrate biosynthetic process [4904 gene products]**
- ⊕ ⓘ GO:0019578 : aldaric acid biosynthetic process [0 gene products]
- ⊕ ⓘ GO:0034637 : cellular carbohydrate biosynthetic process [3048 gene products]
- ⊕ ⓘ GO:0046399 : glucuronate biosynthetic process [6 gene products]
- ⊕ ⓘ GO:0009312 : oligosaccharide biosynthetic process [347 gene products]
- ⊕ ⓘ GO:0019685 : photosynthesis, dark reaction [277 gene products]
- ⊕ ⓘ GO:0000271 : polysaccharide biosynthetic process [3112 gene products]
- ⊕ ⓘ GO:0043255 : regulation of carbohydrate biosynthetic process [213 gene products]

Figura 7.1: Consultas en “Gene Ontology”

Busque la opción “Graphical View” para visualizar esta sección de GO como un grafo acíclico dirigido, como el que se muestra en el Figura 7.2.

Vamos a realizar otra consulta en GO usando como palabra clave el nombre de un gen (“ANAC092”), como se muestra en la Figura 7.3.

Ya que la búsqueda que realizamos fue muy específica, los resultados nos llevan directamente a la página de descripción de este gen en GO (Figura 7.4). El nombre del gen que usamos, ANAC092, no se encuentra en ninguna otra especie cubierta por GO. En esta página de resultados identifique



**Figura 7.2:** Visualización del grafo acíclico dirigido de una sección de GO

la sección “Term associations” y siga el enlace, allí encontraremos el conjunto de términos GO que han sido asignados a este gen en particular, ver Figura 7.5.

Haga clic sobre el término **GO:0007275 : multicellular organismal development**. Esto lo conducirá a la página de detalles del término, donde encuentra toda la información disponible sobre el término: nombre e identificador, sinónimos que pueda tener, definición, su posición en la estructura de GO, referencias a bases de datos externas, y los productos génicos asociados a ese término.

- Describa cada uno de los códigos de evidencia asociados a las anotaciones del gene ANAC092 que aparecen en la Figura 7.5
- Haga una lista de los términos GO asociados con este gen. ¿Qué está indicando el calificador “NOT”?
- Describa brevemente la función de este gen.
- Muestre el grafo acíclico dirigido para la sección que incluye el término **GO:0010150 : leaf senescence**

the Gene Ontology

Search ANAC092  
gene or protein name GO

Downloads Tools Documentation Projects About Contact

## Welcome to the Gene Ontology website!

The Gene Ontology project is a major bioinformatics initiative with the aim of standardizing the representation of gene and gene product attributes across species and databases. The project provides a controlled vocabulary of terms for describing gene product characteristics and gene product annotation data from GO Consortium members, as well as tools to access and process this data. Read more about the Gene Ontology...

**Search the Gene Ontology Database**

Search for genes, proteins or GO terms using AmiGO :

ANAC092 GO

gene or protein name  GO term or ID

AmiGO is the official GO browser and search engine. Browse the Gene Ontology with AmiGO .

**Quick Links**

Tools

- AmiGO browser
- OBO-Edit ontology editor
- Ontology downloads
- Annotation downloads
- Database downloads
- Documentation
- GO FAQ
- GO on SourceForge
- Contact GO

**News**

- GO on Twitter
- Joint EBI-Wellcome Trust Proteomics Workshop,

Figura 7.3: Consultas en “Gene Ontology”

## ATNAC6

Gene product information Peptide sequence Sequence information 10 term associations

### Information

**Symbol** ATNAC6

**Name(s)** AT5G39610

**Type** protein

**Species** *Arabidopsis thaliana* (thale cress)

**Synonyms** ANAC092  
ARABIDOPSIS NAC DOMAIN CONTAINING PROTEIN 2  
ARABIDOPSIS NAC DOMAIN CONTAINING PROTEIN 6  
Arabidopsis NAC domain containing protein 92  
AT5G39610  
ATNAC2  
ATNAC6  
MIJ24.11  
MIJ24\_11  
ORE1  
ORESARA 1

**Database** TAIR, TAIR:locus:2164895

**Sequence** View sequence; use as BLAST query sequence

Back to top

Figura 7.4: Resultados de la consulta en “Gene Ontology”, usando el nombre de gen ANAC092

| Accession, Term                                                                            |                                                                     | Ontology                  | Qualifier  | Evidence                                                                      | Reference                                    | Assigned by        |
|--------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------|---------------------------|------------|-------------------------------------------------------------------------------|----------------------------------------------|--------------------|
| <input type="checkbox"/> GO:0010150 : <a href="#">leaf senescence</a>                      | <a href="#">33 gene products</a><br><a href="#">view in tree</a>    | <b>biological process</b> |            | <b>IMP</b>                                                                    | <a href="#">TAIR:Publication:501729812</a>   | TAIR               |
| <input type="checkbox"/> GO:0007275 : <a href="#">multicellular organismal development</a> | <a href="#">24103 gene products</a><br><a href="#">view in tree</a> | <b>biological process</b> |            | <b>IEP</b>                                                                    | <a href="#">TAIR:Publication:501736296</a>   | TAIR               |
| <input type="checkbox"/> GO:0010468 : <a href="#">regulation of gene expression</a>        | <a href="#">27494 gene products</a><br><a href="#">view in tree</a> | <b>biological process</b> |            | <b>ISS</b><br>With <a href="#">Pfam:PF02365</a>                               | <a href="#">TAIR:Communication:501714663</a> | TIGR<br>(via TAIR) |
| <input type="checkbox"/> GO:0006979 : <a href="#">response to oxidative stress</a>         | <a href="#">2101 gene products</a><br><a href="#">view in tree</a>  | <b>biological process</b> |            | <b>IMP</b>                                                                    | <a href="#">TAIR:Publication:501713092</a>   | TAIR               |
| <input type="checkbox"/> GO:0009651 : <a href="#">response to salt stress</a>              | <a href="#">537 gene products</a><br><a href="#">view in tree</a>   | <b>biological process</b> |            | <b>IEP</b>                                                                    | <a href="#">TAIR:Publication:501736296</a>   | TAIR               |
| <input type="checkbox"/> GO:0010149 : <a href="#">senescence</a>                           | <a href="#">104 gene products</a><br><a href="#">view in tree</a>   | <b>biological process</b> |            | <b>IMP</b>                                                                    | <a href="#">TAIR:Publication:3011</a>        | TAIR               |
| <input type="checkbox"/> GO:0005634 : <a href="#">nucleus</a>                              | <a href="#">37778 gene products</a><br><a href="#">view in tree</a> | <b>cellular component</b> |            | <b>IDA</b>                                                                    | <a href="#">TAIR:Publication:501718231</a>   | TAIR               |
| <input type="checkbox"/> GO:0046982 : <a href="#">protein heterodimerization activity</a>  | <a href="#">1028 gene products</a><br><a href="#">view in tree</a>  | <b>molecular function</b> | <b>NOT</b> | <b>IPI</b><br>With <a href="#">AG1</a><br><a href="#">LocusCode:AT3G29035</a> | <a href="#">TAIR:Publication:501718231</a>   | TAIR               |
| <input type="checkbox"/> GO:0042803 : <a href="#">protein homodimerization activity</a>    | <a href="#">2165 gene products</a><br><a href="#">view in tree</a>  | <b>molecular function</b> |            | <b>IPI</b>                                                                    | <a href="#">TAIR:Publication:501718231</a>   | TAIR               |
| <input type="checkbox"/> GO:0003700 : <a href="#">transcription factor activity</a>        | <a href="#">12404 gene products</a><br><a href="#">view in tree</a> | <b>molecular function</b> |            | <b>ISS</b>                                                                    | <a href="#">TAIR:Publication:1345963</a>     | TAIR               |
|                                                                                            |                                                                     |                           |            | <b>IPI</b>                                                                    | <a href="#">TAIR:Publication:501718231</a>   | TAIR               |

Figura 7.5: Términos GO asociados al gen ANAC092



## Capítulo 8

# Introducción al análisis de redes usando Cytoscape

En este capítulo vamos a aprender a trabajar con Cytoscape<sup>1</sup>. Sigam el tutorial básico que se encuentra en el enlace: <http://cytoscape.wodaklab.org/wiki/Presentations/Basic>. Van a encontrar Cytoscape instalado en sus computadores, así que no tienen que usar la opción de “Java Web Start”.

De la sección “Defining visual styles” del Tutorial 1: Getting Started, responda:

- En la subred que incluye los vecinos más cercano a TP53 ¿Cuál es el tipo mas común de lado/arista? ¿Cuál el menos común?
- ¿Cuántos nodos y aristas hay en la red “DNA replication” que cargó desde Reactome?

Despues de seguir el Tutorial 4: Expression Analysis, responda:

- ¿Cuáles son los valores de expresión en las condiciones (genes perturbados): Gal1, Gal4, and Gal80 para el gene de levadura: YOL051W?
- ¿Cuáles son los vecinos mas cercanos a ese gen (First Neighbors)?

---

<sup>1</sup><http://www.cytoscape.org/>



## Capítulo 9

# Análisis de enriquecimiento de anotaciones de genes

Siga el tutorial que esta disponible en el enlace:<http://www.psb.ugent.be/cbd/papers/BiNGO/Tutorial.html>

El archivo `SaltArabidopsis.txt` que está disponible en Sicua Plus, tienen una lista de genes de Arabidopsis que reponen diferencialmente al tratamiento con sal, y que fueron identificados a traves de ensayos usando microarreglos de ADN.

Use BinGO para identificar los términos GO que aparecen sobre y sub representados para los genes que aparecen en el archivo `gene_list.txt`. Muestre el grafo de los términos e interprete los resultados.



## Capítulo 10

# Comparación de secuencias I - Matrices de puntos

Las matrices de puntos (“Dot Plot”) son herramientas exploratorias para la comparación de cadenas de texto, i.e., secuencias. Entre otros, nos permiten fácilmente encontrar regiones repetidas en una secuencia al compararla contra si misma. También podemos hacernos una idea bastante clara de la estructura de un gen, al comparar la secuencia de su región codificante contra la secuencia del locus en donde se encuentra.

En esta sección usaremos la implementación de matrices de puntos del Instituto Suizo de Bioinformática, conocida como Dot Let<sup>1</sup>, que vemos en la Figura 10.1.



**Figura 10.1:** Dot Let @ SIB

Haga una comparación de la secuencia que se encuentra en el archivo `aqc-MIR399` contra sí misma. Lo primero que tiene que hacer es pinchar el botón “Input”, eso abrirá la ventana que se

---

<sup>1</sup><http://myhits.isb-sib.ch/cgi-bin/dotlet>

ve en la Figura 10.2, dele un nombre a la secuencia y pegue la misma en el cuadro correspondiente.

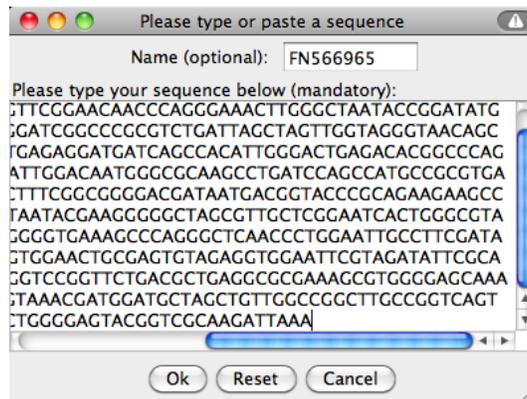


Figura 10.2: Agregar secuencias en Dot Let

De regreso en la ventana de Dot Let vemos que encontramos habilitados dos botones (Figura 10.3), aparecen ahora con el nombre de la secuencia que acabó de agregar. Uno de ellos representa a la secuencia que aparece en la dirección horizontal, el otro a la secuencia que aparece en la dirección vertical.



Figura 10.3: Botones de control

A la derecha de los botones/listas que identifican a las secuencias, encontramos un lista desplegable, deshabilitada por el momento, que nos permite seleccionar la matriz de sustitución. A continuación encontramos una lista desplegable con los tamaños de ventana que se van a usar para la comparación de las dos secuencias. El siguiente botón nos permite hacer acercamientos, i.e., “Zoom”, y por último encontramos el botón “Calcular”, que llena la matriz de puntos.

Una vez se ha calculado la matriz de puntos, encontramos dos secciones de resultados, similar a como aparece en la Figura 10.4. La región de la izquierda es la matriz propiamente dicha, pixeles oscuros representan puntajes bajos, i.e., malos. A la izquierda vemos un histograma de la frecuencia de cada puntaje. Manipulando este histograma, con las barras de desplazamiento horizontal (arriba y abajo) podemos modificar la visualización de la matriz de puntos.

- Explique como afecta el tamaño de la ventana la visualización en la matriz de puntos.
- ¿Qué significado tiene la línea rosada en el histograma de puntajes?
- ¿Qué interpretación puede hacer de las repeticiones invertidas que se pueden detectar en la matriz de puntos?

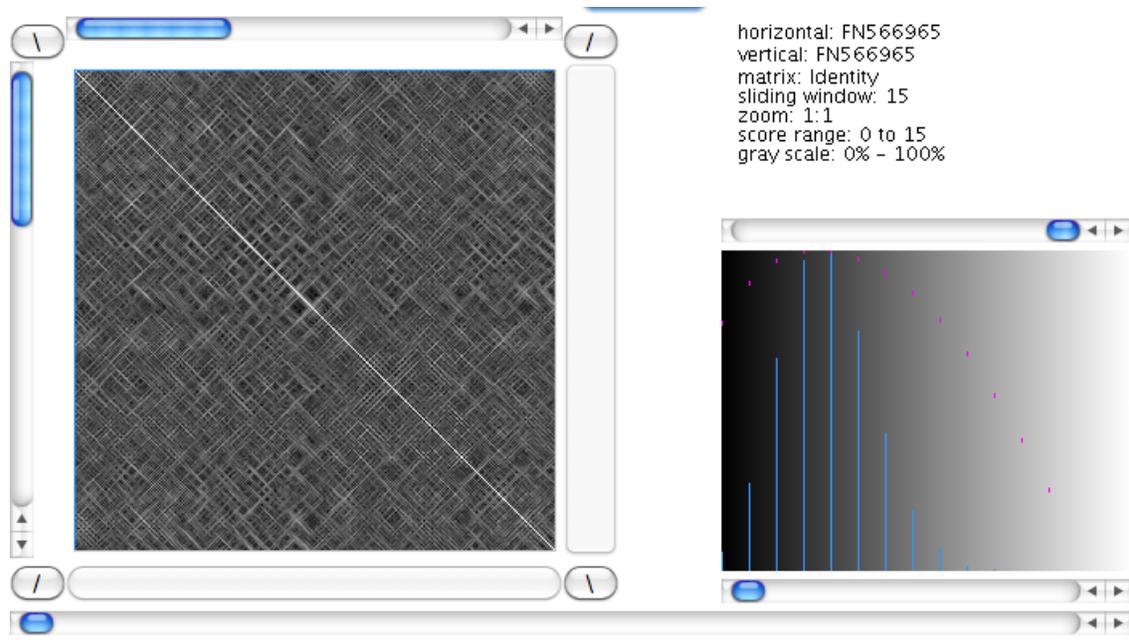


Figura 10.4: Resultado

- Compare la secuencia de cDNA y su correspondiente genómica del ANAC092<sup>2</sup>. Describa los resultados.

---

<sup>2</sup>Disponible en Sicua Plus



# Capítulo 11

## EMBOSS

EMBOSS<sup>1</sup>, “The European Molecular Biology Open Software Suite”, es un paquete gratuito, con código fuente abierto, compuesto de cientos de aplicaciones<sup>2</sup> que se han desarrollado específicamente para resolver las necesidades de la comunidad de biología molecular. El tutorial que encuentra a continuación es una parte de los tutoriales disponibles en [http://emboss.sourceforge.net/docs/emboss\\_tutorial/emboss\\_tutorial.html](http://emboss.sourceforge.net/docs/emboss_tutorial/emboss_tutorial.html), adaptado al uso de la interfaz gráfica desarrollada por el Instituto Pasteur <http://mobyli.pasteur.fr/>.

Encuentra una descripción de cada una de las aplicaciones presentes en EMBOSS siguiendo el enlace: <http://emboss.sourceforge.net/apps/release/6.3/emboss/apps/>

Algunas de las áreas cubiertas por aplicaciones de EMBOSS son:

- Alineamiento de secuencias
- Búsqueda en bases de datos usando patrones
- Identificación de motivos de proteínas
- Análisis de uso de codones.

### 11.1. Recuperando secuencias de bases de datos

La recuperación de secuencias desde una base de datos depende, obviamente, de las bases de datos que tengamos disponibles.

Vamos a recuperar la secuencia del gen ANC092 que está en la base de datos de proteínas UniProt. Para poder realizar este ejercicio debe ir al sitio web de UniProt<sup>3</sup> y encontrar el identificador adecuado.

---

<sup>1</sup><http://emboss.sourceforge.net/>

<sup>2</sup><http://emboss.sourceforge.net/apps/release/6.3/emboss/apps/>

<sup>3</sup><http://www.uniprot.org/>

Una vez a encontrado el identificador correspondiente en UniProt, puede ir a sitio de Moby-  
le@Pasteur que se citó anteriormente.

El programa que nos interesa se llama “secret”. Llene los campos siguiendo las indicaciones que se muestran en el Figura 11.1

The screenshot shows the Moby@pasteur web interface. At the top right, the user is identified as 'dm.riano122@uniandes.edu.co (guest)' with links for 'set email', 'sign-in', and 'sign-out'. The main navigation bar includes 'Welcome', 'Programs', 'Data Bookmarks', 'Jobs', and 'Tutorials'. The 'secret' program is selected, showing its title and a 'Reads and writes (returns) sequences' description. The 'Input section' contains a 'Use feature information' checkbox, a 'Sequence option (Sequence)' dropdown, and radio buttons for 'Paste', 'DB', and 'File'. A text input field with an 'add' button is present. Red arrows and text annotations provide instructions: 'Seleccione búsqueda en base de datos' points to the 'DB' radio button, 'Escriba el ID de la secuencia' points to the 'add' button, and 'Seleccione la base de datos en que desea buscar, i.e., Uniprot' points to the dropdown menu. The 'Advanced section' is partially visible at the bottom with the option 'Read one sequence and stop'.

Figura 11.1: Recuperando secuencias de las bases de datos

Ahora, puede usar el mismo programa para convertir la entrada recuperada de UniProt en formato fasta. ¿Cómo lo haría?

Ya que sabe recuperar secuencias de UniProt, hagamos algunos cálculos sobre esa secuencia, busque el programa `compseq`, que le permite calcular la composición de palabras de una secuencia. Calcule las frecuencias de dímeros para ANAC092 extraído de UniProt<sup>4</sup>

## 11.2. Selección de marco de lectura abierto

Los programas `getorf` y `plotorf` buscan marcos de lectura abiertos en secuencias de nucleótidos. Siendo un marco de lectura abierto, una cadena (subsecuencia) de una longitud mínima especificada flanqueada ya sea por dos codones de parada o por un codón de inicio y otro de parada. A pesar de la universalidad del código genético algunos grupos de organismo tienen codones de inicio y de parada diferentes, por esta razón es importante especificar, ya sea, el código genético que se está usando para traducir la secuencia, o los codones de inicio y parada permitidos.

Emplee estos dos programas para encontrar el marco de lectura abierto correcto de la secuencia “ANAC092\_cDNA.fa”. ¿Encuentra alguna diferencia en los resultados ofrecidos por los dos progra-

<sup>4</sup>Al entregar su guía estos resultados los debe enviar en un archivo de text plano.

mas?

### 11.3. Barajar/mezclar secuencias

Al hacer ciertos tipos de análisis, e.g., búsqueda de sitios de unión a factores de transcripción en secuencias promotoras (“TFBS”), es importante contar con un grupo de secuencias que sirvan como control negativo. De forma tal que los TFBS no aparezcan de forma frecuente en ese control negativo. Una opción muy usada es la de generar secuencias aleatorias que contengan la misma composición monomérica que las secuencias originales. El programa “shuffleseq” hace precisamente esto, toma una secuencia “real”, y mezcla, como si estuviera barajando un mazo de cartas, los monómeros constituyentes, resultando en una secuencia al azar. Cuando se usa este tipo de estrategia, por cada secuencia original se generan 1000 secuencias aleatorias.

Use “shuffleseq” para generar dos secuencias aleatorias del ARNr que se encuentra en el archivo `FN566965.fasta`.

### 11.4. Predicción de regiones hidrofóbicas

El programa `pepwindow` predice segmentos hidrofóbicos en una proteína, siguiendo la estrategia planteada por (KYTE and DOOLITTLE, 1982). Usando ventanas de 19 a 21 residuos las regiones transmembranales se pueden detectar claramente, con valores de índice de hidrofobicidad de 1.6 en la región central.

¿Puede detectar alguna región transmembranal en el gen `NTM1`<sup>5</sup>?

### 11.5. Alineamientos

Describe la función del programa `distmat`.

---

<sup>5</sup>Archivo `NTM1.fasta` disponible en Sicua Plus



## Capítulo 12

# Comparación de secuencias II - Alineamientos pareados

Algunos apartes de este capítulo vienen del tutorial que se encuentra siguiendo el enlace: [http://emboss.sourceforge.net/docs/emboss\\_tutorial/emboss\\_tutorial.pdf](http://emboss.sourceforge.net/docs/emboss_tutorial/emboss_tutorial.pdf)

Para desarrollar los ejercicios siga el enlace <http://mobyli.pasteur.fr/cgi-bin/portal.py>

### 12.1. Matrices de sustitución

En el archivo `EPAM250.txt` encontrará la matriz de sustitución PAM250.

- ¿Quiénes, y cómo, crearon la familia de matrices de sustitución PAM?
- ¿Dónde se encuentran los puntajes mas altos? Explique.
- ¿Cuál es la sustitución con el mayor puntaje?
- ¿Por qué las identidades no tienen siempre el mismo puntaje?

### 12.2. Alineamiento Global

En el alineamiento global el objetivo es comparar las dos secuencias a lo largo de toda su longitud, por lo tanto, es apropiado cuando esperamos que la similitud entre las dos secuencias se extiende a lo largo de toda la secuencia.

En el paquete EMBOSS encontrará la aplicación `needle` que implementa rigurosamente el algoritmo de Needleman y Wunsch (NEEDLEMAN and WUNSCH, 1970) para obtener el alineamiento

global óptimo por programación dinámica. Esta implementación puede tomar bastante tiempo en obtener el alineamiento cuando las secuencias son largas.

¿Qué otras aplicaciones en EMBOSS le permiten hacer alineamientos globales? ¿Qué las hace diferentes de `needle`?

- Haga un alineamiento global entre las secuencias de cDNA y genómica del gen ANAC092, que están disponibles en el directorio de la semana pasada en Sicua Plus.
- ¿Qué matriz de sustitución y penalización para abrir y extender gaps usó? Explique.
- ¿Cuál es el puntaje del alineamiento, su longitud y los porcentajes de identidad y similitud?
- Explique la diferencia entre similitud e identidad.
- ¿Qué significan los símbolos `:`, `.` y `|`?

En los archivos ANAC092\_pep.fasta y PpNAC\_e\_gwl.5.134.1.fasta encuentra las secuencias de amino ácidos de dos genes de la familia NAC de factores de transcripción en *Arabidopsis thaliana* y en el musgo *Physcomitrella patens* respectivamente.

- Haga un alineamiento global entre las secuencias de amino ácidos de las proteínas NAC de *Arabidopsis thaliana* y en el musgo *Physcomitrella patens*.
- ¿Qué matriz de sustitución y penalización para abrir y extender gaps usó? Explique.
- ¿Cuál es el puntaje del alineamiento, su longitud y los porcentajes de identidad y similitud?
- ¿Puede mejorar el alineamiento escogiendo otros parámetros?

### 12.3. Alineamientos locales

Como se mencionó en la sección anterior el alineamiento global alinea a las secuencias a lo largo de toda su longitud. Usted tiene que decidir si esa estrategia es la mas adecuada en cada caso. ¿Qué cree que pasaría si compara dos proteínas multidominio que solo comparten un dominio entre ellas?

El objetivo del alineamiento local es encontrar regiones de similitud local, y no es necesario incluir las secuencias completas. Este tipo de alineamiento es muy útil para hacer búsquedas en bases de datos, o cuando no se tiene una idea clara sobre la similitud de la secuencia de interés con secuencias de la base de datos.

En el paquete EMBOSS encontrará la aplicación `water` que implementa rigurosamente el algoritmo de Smith y Waterman (SMITH and WATERMAN, 1981) para obtener el alineamiento local

óptimo por programación dinámica. Esta implementación puede tomar bastante tiempo en obtener el alineamiento cuando las secuencias son largas.

¿Qué otras aplicaciones en EMBOSS le permiten hacer alineamientos locales? ¿Qué las hace diferentes de `water`?

- Haga un alineamiento local entre las secuencias de amino ácidos de las proteínas NAC de *Arabidopsis thaliana* y en el musgo *Physcomitrella patens*, que usó en la sección anterior.
- ¿Qué matriz de sustitución y penalización para abrir y extender gaps usó? Explique.
- ¿Cuál es el puntaje del alineamiento, su longitud y los porcentajes de identidad y similitud?
- ¿Puede mejorar el alineamiento escogiendo otros parámetros?
- ¿Qué diferencias hay entre el alineamiento global y el local de estas dos secuencias?

## 12.4. Significancia de los alineamientos

No importa que secuencias le de a los programas de alineamiento, ellos siempre crearan un alineamiento.

Tome la secuencias de amino ácidos ANAC092 y use el programa `shuffleseq`, y cree dos secuencias aleatorias con la misma composición monomérica de ANAC092. Haga un alineamiento global y uno local con las dos secuencias.

- ¿Qué matriz de sustitución y penalización para abrir y extender gaps usó? Explique.
- ¿Cuál es el puntaje del alineamiento, su longitud y los porcentajes de identidad y similitud?
- ¿Puede mejorar el alineamiento escogiendo otros parámetros?

Ahora haga un alineamiento local y uno global entre la secuencia de amino ácidos de ANAC092 y una de las versiones al azar.

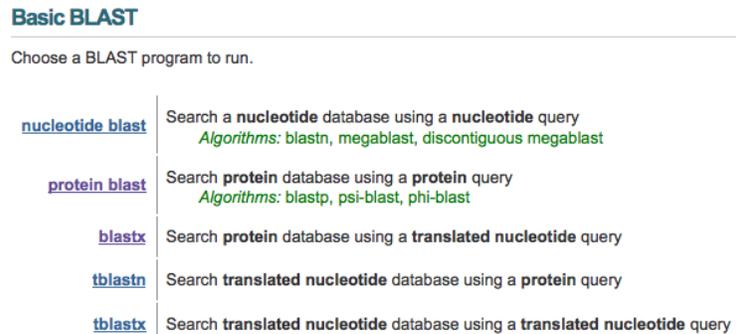
- ¿Qué matriz de sustitución y penalización para abrir y extender gaps usó? Explique.
- ¿Cuál es el puntaje del alineamiento, su longitud y los porcentajes de identidad y similitud?
- ¿Puede mejorar el alineamiento escogiendo otros parámetros?



## Capítulo 13

# BLAST: BASIC LOCAL ALIGNMENT SEARCH TOOL

Muchos de ustedes conocen la interfaz web de BLAST en el NCBI que se muestra en la Figura 13.2. En la primera parte de este tutorial vamos a hacer algunos ejercicios usando esta interfaz.



**Figura 13.1:** Tipos de BLAST disponibles en el NCBI

En SicuaPlus encuentra el archivo `desconocido.nuc.fa`, que contiene la secuencia de nucleótidos de un transcrito que usted descubrió al analizar la expresión diferencial de genes de *A. thaliana* en respuesta a luz ultravioleta (UV-A), tratamiento en el cual este transcrito era inducido. Copie la secuencia del transcrito y abra la página <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/> en el navegador Firefox. Vamos a realizar una búsqueda básica de BLAST, busque en la página una sección como la que aparece en la Figura 13.1 y seleccione la opción `blastx`. **¿Por qué usar `blastx`?**

En la página de `blastx` pegue su secuencia desconocida en el campo “**Enter query sequence**”, escriba *Viridiplantae* en el campo “**Organism**”, para restringir la búsqueda a las secuencias de plantas verdes (Figura 13.2). Asegúrese de que la base de datos seleccionada sea la base de datos no redundante de secuencias de proteínas.

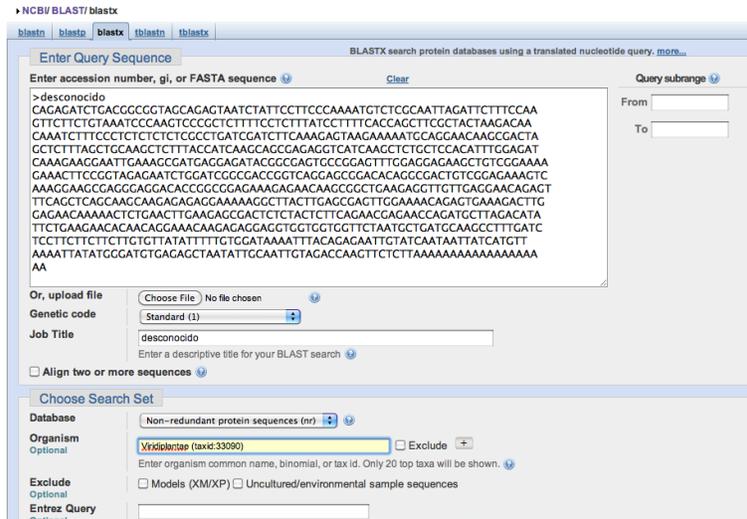


Figura 13.2: Interfaz web de NCBI BLAST usando el programa blastx

En las búsquedas que involucran la traducción en línea de una secuencia de ADN de puede seleccionar el código genético que se usará para hacer la traducción. Asegúrese que el código genético seleccionado en este caso es “Standard”.

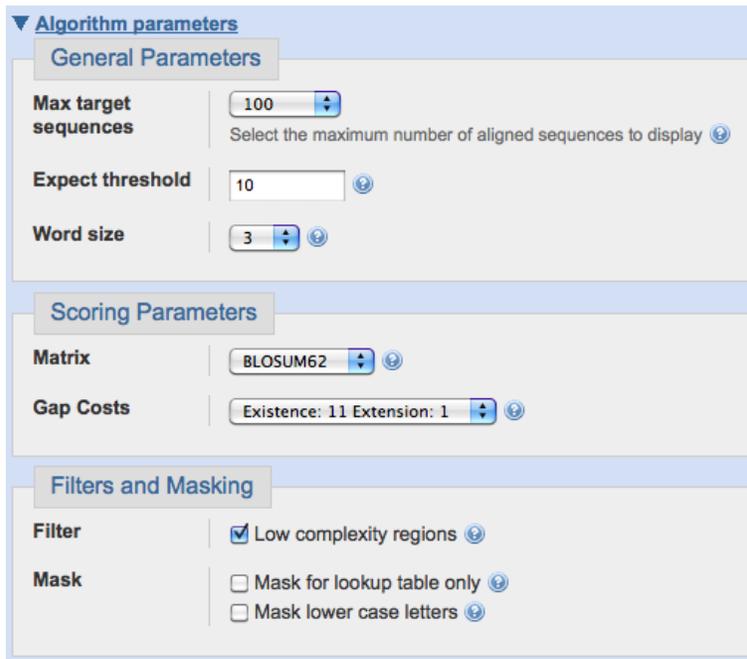


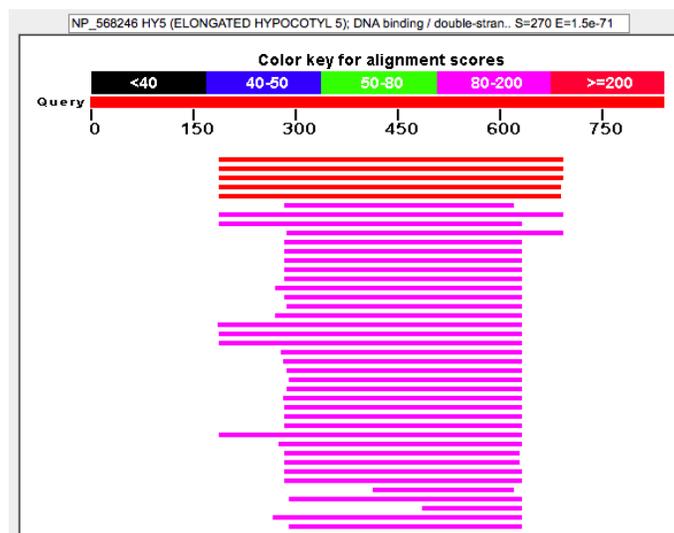
Figura 13.3: Parámetros de búsqueda en BLAST

Un poco más abajo, haga click en el vínculo “**Algorithm parameters**”, lo que le mostrará la serie de opciones que se ven en la Figura 13.3. En la sección de “**General parameters**”, encuentra el **Expected threshold** o **E value**. El E value es el número de alineamientos con un puntaje

igual o mayor al obtenido que se espera que aparezcan por azar. En el momento de seleccionar los alineamientos importantes este es el parámetro mas importante; como regla general alineamientos con E value menor que  $1 \times 10^{-5}$  representan secuencias homólogas. Sin embargo si está alineando secuencias muy cortas, e.g., 20 residuos, debe permitir alineamientos con un E value muy alto, alrededor de 100. En la sección “**Scoring parameters**”, puede seleccionar la matriz de sustitución (escoja BLOSUM80) y la penalización por introducir gaps en el alineamiento. Note que hay una diferencia entre el costo de introducir un gap y el de extenderlo *¿A qué se debe esa diferencia?* Las opciones de abrir y extender gaps dependen de la matriz de sustitución seleccionada. Por favor observe como cambiando de matriz estas opciones cambian<sup>1</sup>.

Asegúrese que la opción **Filter** en la sección **Filters and Masking** esté seleccionada, con el fin de reducir el número de alineamientos con secuencias no relacionadas evolutivamente. *¿Qué programas usa BLAST para detectar regiones de baja complejidad? ¿Qué funciones cumplen las opciones “Mask for lookup table only” y “Mask lower case letters”?*

Ahora pinche el botón BLAST y espere sus resultados.



**Figura 13.4:** Representación gráfica de los mejores alineamientos obtenidos en la búsqueda con `blastx`

En la parte superior de la página de resultado encuentra una gráfica como la que se ve en la Figura 13.4. Consiste en una representación de los mejores alineamientos con un código de colores que representa la longitud del alineamiento.

Un poco mas abajo encuentra la tabla con los mejores hits, donde se muestra el identificador (Accession number) de la secuencia hit, parte de su descripción, el puntaje del alineamiento entre su secuencia desconocida y la secuencia de la base de datos, el porcentaje de la secuencia “query” que está representada en el alineamiento, la identidad y el E value. Puede re-ordenar los datos en

<sup>1</sup>En el enlace [http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/html/sub\\_matrix.html](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/html/sub_matrix.html) encontrará mayor información sobre la matriz de sustitución y la penalización de gaps.

| Sequences producing significant alignments:                                      | Score<br>(Bits) | E<br>Value |           |
|----------------------------------------------------------------------------------|-----------------|------------|-----------|
| <a href="#">ref NP_568246.1 </a> HY5 (ELONGATED HYPOCOTYL 5); DNA binding / d... | 270             | 1e-71      | <b>UG</b> |
| <a href="#">gb ABY83460.1 </a> elongated hypocotyl 5 protein [Brassica rapa s... | 220             | 2e-56      |           |
| <a href="#">ref XP_002515537.1 </a> transcription factor hy5, putative [Ricin... | 201             | 9e-51      | <b>G</b>  |
| <a href="#">ref XP_002324289.1 </a> predicted protein [Populus trichocarpa] >... | 201             | 9e-51      | <b>UG</b> |
| <a href="#">ref XP_002308656.1 </a> predicted protein [Populus trichocarpa] >... | 200             | 2e-50      | <b>UG</b> |
| <a href="#">gb AAO22523.1 </a> HY5 [Brassica rapa subsp. pekinensis]             | 192             | 6e-48      |           |
| <a href="#">emb CAN83322.1 </a> hypothetical protein [Vitis vinifera]            | 190             | 3e-47      |           |
| <a href="#">sp Q9SM50.1 HY5 SOLLC</a> RecName: Full=Transcription factor HY5;... | 179             | 4e-44      | <b>G</b>  |
| <a href="#">emb CAO44204.1 </a> unnamed protein product [Vitis vinifera]         | 173             | 3e-42      |           |
| <a href="#">gb ACU17915.1 </a> unknown [Glycine max]                             | 170             | 2e-41      |           |
| <a href="#">gb ACP28170.1 </a> LONG1 [Pisum sativum] >gb ACP28171.1  LONG1 [P... | 170             | 2e-41      |           |
| <a href="#">gb AAC05018.1 </a> TGACG-motif-binding factor [Glycine max]          | 170             | 2e-41      | <b>G</b>  |
| <a href="#">gb AAC05017.1 </a> TGACG-motif binding factor [Glycine max] >gb A... | 170             | 2e-41      | <b>G</b>  |
| <a href="#">emb CAA66478.1 </a> transcription factor [Vicia faba var. minor]     | 166             | 5e-40      |           |
| <a href="#">ref XP_002453510.1 </a> hypothetical protein SORBIDRAFT_04g007060... | 165             | 7e-40      | <b>UG</b> |
| <a href="#">dbj BAC20318.1 </a> bZIP with a Ring-finger motif [Lotus japonicu... | 163             | 3e-39      | <b>G</b>  |
| <a href="#">ref XP_002437242.1 </a> hypothetical protein SORBIDRAFT_10g023420... | 159             | 5e-38      | <b>UG</b> |
| <a href="#">ref NP_001152483.1 </a> transcription factor HY5 [Zea mays] >gb A... | 158             | 9e-38      | <b>UG</b> |
| <a href="#">ref NP_001046236.1 </a> Os02g0203000 [Oryza sativa (japonica cult... | 158             | 1e-37      | <b>UG</b> |
| <a href="#">gb ECC72704.1 </a> hypothetical protein OsI_06291 [Oryza sativa I... | 157             | 2e-37      |           |
| <a href="#">dbj BAD15505.1 </a> putative bZIP protein HY5 [Oryza sativa Japon... | 157             | 2e-37      |           |
| <a href="#">gb ABK23948.1 </a> unknown [Picea sitchensis]                        | 139             | 6e-32      |           |
| <a href="#">ref NP_001058004.1 </a> Os06g0601500 [Oryza sativa (japonica cult... | 137             | 1e-31      | <b>UG</b> |
| <a href="#">gb ECC80926.1 </a> hypothetical protein OsI_23604 [Oryza sativa I... | 136             | 4e-31      |           |
| <a href="#">gb ABK26016.1 </a> unknown [Picea sitchensis]                        | 128             | 1e-28      |           |
| <a href="#">ref NP_001147637.1 </a> transcription factor HY5 [Zea mays] >gb A... | 127             | 2e-28      | <b>UG</b> |
| <a href="#">gb EAY72732.1 </a> hypothetical protein OsI_00597 [Oryza sativa I... | 127             | 2e-28      |           |

Figura 13.5: Listado de “Hits”

esta tabla pinchando en los nombres de las columnas.

La última parte de la sección de resultados esta compuesta por los alineamientos propiamente dichos (Figura 13.6). Aquí va a encontrar nuevamente el puntaje y el E value del alineamiento. Adicionalmente, además del alineamiento, encuentra el número de posiciones en que las dos secuencias eran idénticas y similares (de acuerdo a la matriz de sustitución) y el número de gaps.

¿Qué indican las regiones de los alineamientos que aparecen en gris y en minúscula?

```
>[ref|NP_568246.1|] UG HY5 (ELONGATED HYPOCOTYL 5); DNA binding / double-stranded DNA
binding / transcription factor [Arabidopsis thaliana]
sp|O24646.1|HY5 ARATH G RecName: Full=Transcription factor HY5; AltName: Full=Protein
LONG HYPOCOTYL 5; AltName: Full=bZIP transcription factor 56;
Short=AtbZIP56
dbj|BAA21116.1| G HY5 [Arabidopsis thaliana]
dbj|BAA21327.1| G HY5 [Arabidopsis thaliana]
emb|CAB96661.1| G HY5 [Arabidopsis thaliana]
gb|ABF58937.1| G At5g11260 [Arabidopsis thaliana]
dbj|BAF01225.1| G bZIP transcription factor HY5 / AtbZip56 [Arabidopsis thaliana]
Length=168
GENE ID: 830996 HY5 | HY5 (ELONGATED HYPOCOTYL 5); DNA binding /
double-stranded DNA binding / transcription factor [Arabidopsis thaliana]
(Over 10 PubMed links)
Score = 216 bits (549), Expect = 3e-55
Identities = 168/168 (100%), Positives = 168/168 (100%), Gaps = 0/168 (0%)
Frame = +3
Query 192 MQEQATsllaasslpssersssssapHLEIKEGIESDEEIRRVPEFGGEAVGKETSGRES 371
MQEQATSSLAASSLPSSERSSSSAPHLEIKEGIESDEEIRRVPEFGGEAVGKETSGRES
Sbjct 1 MQEQATSSLAASSLPSSERSSSSAPHLEIKEGIESDEEIRRVPEFGGEAVGKETSGRES 60
Query 372 GSATGQERTQATVCGESQRKRGRTPAEKENKRLKLLRNRSVAQARERKKAYLSELENRV 551
GSATGQERTQATVCGESQRKRGRTPAEKENKRLKLLRNRSVAQARERKKAYLSELENRV
Sbjct 61 GSATGQERTQATVCGESQRKRGRTPAEKENKRLKLLRNRSVAQARERKKAYLSELENRV 120
Query 552 KDLENKNSLEERLSTLQENQMLRHILKnttgnkrsggggSNADASL 695
KDLENKNSLEERLSTLQENQMLRHILKnttgnkrsggggSNADASL
Sbjct 121 KDLENKNSLEERLSTLQENQMLRHILKnttgnkrsggggSNADASL 168
>[gb|ABY83460.1|] elongated hypocotyl 5 protein [Brassica rapa subsp. rapa]
Length=167
Score = 173 bits (439), Expect = 2e-42
```

Figura 13.6: Alineamientos resultantes de la búsqueda con blastx

¿Qué puede decir sobre la función de su transcrito?

La interfaz web de NCBI BLAST es muy amigable, pero tiene un par de problemas cuando trabajamos en genómica y proteómica, (i) no se pueden hacer búsquedas contra bases de datos

personalizadas o privadas y (ii) el número de secuencias que puede usar como **query** en cada búsqueda está restringido. La alternativa más poderosa para solucionar ambos problemas es instalar NCBI BLAST en un computador local y configurar las bases de datos sobre las cuales se quiere realizar búsquedas (ver sección 13.2).

### 13.1. Encontrando la región genómica de un transcrito.

Use la secuencia que se encuentra en el archivo `desconocido.nuc.fa` para hacer una búsqueda BLAST, usando `blastn` contra el genoma completo de *A. thaliana*. **¿Que opciones tiene que seleccionar para restringir su búsqueda a los cromosomas de *Arabidopsis thaliana*?** Ya que BLAST realiza la búsqueda usando alineamientos locales, este resultado solo le dará una idea muy preliminar de la ubicación del transcrito en el genoma. Pero puede usar esta información para refinar la predicción del locus del transcrito usando `est2genome` de EMBOSS.

**¿Que opciones seleccionó para hacer la búsqueda en BLAST? ¿Por qué?**

**Describe los resultados de la búsqueda.**

Los resultados de esta búsqueda nos permiten concluir que el locus del transcrito está en el cromosoma número 5 de *A. thaliana*. **¿Cuáles son las coordenadas aproximadas en el cromosoma? ¿Hay exones? Explique su respuesta.** Vamos a usar este resultado como entrada para `est2genome`. Primero extraiga de la secuencia del cromosoma 5, la región detectada por BLAST adicionándole 5000pb corriente arriba y corriente abajo. **¿Cómo puede hacer esto?** Use `est2genome` para refinar la predicción del locus. **¿Qué ventajas ofrece usar `est2genome` comparado con un simple BLAST?**

Para finalizar siga el enlace <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/bookshelf/br.fcgi?book=comgen&part=psibl> y desarrolle el tutorial de PSI-BLAST.

### 13.2. Blast+ en la línea de comandos

Los ejecutables mas recientes, para diferentes plataformas, de la suite Blast+ del NCBI los puede encontrar siguiendo el enlace <ftp://ftp.ncbi.nih.gov/blast/executables/blast+/LATEST>.

Para saber si la suite Blast+ está instalada en su computador ejecute el comando `blastp`, si la respuesta del sistema operativo es comando no encontrado tendrá que descargar e instalar la suite Blast+. De lo contrario ya está listo para empezar a usar Blast+ desde la línea de comandos.

Hay muchas opciones en los diferentes programas que componen la suite BLAST+, en este ejercicio solo tendremos tiempo de revisar unas pocas. Puede encontrar la documentación sobre estos en los siguientes enlaces:

- [http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?CMD=Web&PAGE\\_TYPE=BlastDocs](http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?CMD=Web&PAGE_TYPE=BlastDocs)
- [http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK1763/#CmdLineAppsManual.5\\_Cookbook](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK1763/#CmdLineAppsManual.5_Cookbook)

- [http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK1763/#CmdLineAppsManual.4\\_User\\_manual](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK1763/#CmdLineAppsManual.4_User_manual)

Para desarrollar el ejercicio de hoy, descargue el archivo `TAIR10_pep_20101214.gz` y descomprímalo como se muestra en la línea 3. En este archivo encuentra todas las proteínas anotadas de *Arabidopsis thaliana* correspondientes a la versión 10 de la anotación del genoma. Descargue las secuencias, en formato FastA, con números de acceso *BAK64065* y *XP\_002889081*. Su objetivo es encontrar el mejor hit en la base de datos de proteínas de *A. thaliana*, usando BLAST desde la línea de comandos.

```

_____ Ejecutando Blast+ en CLI _____
1 [user@server:~]$ mkdir ejercicio_blast
2 [user@server:~]$ cd ejercicio_blast
3 [user@server:~]$ wget http://biocomp-cms.uniandes.edu.co/exchange/TAIR10_pep_20101214.gz
4 [user@server:~]$ gunzip TAIR10_pep_20101214.gz
5 [user@server:~]$ makeblastdb -in TAIR10_pep_20101214 -dbtype prot -parse_seqids -taxid 3702
6 [user@server:~]$ blastp -query BAK64065.fasta -task blastp -db TAIR10_pep_20101214 \
7 -out BAK64065.blastp.out.txt -evalue 1e-5 -matrix BLOSUM62 -num_descriptions 1 -num_alignments 1
8 [user@server:~]$ blastp -query BAK64065.fasta -task blastp -db TAIR10_pep_20101214 \
9 -out BAK64065.blastp.out.xml -evalue 1e-5 -matrix BLOSUM62 -num_descriptions 1 -num_alignments 1 \
10 -outfmt 7
11 [user@server:~]$
12 [user@server:~]$
13 [user@server:~]$
14 [user@server:~]$
15 [user@server:~]$

```

Antes de poder hacer búsquedas usando BLAST es necesario reformatear el archivo que nos va a servir como base de datos. El comando `makeblastdb` que se distribuye con la suite BLAST+ es el encargado de realizar esta tarea. En general para obtener información sobre como usar diferentes programas de la suite puede ejecutar `nombre_programa -help`. La línea 5, muestra el comando que debe ejecutar para crear la base de datos en formato blast. **¿Para que sirven cada uno de los argumentos que se pasan al programa `makeblastdb`?**

Teniendo la base de datos en el formato adecuado podemos hacer nuestra primera búsqueda. Use la secuencia proteínas *BAK64065*. Usaremos el programa `blastp`, para buscar el mejor hit de una proteína en una base de datos de proteínas (Línea 6). **¿Para que sirven cada uno de los argumentos que se pasan al programa `blastp`?** Revise el archivo de salida, lo puede hacer con cualquiera de los siguientes comandos: `pico`, `less`. En la línea 8, encuentra básicamente el mismo comando, solo que esta vez pedimos que el formato de salida sea tabular con la opción `-outfmt 7`. Hay muchos otros formatos de salida que se pueden pedir durante la búsqueda con el parámetro `-outfmt`. **Describe los formatos de salida posibles.**

Haga la búsqueda con `blastp` para la secuencia con número de acceso *XP\_002889081*, solo muestre los primeros 3 hits con e-value igual o menor que  $10^{-10}$ . Asegúrese de solicitar un formato de salida tabular que incluya la longitud de las secuencias “Query” y “Subject”.

## Capítulo 14

# Alineamientos múltiples

En teoría los algoritmos de programación dinámica que se describieron anteriormente para el caso de alineamientos pareados se pueden extender para el caso de un número arbitrario de secuencias. En la práctica, esto resulta muy costoso computacionalmente, por lo que se han desarrollado otros algoritmos que implementan atajos en la búsqueda de los alineamientos óptimos (heurísticas). El desarrollo de algoritmos para el alineamiento múltiple de secuencias es una de las áreas más dinámicas de la bioinformática. Actualmente existen decenas de programas que implementan diferentes algoritmos (vea NOTREDAME, 2007 y LEMEY *et al.*, 2009 para una revisión reciente del tema).

En esta sesión vamos a desarrollar la práctica que se presenta en el capítulo 3 de LEMEY *et al.*, 2009.

En este ejercicio vamos a alinear las secuencias de los genes TRIM5 $\alpha$  de diferentes especies de primates. TRIM5 $\alpha$  es un factor de restricción viral que protege a la mayoría de monos del viejo mundo (Cercopithecidae) de la infección con HIV. Estos datos fueron analizados originalmente por SAWYER *et al.*, 2005. Vamos a usar métodos de alineamiento progresivo (CLUSTALX), basado en consistencias (T-COFFEE) y de refinamiento iterativo (MUSCLE) para crear alineamientos múltiples de proteínas y luego vamos a comparar los resultados usando el servidor web ALTA VIST. Vamos a crear los alineamientos de las secuencias de las proteínas, vamos a comparar los diferentes métodos y vamos a generar el alineamiento correspondiente a nivel de nucleótidos, terminando con la inspección y refinamiento manual del alineamiento.

## 14.1. Alineando las secuencias de amino ácidos de TRIM5 $\alpha$ de primates

### 14.1.1. CLUSTALX

Descargue el archivo `primatesAA.fasta` del SiquaPlus, este archivo tiene 22 secuencias en formato fasta. Inicie el programa CLUSTALX que se encuentra instalado localmente en su computador (THOMPSON *et al.*, 1994). En CLUSTALX abra el archivo con las secuencias usando `File`  $\rightarrow$  `Load sequences`. La interfaz gráfica le permite al usuario navegar sobre las secuencias. Seleccione `Alignment`  $\rightarrow$  `Do complete alignment`. CLUSTALX lleva a cabo el alineamiento progresivo y crea como salidas el árbol guía (con extensión `dnd`) y el alineamiento en formato Clustal (con extensión `aln`). Es posible escoger un formato diferente de salida para el alineamiento, siguiendo el menú `Alignment`  $\rightarrow$  `Output Format Options`, seleccionando por ejemplo el formato PHYLIP que puede ser leído por muchos paquetes para inferencia filogenética.

Recuerde que el árbol guía construido por CLUSTALX no debe ser usado para sacar conclusiones sobre las relaciones evolutivas entre los grupos que se están estudiando.

CLUSTALX también permite cambiar algunos de los parámetros del alineamiento (`Alignment`  $\rightarrow$  `Alignment Parameters`). Desafortunadamente no existen reglas generales para escoger el mejor conjunto de parámetros en un caso particular. La mejor opción consiste en ensayo y error. Si un alineamiento tiene, por ejemplo, muchos gaps largos, el usuario podría intentar incrementar la penalización para abrir gaps y re-hacer el alineamiento. CLUSTALX indica el grado de conservación, revise la parte de abajo de la ventana del alineamiento, ese nivel de conservación puede ser usado para evaluar el alineamiento. Seleccionando `Quality`  $\rightarrow$  `Calculate Low Scoring Segment`<sup>1</sup> y `Quality`  $\rightarrow$  `Show Low Scoring Segment`, es posible visualizar aquellas regiones del alineamiento que no son confiables, que podrían removerse o refinarse manualmente. Salve el alineamiento usando `File`  $\rightarrow$  `Save Sequences` y selecciones FASTA como formato de salida, asegurese de cambiar el nombre del archivo de salida para evitar sobre-escribir el archivo original.

### 14.1.2. T-COFFEE

Aunque el programa T-COFFEE se puede instalar localmente en sus computadores, para desarrollar este ejercicio vamos a usar un servidor web. Siga el enlace <http://www.tcoffee.org/>. Seleccione el formulario de envío regular para T-COFFEE, allí cargue su archivo, usando `Upload File` o pegue las secuencias en la caja de texto de envío. Asegurese que la opción `Computation mode` está en `regular`. Recuerde que los alineamientos con T-COFFEE son mas costosos desde el punto de vista computacional, ya que usa un método basado en consistencias, y por lo tanto puede tomar mas tiempo que un alineamiento con CLUSTALX (NOTREDAME *et al.*, 2000). Presiona el boton

---

<sup>1</sup>Siga el enlace <http://bips.u-strasbg.fr/fr/Documentation/ClustalX/> para entender como se calculan los segmentos de bajos puntaje.

Submit para ejecutar el programa. Cuando el procedimiento de alineamiento halla terminado sera direccionado a una nueva página con enlaces a los archivos de salida. Salve el alineamiento en formato fasta en su computador. El archivo `score_pdf` contiene una versión del alineamiento coloreada dependiendo de la calidad, este archivo también está disponible en formato HTML.

### 14.1.3. MUSCLE

Para obtener el alineamiento por el método de refinamiento iterativo vamos a usar el programa MUSCLE (EDGAR, 2004). Este progrma también puede ser instalado localmente en su computador, en esta ocasión vamos a usar el servidor web disponible en el EBI, siga el enlace <http://www.ebi.ac.uk/Tools/muscle/index.html>, alli puede cargar su archivo de secuenicas usando la opción Upload a file. Asegurese que la salida aparecerá en formato Fasta. Gurade el archivo de salida en formato fasta en su computador.

### 14.1.4. Comparar los alineamientos usando la herramienta web ALTAVIST

Para evaluar los diferentes alineamientos vamos a usar la herramienta ALTAVIST, siga el enlace <http://bibiserv.techfak.uni-bielefeld.de/altavist/>. ALTAVIST compara dos alineamientos alternativos y usa códigos de color par aindicar concordancias y conflictos. Las regiones donde ambos alineamientos coinciden generalmente se consideran mas confiables que las regiones en donde difieren. Esta misma forma de razonamiento se aplica de forma similar al análisis de grupos en árboles filogenéticos que han sido reconstruidos usando varios algoritmos. Grupos presentes en árboles obtenidos con diferentes métodos sonmas confialbes que aquellos que no estan presentes de forma consistente.

```

Human MASGILVNVKKEEVTCPICLELLTQPLSLDCGHGSHFCQACLTANHKKSMMLDK-GESSCPVCR
Chimp MASGILVNVKKEEVTCPICLELLTQPLSLDCGHGSHFCQACLTANHKKSMMLDK-GESSCPVCR
Gorilla MASGILVNVKKEEVTCPICLELLTQPLSLDCGHGSHFCQACLTANHKKSMMLDK-GESSCPVCR
Orangutan MASGILVNVKKEEVTCPICLELLTQPLSLDCGHGSHFCQACLTANHKKSTLTK-GERSCPVCR
Gibbon MASGILVNVKKEEVTCPICLELLTQPLSLDCGHGSHFCQACLTANHKTSPMDE-GERSCPVCR
Rhes_cDNA MASGILLNVKKEEVTCPICLELLTEPLSLHCGHSHFCQACITANHKKSMLYKEGERSCPVCR
Baboon MASGILLNVKKEEVTCPICLELLTEPLSLPCGHSHFCQACITANHKSMLYKEGERSCPVCR
AGM MASGILLNVKKEEVTCPICLELLTEPLSLPCGHSHFCQACITANHKSMLYKEEERSCPVCR
AGM_cDNA MASGILVNVKKEEVTCPICLELLTEPLSLPCGHSHFCQACITANHKESTLHQ-GERSCPLCR
Tant_cDNA MASGILLNVKKEEVTCPICLELLTEPLSLPCGHSHFCQACITANHKSMLYKEEERSCPVCR
Patatas MASGILLNVKKEEVTCPICLELLTEPLSLPCGHSHFCQACITANHKSMLYKEEERSCPVCR
Colobus MASGILVNIKKEEVTCPICLELLTEPLSLHCGHSHFCQACITANHKSMLYKEGERSCPVCR
DLangur MASGILVNIKKEEVTCPICLELLTEPLSLHCGHSHFCQACITANHKSMLYKEGERSCPVCR
PMarmoset MASRILVNIKKEEVTCPICLELLTEPLSLDCGHSHFCQACITANHKESTLHQ-GERSCPLCR
Tamarin MASRILVNIKKEEVTCPICLELLTEPLSLDCGHSHFCQACITANHKESTPHQ-GERSCPLCR
Squirrel MASRILGSIKKEEVTCPICLELLTEPLSLDCGHSHFCQACITANHKESTMLHQ-GERSCPLCR
Owl MASRILVNIKKEEVTCPICLELLTEPLSLDCGHSHFCQACITANHKSMPHQ-GERSCPLCR
Titi MASRILVNIKKEEVTCPICLELLTEPLSLDCGHSHFCQACITANHKESTLHQ-GERSCPLCR
Saki MASRILMNIKKEEVTCPICLELLTEPLSLDCGHSHFCQACITANHKSMLHQ-GERSCPLCR
Woolly MASEILVNIKKEEVTCPICDLLTEPLSLDCGHSHFCQACITADHKESTLHQ-GERSCPLCR
Howler MASKILVNIKKEEVTCPICLELLTEPLSLDCGHSHFCQACITANHKESTR----ERSCPLCR
Spider MASEILLNIKKEEVTCPICLELLTEPLSLDCGHSHFCQACITANHKESTLHQ-GERSCPLCR

```

**Figura 14.1:** Resultados de la comparación de alineamientos con ALTAVIST

Para llevar a cabo el análisis siga el enlace anterior y seleccione OPTION 2: Enter two different pre-calculated alignments of a multiple sequence set. Cargue sus

dos alineamientos, empiece por el de CLUSTALX y el de MUSCLE, agregue los títulos correspondientes y presione el botón Submit. En la página de resultados aparecen los dos alineamientos con los residuos coloreados. La Figura 14.1 muestra una de las regiones comparadas. Cuando todos los residuos en una columna son del mismo color, como es en la mayoría de los casos en la Figura 14.1, los residuos fueron alineados de la misma forma en los dos alineamientos. Si un residuo tiene un color diferente, e.g., la arginina R” para ”Howler.<sup>en</sup> la posición ±50, está alineado de forma diferente en el segundo alineamiento.

diferentes colores se usan para distinguir diferentes grupos de residuos donde los alineamientos coinciden dentro de los grupos pero no entre grupos. Un ejemplo de esto se puede ver en la Figura 14.2: los residuos GSLT están alineados por tanto por CLUSTALX como por MUSCLE de la misma forma en las AGM, AGM\_cDNA y Tant\_cDNA, pero no con los mismos residuos en otros organismos. De forma similar ocurre para los residuos TFPS y SFPS en Rhes\_cDNA y Babbon, respectivamente; eso explica por que tienen color diferente.

```

Human V D V T V A P N N I S C A V I S E D K R Q V S S P K P Q I I Y G A R G T R Y Q T F V -----
Chimp V D V T V A P N N I S C A V I S E D M R Q V S S P K P Q I I Y G A R G T R Y Q T F M -----
Gorilla V D V T V A P N N I S C A V I S E D M R Q V S S P K P Q I I Y G A Q G T R Y Q T F M -----
Orangutan V D V T V A P N D I S Y A V I S E D M R Q V S C P E P Q I I Y G A Q G T T Y Q T Y V -----
Gibbon V D V T V A P N N I S Y A V I S E D M R Q V S S P E P Q I I F E A Q G T I S Q T F V -----
Rhes_cDNA V D V T L A P N N I S H A V I A E D K R Q V S S R N P Q I M Y Q A P G T L F T F P S -----
Baboon V D V T L A P N N I S H A V I A E D K R Q V S S R N P Q I T Y Q A P G T L F S F P S -----
AGM V D V T L A P N N I S H A V I A E D K R Q V S Y Q N P Q I M Y Q A P G S S F G S L T N F N Y C T G V L G S Q S I T S R K
AGM_cDNA V D V T L A P N N I S H A V I A E D K R Q V S Y R N P Q I M Y Q S P G S L F G S L T N F N Y C T G V P G S Q S I T S G K
Tant_cDNA V D V T L A P N N I S H A V I A E D K R Q V S Y Q N P Q I M Y Q A P G S S F G S L T N F N Y C T G V L G S Q S I T S R K
Patas V D V T L A P N N I S H V I A E D K R Q V S S R N P Q I M Y W A Q G K L F Q S L K -----
Colobus V D V T L A P N N I S H A V I A E D K R R V S S P N P Q I M Y R A Q G T L F Q S L K -----
DLangur V D V T L A P N N I S H A V I A E D K R Q V S S P N P Q I M C R A G T L F Q S L K -----
PMarmoset A H V T L V P S H P S C T V I S E D E R Q V R Y Q - V P I - H Q P L V -----
Tamarin A H V T L V P S H P S Y A V I S E D E R Q V R Y Q - F Q I - H Q P S V -----
Squirrel A H V T L V P S H P S Y T I I S E D G R Q V R Y Q - K P I - R H L L V -----
Owl A H V T L V P S H P S C T V I S E D E R Q V R Y Q - K R I - Y Q P F L -----
Titi A H V T L V A S H P S R A V I S E D E R Q V R Y Q - E W I - H Q S S G -----
Saki V H V T L V P S H L S C A V I S E D E R Q V R Y Q - E R I - H Q S F G -----
Woolly A H V T L V P S H P S C A V I S E D Q R Q V R Y Q - K Q R - H R P S V -----
Howler A H V T L I P N H P S C T V I S E D K R E V R Y Q - E Q I H H P S M -----
Spider A H V T L V P S H P S C T V I S E D E R Q V R Y Q - E Q I - H Q P S V -----

```

Figura 14.2: Resultados de la comparación de alineamientos con ALTAVIST

Este tipo de análisis revela que algunos bloques de discrepancias en el alineamiento están concentrados cerca de las regiones con gaps. Por lo tanto, si las regiones con gaps se van a remover<sup>2</sup>, es recomendable también borrar las regiones vecinas que tienen alineamientos ambiguos. Haga todas las comparaciones entre los tres alineamientos que obtuvo anteriormente y describa brevemente las diferencias que observa. ¿Qué métodos de alineamientos presentan las mayores diferencias entre si? ¿Qué métodos las menores? Explique su respuesta

### 14.1.5. Del alineamiento de proteínas al de nucleótidos

Los programas de alineamiento múltiple que se han mencionado generalmente rompen el marco de lectura cuando se alinean secuencias de nucleótidos. Esto invalidaría, por ejemplo, análisis pos-

<sup>2</sup>Esto se suele hacer en los análisis filogenéticos

teriores basados en codones, y necesitarían de una buena dosis de edición manual para restaurar los marcos de lectura. Para evitar esto, podemos usar el alineamiento basado en las secuencias de proteínas para generar el alineamiento correspondiente de nucleótidos. Este procedimiento también tiene la ventaja de que los alineamientos de proteínas son menos ambiguos y mas rápidos de calcular.

Vamos a crear el alineamiento de las secuencias de ADN de TRIM5 $\alpha$  usando la herramienta RevTrans (WERNERSSON and PEDERSEN, 2003). Siga el enlace <http://www.cbs.dtu.dk/services/RevTrans/> y cargue el archivo con las secuencias de nucleótidos y uno de los alineamientos de proteínas. Revise que la opción `Match DNA and peptide sequences` by sea igual a `Name`.

¿Qué característica tienen los gaps en el alineamiento de las secuencias de ADN?<sup>3</sup>

#### 14.1.6. Editando y visualizando alineamientos

Vamos a usar la aplicación JalView que está instalada en sus computadores para visualizar los alineamientos.

Siga el enlace <http://www.jalview.org/examples/editing.html>, si lo desea puede revisar la documentación completa en el enlace <http://www.jalview.org/help.html>. Identifique las regiones ambiguas del alineamiento (use la información que obtuvo al usar ALTAVIST y elimínelas. Muestre pantallazos de dos regiones que identifique como ambiguas. Explique por que las seleccionó y que región(es) descartó.

#### 14.1.7. Estimando distancias entre las secuencias

Cuando el objetivo es inferir las relaciones evolutivas entre las secuencias (o los organismos representados por las secuencias) a partir del alineamiento múltiple y usando un método de distancia<sup>4</sup>, es necesario estimar una distancia evolutiva entre ellas. Hay muchos modelos para estimar las distancias evolutivas entre las secuencias, ya sean estas de ADN o de proteínas, por lo tanto es necesario escoger aquel modelo que mejor se ajuste a los datos (POSADA and CRANDALL, 2001; SULLIVAN and JOYCE, 2005). Se han desarrollado aplicaciones para automatizar y ayudar en la selección del mejor modelo siguiendo estrategias estadísticas; para secuencias de ADN existe MODELTEST (POSADA and CRANDALL, 1998; POSADA, 2006) y para secuencias de proteínas PROTTEST (ABASCAL *et al.*, 2005).

Para ahorrar tiempo, para este ejercicio vamos solo a estimar la distancia  $p$  entre las secuencias que corresponde a la proporción de posiciones diferentes entre cada par de secuencia. En la realidad la distancia  $p$  sub-estima el número real de sustituciones, ya que ignora el fenómeno de

<sup>3</sup>La característica se deriva de usar el alineamiento de proteínas como guía.

<sup>4</sup>Hay cuatro grandes familias (métodos) de inferencia filogenética: métodos de distancia, de máxima verosimilitud, bayesianos y de máxima parsimonia.

hits múltiples, i.e., que una posición dada puede haber sido sustituida mas de una vez. Los modelos que se mencionaron anteriormente implementan diferentes tipos de correcciones para tener esto en cuenta.

Vamos a usar la aplicación `protdist` de PHYLIP, un paquete para la inferencia de relaciones evolutivas, que está disponible en <http://mobyli.pasteur.fr/>. Siga el enlace anterior y busque la aplicación `protdist`, seleccione la opción `File` y cargue el archivo con su alineamiento múltiple de proteínas. Seleccione `Similarity table` para el parámetro `Distance Model`, los demás parámetros los usamos con sus valores por defecto. Los valores en la matriz resultante indican la proporción de posiciones idénticas para cada par de secuencias. Para obtener la distancia, i.e., la proporción de posiciones diferentes entre cada par de secuencias, solo tenemos que restar el valor de la matriz a la unidad. Otra opción podría ser usar, por ejemplo, el programa MEGA4 (TAMURA *et al.*, 2007)<sup>5</sup>, que puede calcular directamente la proporción de posiciones diferentes.

Identifique el par de primates mas cercanos y el par mas lejanos. ¿Cuáles son los valores en la matriz de distancia en los dos casos?

---

<sup>5</sup><http://www.megasoftware.net/>

## Capítulo 15

# PSSMs, Logos de secuencias y HMMs

### 15.1. PSSM

Esta sección es una versión modificada del tutorial que se encuentra siguiendo el enlace [http://rsat.ulb.ac.be/rsat/tutorials/tut\\_PSSM.html](http://rsat.ulb.ac.be/rsat/tutorials/tut_PSSM.html).

Las “Position-specific scoring matrices” (PSSM) ofrecen una forma sensible de representar la variabilidad en un alineamiento. Las PSSMs se construyen tomando como base el alineamiento múltiple, e.g., de sitios de unión de factores de transcripción.

A continuación se muestra una matriz que fue obtenida de la base de promotores de *Saccharomyces cerevisiae*<sup>1</sup> y se construyó usando un alineamiento de 12 sitios de unión del factor de transcripción Pho4p de levadura.

|   |   |   |    |    |    |    |    |   |   |   |
|---|---|---|----|----|----|----|----|---|---|---|
| A | 3 | 2 | 0  | 12 | 0  | 0  | 0  | 0 | 1 | 3 |
| C | 5 | 2 | 12 | 0  | 12 | 0  | 1  | 0 | 2 | 1 |
| G | 3 | 7 | 0  | 0  | 0  | 12 | 0  | 7 | 5 | 4 |
| T | 1 | 1 | 0  | 0  | 0  | 0  | 11 | 5 | 4 | 4 |

Cada fila representa un residuo (A, C, G o T) y cada columna una posición en el conjunto de secuencias alineadas. Algunas posiciones están perfectamente conservadas en todas las secuencias, mientras que otras presentan algunas alternativas.

Cuando se usa este tipo de matrices para hacer búsquedas, las posiciones mas conservadas imponen restricciones mas fuertes que aquellas en que cualquier residuo se puede presentar.

Siga el enlace <http://rulai.cshl.edu/cgi-bin/SCPD/getfactor?ABF1,BAF1> y responda:

- ¿Cuál es el tamaño del alfabeto?
- ¿Cuál es el ancho de la matriz?

---

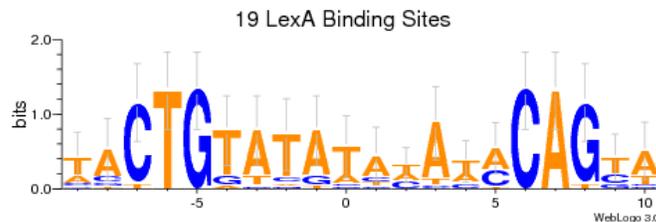
<sup>1</sup><http://rulai.cshl.edu/SCPD/>

- ¿Cuántos sitios de unión de Abf1p están almacenados en la base de datos de promotores de levadura (SCPD)?
- ¿Qué programa(s) de EMBOSS podría usar para realizar búsquedas con PSSMs?

## 15.2. Logos de secuencias

Los logos de secuencias son una representación gráfica de los alineamientos múltiples basados en la teoría de la información<sup>2</sup>

La Figura 15.1 corresponde al logo de secuencias de sitios de unión del factor de transcripción LexA de *Escherichia coli*



**Figura 15.1:** Logo de secuencias de los sitios de unión de LexA

La altura del residuo está correlacionada con su frecuencia en el alineamiento múltiple<sup>3</sup>.

Siguiendo el enlace <http://weblogo.threeplusone.com/>, cree el logo de secuencias de los sitios de unión del factor de transcripción Abf1p que estudio en la sección anterior. Para poder realizar este ejercicio necesita recuperar todos los sitios de unión de Abf1p disponibles en SCPD.

¿Qué representa el eje y? i.e., ¿Cómo se calcula el contenido de información de cada posición?

## 15.3. Modelos Ocultos de Markov: HMMs

Vamos a seguir algunos de los ejemplos/ejercicios que se encuentran siguiendo el enlace <http://www.mrc-lmb.cam.ac.uk/rlw/text/bioinfo.tuto/structure.html>

Incluso si no encuentra proteínas homólogas al realizar una búsqueda con BLAST, todavía tiene otras opciones.

La principal razón por la cual no encuentra homólogos triviales es que las búsquedas con secuencias usando herramientas como BLAST tienen poca sensibilidad. BLAST normalmente no encuentra proteínas homólogas que tengan menos de 30 % de identidad. Sin embargo, algunas proteínas pueden tener la misma estructura tridimensional y tener solo 10 % de identidad.

<sup>2</sup>[http://www.ccrnp.ncifcrf.gov/~toms/glossary.html#sequence\\_logo](http://www.ccrnp.ncifcrf.gov/~toms/glossary.html#sequence_logo)

<sup>3</sup>Para mayor información consulte: SCHNEIDER and STEPHENS, 1990

Una estrategia muy útil para encontrar homólogos distantes está basada en el uso de Modelos Ocultos de Markov (HMMs). Un HMM no es más que una forma de definir motivos o dominios.

Para crear un HMM todo lo que necesita es un alineamiento múltiple, el cual será usado para crear una representación probabilística, que puede ser luego usada para buscar secuencias relacionadas.

Las bases de datos Pfam (FINN *et al.*, 2010) y SUPERFAMILY (WILSON *et al.*, 2009) son colecciones de alineamientos múltiples para los cuales se han creado HMMs y son usadas para anotar secuencias de proteínas. La mayoría del trabajo de los curadores de esas bases de datos es crear los alineamientos múltiples.

### 15.3.1. Buscando los dominios de una proteína

Vamos a usar la siguiente proteína para hacer una búsqueda en Pfam:

```

_____ proteína desconocida _____
>seq
MEYWHYVETTSSGQPLLREGEKIDIFIDQSVGLYHGKSKILQQRGRIFLTSSQRIIYIDDAKPTQ
NSLGLLEDDLAYVNYSSGFLTRSPRLILFFKDPSSKDELGKSAETASADVSTWVCPICMVSNETQGEFTKD
TLPTPICINCGVPADYELTKSSINCSNAIDPNANPRNQFGVNSENICPACTFANHPQIGNCEICGHRLPNAS
KVRSKLNLNLFHDSRVHIELEKNSLARNKSSSHSALSSSSSTGSSTEFVQLSFRKSDGVLFSSQATERALENIL
TEKNKHIFN

```

Vaya al sitio web de Pfam<sup>4</sup> y seleccione “Sequence search”, pega la secuencia de la proteína de interés en la caja de texto para la búsqueda, luego haga clic en el botón “go” para iniciar la búsqueda. La Figura 15.2 muestra la página de resultados.

**Significant Pfam-A Matches**  
[Show](#) or [hide](#) all alignments.

| Family         | Description                               | Entry type | Clan   | Envelope |     | Alignment |     | HMM  |    | Bit score | E-value | Predicted active sites | Show/hide alignment  |
|----------------|-------------------------------------------|------------|--------|----------|-----|-----------|-----|------|----|-----------|---------|------------------------|----------------------|
|                |                                           |            |        | Start    | End | Start     | End | From | To |           |         |                        |                      |
| Vps36_ESCRT-II | Vacuolar protein sorting protein 36 Vps36 | Family     | CL0266 | 8        | 96  | 8         | 95  | 1    | 91 | 106.7     | 3.1e-31 | n/a                    | <a href="#">Show</a> |

**Insignificant Pfam-A Matches**  
[Show](#) or [hide](#) all alignments.

| Family         | Description                                 | Entry type | Clan   | Envelope |     | Alignment |     | HMM  |    | Bit score | E-value | Predicted active sites | Show/hide alignment  |
|----------------|---------------------------------------------|------------|--------|----------|-----|-----------|-----|------|----|-----------|---------|------------------------|----------------------|
|                |                                             |            |        | Start    | End | Start     | End | From | To |           |         |                        |                      |
| Rubredoxin     | Rubredoxin                                  | Domain     | CL0045 | 93       | 130 | 97        | 127 | 13   | 44 | 15.7      | 0.0077  | n/a                    | <a href="#">Show</a> |
| zf-Sec23_Sec24 | Sec23/Sec24 zinc finger                     | Domain     | n/a    | 113      | 133 | 116       | 132 | 23   | 39 | 14.7      | 0.013   | n/a                    | <a href="#">Show</a> |
| zf-RanBP       | Zn-finger in Ran binding protein and others | Family     | n/a    | 116      | 130 | 118       | 128 | 5    | 15 | 9.9       | 0.32    | n/a                    | <a href="#">Show</a> |
| Cas_CXXC_CXXC  | CRISPR-associated protein (Cas_CXXC_CXXC)   | Domain     | n/a    | 136      | 191 | 140       | 189 | 5    | 60 | 11.1      | 0.26    | n/a                    | <a href="#">Show</a> |

Figura 15.2: Resultados de una búsqueda en Pfam

- ¿Cuál es la diferencia entre “Significant Pfam-A matches” e “Insignificant Pfam-A matches”?
- ¿Qué es Pfam-A?
- ¿Qué es Pfam-B?

<sup>4</sup><http://pfam.sanger.ac.uk/>

La primera sección de resultados “Significant Pfam-A matches”, nos informa que hay un solo hit, al modelo “Vps36\_ESCRT-II”, con un puntaje de 106,7 y un e-value de  $3,1e - 31$ . También encontramos las coordenadas del dominio, con relación a la proteína de consulta y con relación al modelo.

Una de las principales características, y valores agregados de Pfam, es que cada uno de los modelos en Pfam-A ha sido estudiado por un experto que ha definido una serie de puntajes límite para definir hits significativos. El puntaje umbral mas importante corresponde al “gathering cutoff”.  
**¿Cuál es el Gathering cutoff del modelo “Vps36\_ESCRT-II”?**

De clic en el nombre del modelo. Esto lo llevará a una página con información detallada sobre ese modelo particular. Entre otros, puede encontrar en que otras especies esta presente ese modelo (“Species”). Puede descargar el modelo (“Curation”) o el alineamiento múltiple (“Alignments”), entre otra información.

**Use la secuencia de la proteína ANAC092 y determine que dominios están presentes**

### 15.3.2. Visualización de HMMs

También puede visualizar los HMMs en forma de logos de secuencias. Puede usar la aplicación LogoMat-M que encuentra en el enlace <http://www.sanger.ac.uk/cgi-bin/software/analysis/logomat-m.cgi>.

**Muestre el logo del dominio “zf-C2H2”**

## Capítulo 16

# Diseño de primers para PCR

La parte teórica que aquí se presenta consiste en un resumen del texto que se encuentra siguiendo el enlace: [http://www.premierbiosoft.com/tech\\_notes/PCR\\_Primer\\_Design.html](http://www.premierbiosoft.com/tech_notes/PCR_Primer_Design.html).

La reacción en cadena de la polimerasa (PCR) inventada por Kary Mullis en la década de los 80s del siglo XX (MULLIS and FALOONA, 1987) es considerada uno de los inventos mas importantes en biología molecular. Mediante esta reacción pequeñas cantidades de material genético se pueden amplificar de tal forma que pueden ser identificadas y/o manipuladas.

La PCR involucra los siguientes pasos:

**Denaturación** El objetivo de este paso es convertir las moléculas de ADN de doble cadena en cadenas sencillas.

**Anillamiento** Durante este paso los primers hibridan con las hebras molde de cadena sencilla.

**Extensión** La ADN polimerasa extiende los primers.

Esos pasos dependen y son muy sensibles a la temperatura. Las temperaturas usadas comúnmente son 95°C, 60°C y 72°C, respectivamente.

Un buen diseño de primers es esencial para obtener reacciones exitosas. A continuación se describen las principales consideraciones a tener en cuenta durante el diseño.

**Longitud de los primers:** Normalmente se acepta que la longitud óptima para primers de PCR está entre 18 y 22 pb. Con esta longitud son lo suficientemente largos para asegurar especificidad y lo suficientemente pequeños para que se unan fácilmente al ADN molde a la temperatura de anillamiento.

**Temperatura de fusión del primer ( $T_m$ ):** Se define como la temperatura a la cual la mitad de las moléculas de ADN de doble cadena se van a disociar y volverse de cadena sencilla. Es una forma de indicar la estabilidad del duplex. Primers con temperaturas de fusión entre 52°C y 58°C normalmente producen los mejores resultados. Primers con temperaturas de fusión superiores a 65°C tienen tendencia a formar anillamientos secundarios. El contenido de GC de la secuencia da

una buena indicación de la temperatura de fusión del primer. Mayor precisión en su cálculo se alcanza empleado la teoría termodinámica de los vecinos mas cercanos, según la cual:

$$T_m(^{\circ}C) = \{\Delta H/\Delta S + R\ln(C)\} - 273,15 \quad (16.1)$$

donde:

**$\Delta H$  (kcal/mol)** : H es la entalpía. La entalpía es la cantidad de energía calórica que poseen las sustancias.  $\Delta H$  es el cambio en entalpía. En la formula 16.1, la  $\Delta H$  se obtiene de sumar las entalpías de los pares de di-nucleótidos que son vecinos mas cercanos.

**$\Delta S$  (kcal/mol)** : S es la cantidad de desorden de un sistema, recibe el nombre de entropía.  $\Delta S$  es el cambio en la entropía. Se obtiene sumando los valores de entropía de pares de di-nucleótidos que son vecinos mas cercanos. Normalmente se adiciona una corrección a los parámetros de vecinos mas cercanos. Esta corrección representa el contenido de sales.

**$\Delta S$  (corrección por sales)** :  $\Delta S(1MNaCl) + 0,368N\ln([Na+])$ , donde  $N$  es el número de pares de nucleótidos en el primers, y  $[Na+]$  son los equivalentes de sal en mM.

**Temperatura de anillamiento de los primers:** La  $T_M$  es un estimador de la estabilidad del híbrido ADN-ADN y es importante para poder estimar la temperatura de anillamiento ( $T_a$ ).  $T_a$  muy altas harán que se formes pocos híbridos primer - molde resultando en una reducción del producto de PCR.  $T_a$  muy bajas podrán causar anillamientos no específicos. La siguiente ecuación permite estimar la  $T_a$  a partir de la  $T_m$

$$T_a = 0,3T_m(\text{primer}) + 0,7T_m(\text{product}) - 14,9 \quad (16.2)$$

donde,

**$T_m$ (primer)** Es la temperatura de fusión de los primers

**$T_m$ (product)** Es la temperatura de fusión del producto

**Contenido de GC:** La proporción de G+C en el primer debe ser de 40% a 60%.

**Gancho de GC:** La presencia de las bases G o C en las ultimas 5 bases del extremo 3' del primer (GC clamp) ayuda a tener una unión mas especifica en ese extremos debido a la unión mas fuerte entre G y C. Sin embargo, se deben evitar mas de 3 Gs o Cs consecutivas en las últimas 5 bases del extremo 3'.

**Estructuras secundarias de los primers:** La presencia de estructuras secundarias producidas por interacciones intra o intermoleculares puede llevar a una disminución en la producción del amplímero o no producción de este. Esas estructuras disminuyen la cantidad de primer disponible para la reacción.

**Evitar hidridación cruzada:** Los primers diseñados para una secuencias no deben amplificar otro gen en la mezcla. La opción mas común es tomar los primers candidatos y compararlos contra bases de datos de genes usando una herramienta como BLAST.

## 16.1. Diseño de primers usando Quantprime

QUANTPRIME<sup>1</sup> es una herramienta flexible para el diseño de primers a mediana y gran escala (ARVIDSSON *et al.*, 2008), principalmente para PCR en tiempo real usando SYBR GREEN. QUANTPRIME usa `primer3` (ROZEN and SKALETSKY, 2000) como motor para la creación de primers y agrega diversas capaz de verificación contra distintas bases de datos y anotación de genomas para proponer primers con mayor probabilidad de funcionar en ensayos experimentales.

Una de las principales ventajas de QUANTPRIME es que aprovecha la anotación de genoma y colecciones de EST que estén disponibles al público. Por ejemplo, la anotación de genomas puede ser explotada para producir primers que anillen sobre border de exones, disminuyendo considerablemente la probabilidad de amplificar ADN genómico en ensayos de evaluación de la expresión de genes.

Vaya a la página de QUANTPRIME, <http://www.quantprime.de/>. Con el fin de prestar un mejor servicio a los usuarios finales, es necesario registrarse y activar la cuenta siguiendo las instrucciones que llegarán a su correo electrónico luego de registrarse.

El primer paso en el flujo de trabajo de QUANTPRIME es crear un nuevo proyecto, encontrará un botón `New project` en el menú de la izquierda. La Figura 16.1, muestra el formulario de creación de proyectos. Allí tendrá que dar un nombre a su proyecto, este le servirá para almacenar su información en el servidor de QUANTPRIME y mantener varios proyectos en paralelo si así lo desea. A continuación tiene que seleccionar el organismo de interés y la versión de la anotación de su genoma o de disponibilidad de ESTs, según sea el caso. Para este ejercicio seleccione *Arabidopsis thaliana* como organismo y **TAIR release 9**, como versión de la anotación. La última sección corresponde a la selección del protocolo de cuantificación, i.e., usando SYBR-GREEN, en tiempo real, o al final de la PCR usando geles de agarosa (end-point PCR). Para cada una de esas opciones puede seleccionar si desea que los primers tenga hibridación cruzada con diferente variantes de splicing o no. En este ejercicio vamos a usar la segunda opción.

El siguiente paso, consiste en incluir los transcritos para los cuales se desea diseñar primers. La Figura 16.2, muestra el formulario que nos permite completar este paso. Tiene dos opciones: i) si conoce los identificadores de los genes de interes, solo los tiene que poner en la caja de texto y presionar el botón `Add to project`, de lo contrario puede hacer búsqueda BLAST dentro de QUANTPRIME para encontrar los identificadores a partir de secuencias propias. En este caso vamos a diseñar primers para los genes: AT2G20825 y AT4G28190, que pertenecen a una familia pequeña

---

<sup>1</sup>Hay un tutorial disponible en el sitio de QUANTPRIME que describe con mayor detalle cada paso y opción.

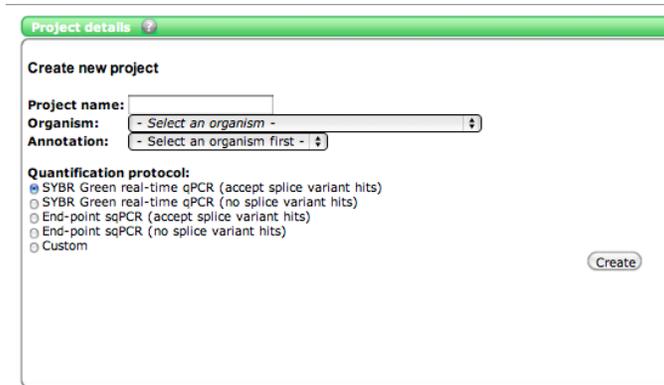


Figura 16.1: Creación un proyecto en QUANTPRIME

de factores de transcripción conocida como ULT. Asegurese de adicionar esos identificadores a su proyecto y luego usar el botón `Select all`, seguido de `find primers`.

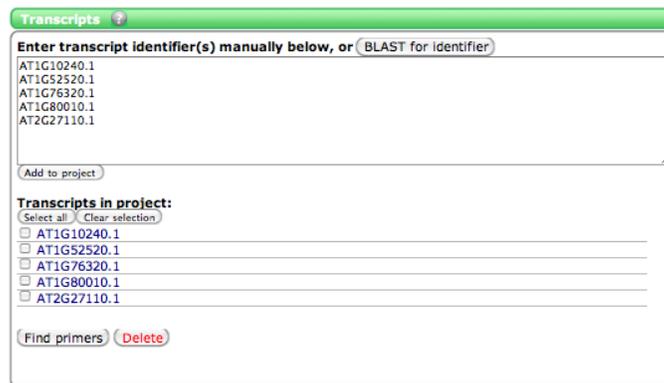


Figura 16.2: Adicionando transcritos al proyecto en QUANTPRIME

En este punto se iniciará el proceso de búsqueda de primers y su posterior verificación explotando la anotación del genoma de *Arabidopsis thaliana*. La Figura 16.3 muestra la ventana de progreso de la búsqueda. Si lo desea puede cerrar esta ventana y volver as tarde a recuperar sus resultados, esta es la ventaja de estar registrado en el sitio. En la Figura 16.3 se ve un indicador de progreso y una serie de cuatro casillas coloreadas por gen. La casilla de color verde oscuro indica el número de primers muy buenos que fueron encontrados, que cumplían con todos los criterios de búsqueda, i.e., específicos para el transcrito de interés, no amplifica ADN genómico, primers individuales no anillan con otros cDNAs. La casilla color verde claro indica el número de primers bueno, peor que podrían amplificar ADN genómico o alguno de los dos primers podría anillar con otro cDNA y por lo tanto reducir la eficiencia de la amplificación. En la casilla amarilla aparece el número de primers que se consideran adecuados, estos pueden amplificar ADN genómico, primers individuales pueden anillar a otros cDNAs. La casilla roja indica el número de primers fallidos.

La casilla verde oscura solo va a estar desactivada en aquellos casos en que la especie de interés

no tenga información de su genoma en la base de datos de QUANTPRIME.

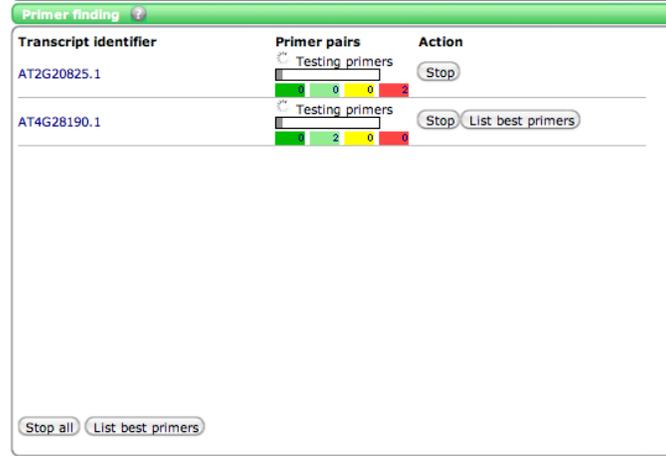


Figura 16.3: QUANTPRIME buscando primers para los genes solicitados

Una vez la búsqueda ha terminado, presione el botón `List best primers` para obtener una lista detallada de los primers encontrados.

La lista de pares de primers está ordenada de acuerdo al color, como se explicó anteriormente, y en segundo lugar por el puntaje de rango de Primer3, la columna en el extremo derecho, el cual refleja la desviación de los criterios de diseño óptimo y el riesgo de formar estructuras secundarias y dímeros de primers. Los mejores primers son aquellos en que este número es más pequeño.

El botón `Select best` selecciona los mejores primers de los genes que se analizaron.

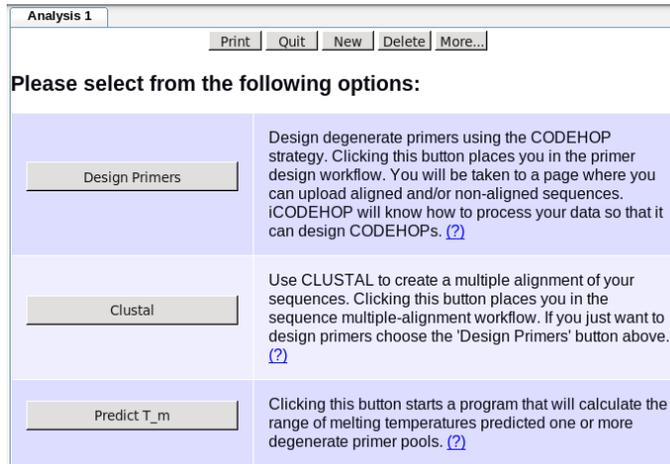
|                          | Fw sequence              | Rev sequence            | Amplicon size | Spans exon border | Rank score | Test results |
|--------------------------|--------------------------|-------------------------|---------------|-------------------|------------|--------------|
| <b>AT2G20825.1</b>       |                          |                         |               |                   |            |              |
| <input type="checkbox"/> | TGTCGGAGAGCATTAACCTCGAG  | CAGGGCTCAACTTCTTTCGAG   | 149           | Yes               | 3.7482     | Green        |
| <input type="checkbox"/> | TGTCGGAGAGCATTAACCTCGAG  | TCTTCGAGACAGGACAGGATGC  | 135           | Yes               | 2.9346     | Green        |
| <input type="checkbox"/> | AACTGAGATCCATCTGGGAGAC   | TCTTCGAGACAGGACAGGATGC  | 147           | Yes               | 3.0588     | Green        |
| <input type="checkbox"/> | TAACTGAGATCCATCTGGGAGAC  | TCTTCGAGACAGGACAGGATGC  | 148           | Yes               | 3.1682     | Green        |
| <input type="checkbox"/> | ATCTGAGAGATTAACCTCGAG    | TCTTCGAGACAGGACAGGATGC  | 136           | Yes               | 3.2574     | Green        |
| <input type="checkbox"/> | AGTCCATCTGCGGAGCATTAAC   | TCTTCGAGACAGGACAGGATGC  | 141           | Yes               | 3.701      | Green        |
| <input type="checkbox"/> | CATCTGCGGAGCATTAACCTCGAG | TCTTCGAGACAGGACAGGATGC  | 137           | Yes               | 3.7039     | Green        |
| <input type="checkbox"/> | ACGATTAACCTCGAGCATTAAC   | TCTTCGAGACAGGACAGGATGC  | 127           | Yes               | 3.8087     | Green        |
| <input type="checkbox"/> | CGATTAACCTCGAGCATTAAC    | TCTTCGAGACAGGACAGGATGC  | 116           | Yes               | 3.1506     | Green        |
| <input type="checkbox"/> | GAGAGAGATTAACCTCGAG      | AGCGGAACTTCTTCTTCAATG   | 107           | Yes               | 3.8035     | Yellow       |
| <b>AT4G28190.1</b>       |                          |                         |               |                   |            |              |
| <input type="checkbox"/> | CACCTGCTTGCAGTGAAGACAG   | TGCCCTTCTTTCAGGATGC     | 68            | Yes               | 4.6413     | Green        |
| <input type="checkbox"/> | TACCGGATGCTGTGCTAGAC     | TGCAGCTGGGTCAACTTGTCTTC | 105           | Yes+              | 2.8127     | Green        |
| <input type="checkbox"/> | ATACGCGATGCTGTGCTAGAC    | TGCAGCTGGGTCAACTTGTCTTC | 106           | Yes+              | 3.5905     | Green        |
| <input type="checkbox"/> | CGGATGCTGTGCTAGACTAGG    | TGCAGCTGGGTCAACTTGTCTTC | 101           | Yes+              | 4.212      | Green        |
| <input type="checkbox"/> | GCGATGCTGTGCTAGACTAGG    | TGCAGCTGGGTCAACTTGTCTTC | 102           | Yes+              | 4.212      | Green        |
| <input type="checkbox"/> | TGCGATGCTGTGCTAGACTAGG   | TGCAGCTGGGTCAACTTGTCTTC | 103           | Yes+              | 4.2732     | Green        |
| <input type="checkbox"/> | GATACGCGATGCTGTGCTAGAC   | TGCAGCTGGGTCAACTTGTCTTC | 107           | Yes+              | 4.3457     | Green        |
| <input type="checkbox"/> | AGCTGATGCTGTGCTAGACTAGG  | TGCAGCTGGGTCAACTTGTCTTC | 124           | Yes+              | 5.2048     | Green        |
| <input type="checkbox"/> | CACACTGCTTGCAGTGAAGAC    | TGCCCTTCTTTCAGGATGC     | 70            | Yes+              | 3.8382     | Green        |
| <input type="checkbox"/> | CACACTGCTTGCAGTGAAGAC    | ACTTCTTCTTCTTCTTCTTCAG  | 77            | Yes+              | 4.2042     | Green        |

Figura 16.4: Listado de los mejores primers encontrados por QUANTPRIME

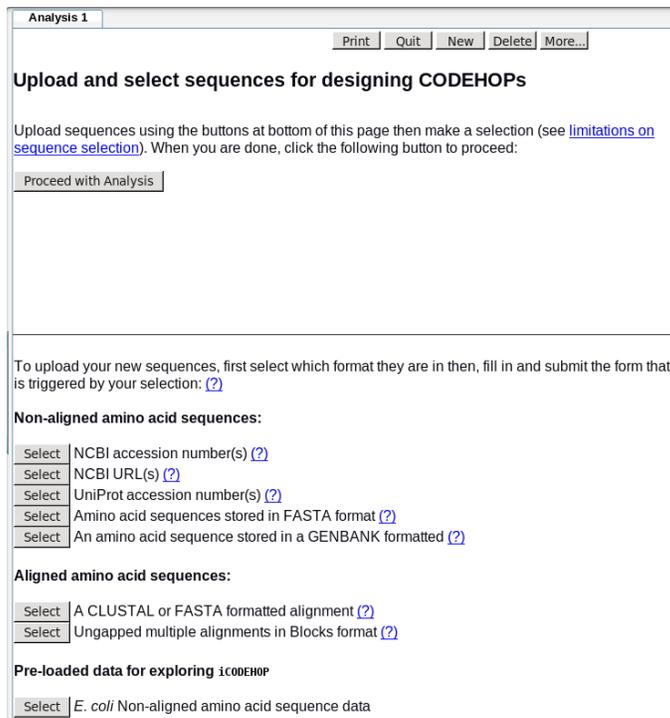
Si desea ver información mas detallada sobre cada par de primers haga clic sobre el par de interés, esto lo conducirá a la página de información de ese par de primers en particular (Figura 16.5. En la



Inicie una sesión, esto lo llevará a una nueva página que luce como aparece en la Figura 16.6, seleccione la opción `Design Primers`



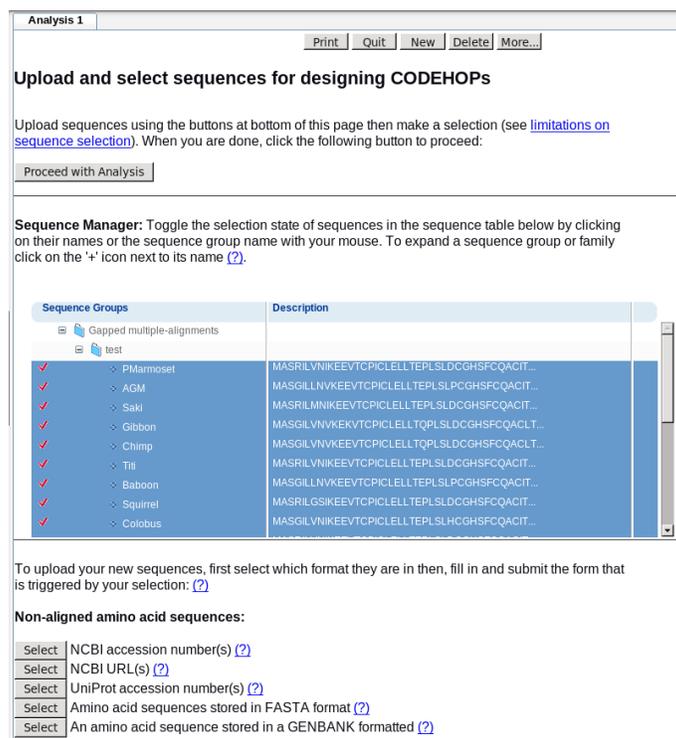
**Figura 16.6:** Página de inicio en iCODEHOP



**Figura 16.7:** Diseño de primer en iCODEHOP

En la página de diseño de primers puede seleccionar diferentes fuentes de datos de alineamiento de proteínas (Figura 16.7). En este ejercicio haga clic en el botón `Select` que se encuentra en frente de **A CLUSTAL or FASTA formatted alignment**, seleccione el archivo de alineamiento

de 22 secuencias de primates. La nueva página aparece como la Figura 16.8. Ahora puede proceder con el análisis haciendo clic en el botón `Proceed with Analysis`.



**Figura 16.8:** Diseño de primer en iCODEHOP

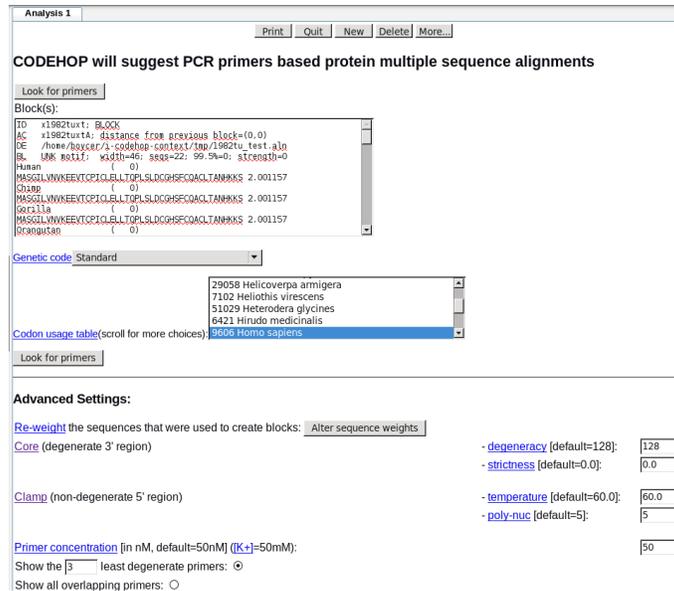
El siguiente paso en el algoritmo CODEHOP es determinar los BLOCKS<sup>3</sup>, esto es hecho automáticamente por iCODEHOP (figura 16.9). En la siguiente página selecciones el código genético y la tabla de uso de codones que serán usada en el diseño de primers. Hay otros parámetros que puede variar antes de iniciar la búsqueda de primers. ¿Qué controla cada uno de esos parámetros?

Una vez esté satisfecho con su selección de parámetros, puede dar clic en el botón `Look for primers` para iniciar la búsqueda de primers en los BLOCKS detectados. Sea paciente la búsqueda de primers puede tomar bastante tiempo. Al finalizar la búsqueda los resultados se mostrarán en forma gráfica como aparece en la Figura 16.10, al hacer clic sobre los primers, encontrará información detallada.

Cada uno de los rectángulos que aparece en la imagen representa los BLOCKS originales, i.e., alineamientos múltiples sin gaps. El nombre del BLOCK aparece en la esquina superior izquierda del rectángulo.

Debajo del nombre del BLOCK encontrará una fila con información sobre el número de amino ácidos que constituyen el BLOCK y la distancia en amino ácidos al BLOCK anterior y al siguiente (esto último en paréntesis).

<sup>3</sup>¿Qué son y como se determinan los BLOCKS?.



**Figura 16.9:** Detección de BLOCKS en el alineamiento de secuencias de proteínas. Se diseñaron primers para cada BLOCK

Enseguida encuentra el rectángulo que representa el BLOCK, aparece la secuencia consenso del alineamiento múltiple. El símbolo \* aparece encima de los residuos completamente conservados. Amino ácidos en mayúscula representan sitios altamente conservados mientras que aquellos en minúscula representan sitios con un bajo nivel de conservación.

Debajo del rectángulo encuetrara los primers degenerados representados por flechas. Las flechas que se dirigen a la derecha, corresponden a los primer **forward**, las uqe se dirigen a la izquierda corresponden a los primers **reverse**. si una flecha es roja significa que iCODEHOP no pudo extender la región consenso del gancho en su longitud completa. Esto pasa cuando hay poco conservación en el extremo 5' de la región CORE degenerada de un primer.

Puede seleccionar un primer particular haciendo click sobre la flecha que lo representa y obtener información adicional usando el botón **Complete summary** en la parte superior de la página.

En la página **Compete summary** encuentra información detallada sobre el BLOCK que se usó para diseñar el primer seleccionado, así como ss temeratuas de anillamiento. Mas abajo encuen tra una tabla con todos los primer potenciales para usar como compañeros del primer seleccionado, cada uno con infomración del nombre del BLOCK que se usó para su diseño, y sus temperaturas de anillamiento.



# Bibliografía

- ABASCAL, F., R. ZARDOYA, and D. POSADA, 2005 ProtTest: selection of best-fit models of protein evolution. *Bioinformatics* **21**: 2104–2105.
- ARVIDSSON, S., M. KWASNIEWSKI, D. M. RIAÑO PACHÓN, and B. MUELLER-ROEBER, 2008 Quantprime—a flexible tool for reliable high-throughput primer design for quantitative pcr. *BMC Bioinformatics* **9**: 465.
- BOURNE, P. E., 2004 The future of bioinformatics. In *2nd Asia-Pacific Bioinformatics Conference (APBC2004)*.
- EDGAR, R. C., 2004 Muscle: a multiple sequence alignment method with reduced time and space complexity. *BMC Bioinformatics* **5**: 113.
- FINN, R. D., J. MISTRY, J. TATE, P. COGGILL, A. HEGER, *et al.*, 2010 The pfam protein families database. *Nucleic Acids Res* **38**: D211–D222.
- KYTE, J., and R. F. DOOLITTLE, 1982 A simple method for displaying the hydropathic character of a protein. *J Mol Biol* **157**: 105–132.
- LEMEY, P., M. SALEMI, and A.-M. VANDAMME, editors, 2009 *The Phylogenetic Handbook*. Cambridge University Press.
- LEONARD, S. A., T. G. LITTLEJOHN, and A. D. BAXEVANIS, 2007 Common file formats. *Curr Protoc Bioinformatics* **Appendix 1**: Appendix 1B.
- MIZRACHI, I. K., 2008 Managing sequence data. *Methods Mol Biol* **452**: 3–27.
- MULLIS, K. B., and F. A. FALOONA, 1987 Specific synthesis of dna in vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction. *Methods Enzymol* **155**: 335–350.
- NEEDLEMAN, S. B., and C. D. WUNSCH, 1970 A general method applicable to the search for similarities in the amino acid sequence of two proteins. *J Mol Biol* **48**: 443–453.
- NOTREDAME, C., 2007 Recent evolutions of multiple sequence alignment algorithms. *PLoS Comput Biol* **3**: e123.

- NOTREDAME, C., D. G. HIGGINS, and J. HERINGA, 2000 T-coffee: A novel method for fast and accurate multiple sequence alignment. *J Mol Biol* **302**: 205–217.
- POSADA, D., 2006 Modeltest server: a web-based tool for the statistical selection of models of nucleotide substitution online. *Nucleic Acids Res* **34**: W700–W703.
- POSADA, D., and K. CRANDALL, 1998 MODELTEST: testing the model of DNA substitution. *Bioinformatics* **14**: 817–8.
- POSADA, D., and K. CRANDALL, 2001 Selecting models of nucleotide substitution: an application to human immunodeficiency virus 1 (HIV-1). *Mol Biol Evol* **18**: 897–906.
- ROZEN, S., and H. SKALETSKY, 2000 Primer3 on the www for general users and for biologist programmers. *Methods Mol Biol* **132**: 365–386.
- SAWYER, S. L., L. I. WU, M. EMERMAN, and H. S. MALIK, 2005 Positive selection of primate trim5alpha identifies a critical species-specific retroviral restriction domain. *Proc Natl Acad Sci U S A* **102**: 2832–2837.
- SCHNEIDER, T. D., and R. STEPHENS, 1990 Sequence logos: a new way to display consensus sequences. *Nucleic Acids Res* **18**: 6097–100.
- SMITH, T. F., and M. S. WATERMAN, 1981 Identification of common molecular subsequences. *J Mol Biol* **147**: 195–197.
- STEIN, L. D., 2008 Bioinformatics: alive and kicking. *Genome Biol* **9**: 114.
- SULLIVAN, J., and P. JOYCE, 2005 MODEL SELECTION IN PHYLOGENETICS. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* **36**: 445–466.
- TAMURA, K., J. DUDLEY, M. ÑEI, and S. KUMAR, 2007 MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Mol Biol Evol* **24**: 1596–1599.
- THOMPSON, J. D., D. G. HIGGINS, and T. J. GIBSON, 1994 CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Res* **22**: 4673–4680.
- WERNERSSON, R., and A. G. PEDERSEN, 2003 Revtrans: Multiple alignment of coding dna from aligned amino acid sequences. *Nucleic Acids Res* **31**: 3537–3539.
- WILSON, D., R. PETHICA, Y. ZHOU, C. TALBOT, C. VOGEL, *et al.*, 2009 Superfamily–sophisticated comparative genomics, data mining, visualization and phylogeny. *Nucleic Acids Res* **37**: D380–D386.

# Appendices



---

## PROCESSES

**^c** **<ctrl>-c** kills (definitely stops) current job  
**^z** **<ctrl>-z** suspends the current job. This can either be moved to the background or resumed in the foreground by using **bg** or **fg**

**bg** moves the current process to the background

**fg** moves a process to the foreground. (If there is more than one suspended job, use **jobs** to decide which you want to **fg**)

**fg 2** moves process number 2, as listed by **jobs**, to the foreground

**jobs** lists background and suspended processes (created with **bg** or **^z**)

**jobs -l** ("el" not one) includes the pid (process id number)

**ps** lists all your processes

**kill** stops a process (use **ps** or **jobs** to find your processes)

**kill 2986**

kills off the process with pid 2986

---

## MISCELLANEOUS

**finger** tells you who is logged on (see also **w**)

**w** shows information about logged in users

**who** produces similar result (see **finger**)

**tar** create (or extract) a tarball from (to) a list of files

**tar -cvf tarball.tar subdir/\***

**tar -xvf tarball.tar**

the option **-z** compacts the files by **gzip**

**wc** word count

**wc long.file**

prints the number of lines, words and characters in *long.file*. Options include **-l** to count lines only, and **-c** to count characters only

**ln** create a link or an alias for a file

**ln -s subdir/orig.file alias.file**

**history** displays last several commands used

!! re-executes the last command

!51 executes command 51 in the history list use also **<up>** - and **<down>** - arrows to navigate in the history

---

**date** displays current date and time

**passwd** invokes a password changing program

**exit** leaves the current shell (same as **^d** or **<ctrl>-d**) usually = **logout**

---

## GRAPHIC DISPLAY

To display graphics, most Unix require the configuration of the X-Window server.

Commands on your local computer:

**xhost** set the list of allowed X-Window clients  
**xhost +**

The "+" allows any remote computer to display on your local display

**ifconfig** gives information about the network configuration (e.g., the current IP\_address, usually similar to 123.145.167.189)

Commands on the remote computer:

**setenv** set up an environment variable (tc-shell)

**setenv DISPLAY IP\_address:0**

required to tell the remote computer where it should display its graphics

**xclock** starts a graphic clock (e.g., used to test the X-Window server or to get the current time...;-)

---

This document was originally written and designed by Aoife McLysaght and Andrew Lloyd© from the Irish EMBnet node, and modified by Laurent Falquet from the Swiss EMBnet node and distributed by the Publications Committee of EMBnet.

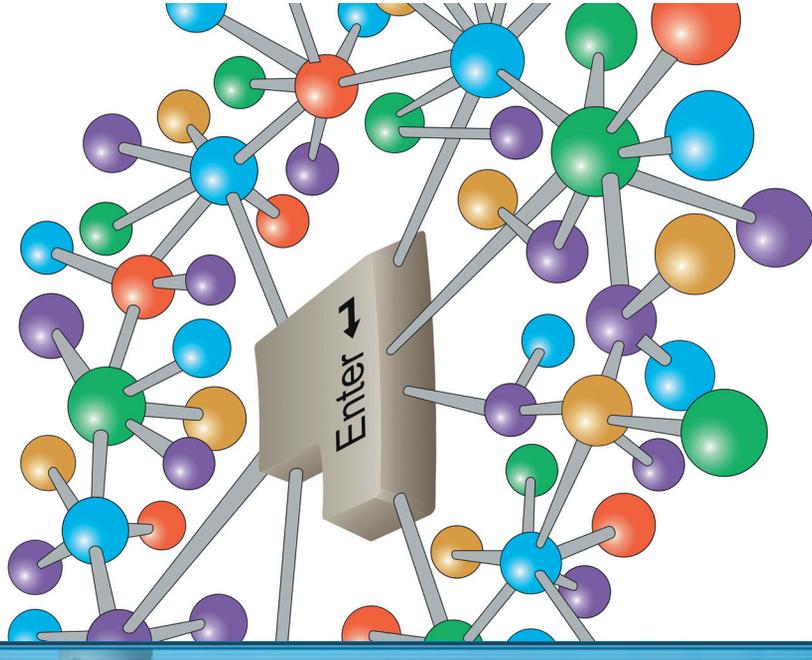
EMBnet - European Molecular Biology network - is a network of bioinformatics support centres situated primarily in Europe. Most countries have a national node which can provide training courses and other forms of help for users of bioinformatics software.

Further information about UNIX is available from your national node. You can find contact information about your national node from the EMBnet web site:

<http://www.embnet.org/>

If you have found this publication useful, please let us know. If you have ideas for similar documents we'd like to hear from you: [emb-pr@embnet.org](mailto:emb-pr@embnet.org)

A Quick Guide To UNIX  
Revised edition 2003



EMBnet

# A Quick Guide UNIX

# A Quick Guide To UNIX

This is an introduction to the UNIX operating system. Unix may seem idiosyncratic, even impenetrable, to begin with but it has the virtue of minimising the number of keystrokes and so speeding up your access to the computer.

The commands listed here are common to different operating systems and shells. They include some of the most useful and frequently used commands in UNIX. The power and utility of most UNIX commands can be enhanced with switches or options preceded by a “-” sign.

More information on the options, the effects and how to use the commands is available by using the **man** command:

**man** gives manual information on a topic

**man grep**

displays the manual page about grep

**apropos** lists all the man(ual) entries relating to a topic (same as **man -k**)

**apropos print**

Another useful source of information is the on-line EMBnet tutorial which includes a page on UNIX

<http://www.dk.embnet.org/Embnetut/Univers/unixcmds.html> or equally

<http://www.uk.embnet.org/Embnetut/Univers/unixcmds.html>

The general format of this document is that anything in **bold** is a command you can enter. Anything in *italic* is a fake file or directory name you must change according to yours. Anything preceded by a hyphen “-” is an option which will modify the effects of a command. A general description of each command is followed by one or several examples of its use.

## FILES

**ls** lists files in a directory

**ls -allf**

lists **-a** all files in **-l** long format **-F** identifies directories **/**, executable files **\*** and symbolic links **@**, in the current directory

**cat** concatenates and displays files

**cat my.file**

displays *my.file* on the screen

**chmod** modifies the read (**r**), write and delete (**w**), and execute (**x**) permissions of specified files and the search permissions of specified directories. The permission can be set for user (**u**), group (**g**) or other (**o**)

**chmod go-w my.file**

stops (-) anyone else (**go**) changing or deleting (**w**) *my.file*

**chmod g+rxw my.file**

allows (+) anyone of my group (**g**) reading, changing, deleting or executing (**rxw**) *my.file*

**cp** copies files

**cp orig.file copy.file**

**cp orig.file subdir/new.file**

copies *orig.file* to *new.file* in *subdir* directory

**cp subdir/orig.file .**

copies *orig.file* from *subdir* to the current directory (**.**) without changing its name

**mv** moves/renames a file (or directory)

**mv oldname newname**

**mv my.file subdir/my.file**

a move (**mv**) is equivalent to a copy (**cp**) followed by a remove (**rm**)

**rm** removes/deletes a file.

**rm oldfile**

**rm -i \*.file**

option **-i** (interactive) advised if wildcards (**\***) in use

**diff** compares two files and prints how they differ

**diff file1 file2**

prints differences to screen options include **-b** to ignore differences in blank space, and **-i** to ignore case

**find** searches the directory tree for a file

**find . -name lostfile -print**

will search your current directory (**.**) (and any subdirectories) for *lostfile*

**grep** searches a file for a string

**grep word my.file**

**grep "two words" my.file**

options include **-i** to ignore case and **-n** to print line numbers

**vi** simple screen oriented text editor

**pico** simple display oriented text editor

**pico myfile.txt**

**head** prints the first few (default = 10) lines of a file

**head oddfile**

**head -20 oddfile**  
displays first twenty lines of *oddfile*

**tail** displays last few lines of a file (see head)

**more** displays a file one screenful at a time

**more longfile**

hit <**spacebar**> to see the next screen

Note: some people prefer **less**

## OUTPUT REDIRECTION

> redirects output of a command to a file

**diff file1 file2 > new.file**

puts differences into *new.file*

**cat one.file two.file > both.file**

writes the output of the cat command into *both.file* (overwrites *both.file*)

>> appends a file to the bottom of another

**cat three.file >> both.file**

appends *three.file* to the bottom of *both.file*

| “pipe” - uses the output of the first command as the input of the second

**grep string my.file | wc -l**

finds how many lines on which “string” occurs (see **grep** and **wc**)

## DIRECTORIES

**cd** changes current directory

**cd /etc**

go to */etc* directory

**cd ..**

go up one level in directory tree

**cd ../subdir2**

go “sideways” to *subdir2*

**mkdir** creates a new subdirectory

**mkdir subdir**

**rmdir** removes a directory - you must delete all the files in it first

**rmdir subdir**

**pwd** print working directory, tells your current location (path)

e.g. seqret "embL:hs\*"

A part of the sequence can be specified by adding the range:

e.g. seqret "embL:hsfau[1:57]"

The last 100 bases of a sequence can be specified by a negative start:

e.g. seqret "embL:hsfau[-100:]"

---

### List Files

A list file contains a list of USAs (one per line). The list file input is @listfile. A list file may be read in wherever a program can read multiple sequences. Blank lines and USAs starting with a '#' character are ignored. There is no limit on different sequence formats within one list file.

### Format Conversion

The format of an output sequence file can be specified. seqret can read in sequences in one format and write them in the other format, for example to convert a sequence to GCG format:

```
seqret in.seq gcg::out.seq
```

---

### The command line and parameters

EMBOSS programs are designed to be run from the command-line, as well as within scripts. To customise their behaviour, each has a distinct set of parameters, also known as options or flags.

There are 3 classes of parameters: *standard*, *additional*, *advanced*. Information on allowable flags for each program is given in the help files.

If values for *standard* (mandatory) parameters are not specified, the programs will prompt for them.

If *additional* (optional) parameters are missed out, default values will be used unless you put options (or opt) on the command line.

EMBOSS programs never prompt for *advanced* parameters; these must be explicitly specified. They are defined in the program documentation.

### General qualifiers

These can be used with any program:

- auto Turns off prompts and descriptions. Used when in running programs scripts
- stdout Writes to standard output (screen) by default
- filter Reads from standard input (keyboard), writes to standard output (screen) by default
- options Prompts for all required and additional values
- debug Writes debug output to the file *programname.dbg*
- help Reports command line options. Or help verbose for more information on associated and general qualifiers
- warning Reports warnings
- error Reports errors

- fatal Reports fatal errors
- die Reports deaths

Each of these can be prefixed with 'no' to negate the action.

e.g. -nowarning

- sbegin States the first position of the sequence
- send States the final position of the sequence

---

### Some major programs

EMBOSS currently offers approximately 200 applications. Use wosname to see them all together with below a selection of interesting tools:

### TOOLS (examples)

- seqret Reads and writes (returns) sequences
  - est2genome Aligns EST and genomic DNA sequences
  - needle Needleman-Wunsch global alignment
  - water Smith-Waterman local alignment
  - dotmatcher Displays a thresholded dotplot of two sequences
  - renap Displays a sequence with restriction cut sites, translation etc
  - prettyplot Displays aligned sequences, with colouring and boxing
  - extractseq Extracts regions from a sequence
  - reverseq Reverses and complements a sequence
  - plotorf Plots potential open reading frames
- and many other*

### UTILS MISC

- embosdata Finds or fetches the data files read in by the EMBOSS programs
- embossversion Writes the current EMBOSS version number

---

This document was written and designed by Lisa Mullian from the UK EMBnet node and being distributed by P&PR Publications Committee of EMBnet.

EMBnet - European Molecular Biology Network - is a bioinformatics support network of bioinformatics support centers situated primarily in Europe. Most countries have a national node which can provide training courses and other forms of help for users of bioinformatics software.

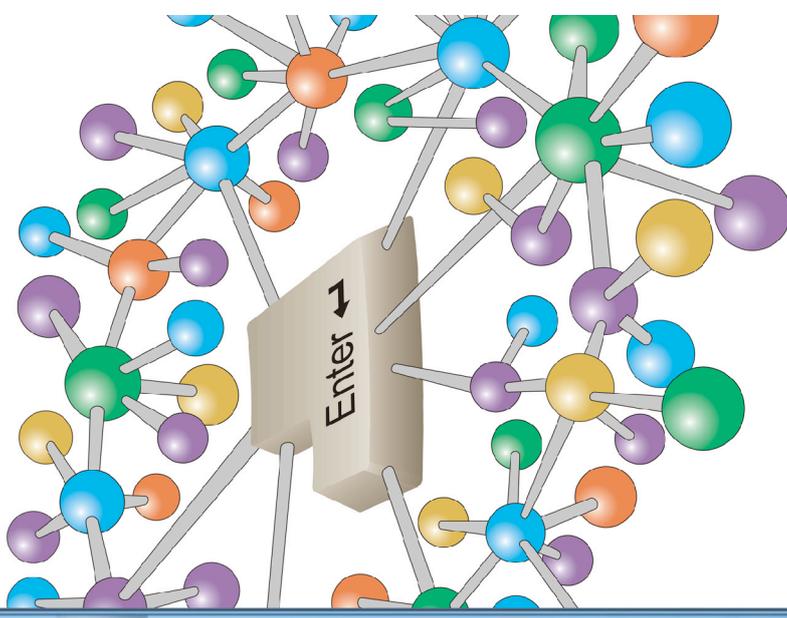
You can find information about your national node from the EMBnet site:

<http://www.embnet.org/>

A Quick Guide To EMBOSS  
First edition © 2004

# A Quick Guide EMBOSS

EMBnet



# A Quick Guide To EMBOSS

<http://www.emboss.org>

This is a Quick reference Guide for EMBOSS version 2.8.0



Rice, P. Longden, I. and Bleasby, A. (2000) "EMBOSS: The European Molecular Biology Open Software Suite". *Trends in Genetics* 16(6):276-277.

## Introduction

EMBOSS (European Molecular Biology Open Software Suite) is a freely available suite of programs and libraries for sequence analysis. It incorporates many tools originating from the EGGC package created in 1988. All EMBOSS programs are designed to run on a UNIX command-line or behind graphical interfaces (e.g. Jemboss, wEMBOSS).

## Obtaining EMBOSS

To install EMBOSS: download the current version from <ftp://ftp.uk.embnnet.org/pub/EMBOSS/EMBOSS-2.8.0.tar.gz>, then follow the instructions at: <http://www.rfcgr.mrc.ac.uk/software/EMBOSS/download.html>

## Graphical User Interfaces

There are a number of graphical interfaces to EMBOSS: <http://www.rfcgr.mrc.ac.uk/software/EMBOSS/interfaces.html>

Jemboss is a java interface and is distributed with EMBOSS. If you are installing with the Jemboss interface you should use the installation script in the `EMBOSS-x.x.x/jemboss/utills` directory. Instructions for Jemboss installation are given at: <http://www.rfcgr.mrc.ac.uk/software/EMBOSS/jemboss>

## Support and Mailing lists

The mailing list [emboss@embnet.org](mailto:emboss@embnet.org) is used for discussions of user problems. To subscribe to this list, send a mail to [majordomo@embnet.org](mailto:majordomo@embnet.org) with the message text: `subscribe emboss`. The mailing list archive is: <http://www.rfcgr.mrc.ac.uk/Emboss/HYPERMAIL/emboss>

Please send bug reports to [emboss-bug@embnet.org](mailto:emboss-bug@embnet.org)

## Help on a program

A program can be found using a keyword search of the description of all the programs by running the EMBOSS application `wosname`.

`wosname keyword` displays list of all programs with keyword in description

`wosname -alphabetical -auto` displays a list of all programs

`programname -help` gives the available parameters for the `programname`

`tfm programname` displays the documentation of `programname`

Documentation is also given online at: <http://www.rfcgr.mrc.ac.uk/software/EMBOSS/Apps>

## Sequence formats

Sequences are stored in databases or in files as simple text. EMBOSS does not support sequences in word-processor files! The default sequence file format is **fasta**. This format has an initial title line consisting of a "`>`" followed by the sequence description on the first line. The second and subsequent lines contain the sequence, e.g.:

```
>fa0 Human FAU gene fragment
GACCGCCAGGAAACGGCATGTAGCCTCACTGGAGGCGCATTCGCCCGGA
AGATCAAGT
```

EMBOSS currently supports 42 formats, including: **Clustal**, **EMBL**, **GCG**, **Genbank**, **PIR**, **MSF**, **Phylip**, **SwissProt**, **Text (raw)**.

The default output can be altered for all programs by an environment setting:

```
setenv EMBOSS_OUTFORMAT format
```

## Alignment Formats

Several formats have been written or adopted for EMBOSS output.

## Multiple Alignment

`simple` Displays names, positions and sequences, markup line underneath [default]

`fasta` Standard fasta display. Gaps displayed as "`-`"

`msf` Standard MSF format. Gaps displayed as "`."` for intrinsic and for terminal ones

`srs` Similar to simple. No markup line

`trace` Verbose form for de-bugging

## Pairwise Alignment

`pair` Simple format for pairwise output [default]

`markx` Standard output from FASTA program suite

`srspair` Similar to pair format

`score` Score output. No sequence display

Any program derived from Bill Pearson FASTA suite of programs has a `markx` default format.

`-aformat` Alters output format

`-awidth` Displays alignment width

`-ausashow` Displays the full USA (see below) in the alignment

## Feature Formats

`gff` General Feature format defined by the Sanger Institute [default]

`embl` Feature table used by EMBL database (em)

`swissprot` Feature table used by SwissProt database (swiss) (sw)

`-ufo` UFO (uniform features object) features

`-fformat` Opens features format

These flags can be applied to the output by using "`o`" as a prefix, e.g. `-oufo`

`-fbegin` Specifies first position

`-fend` Specifies final position

`-freverse` Reverses features (DNA only)

## Graphic Formats

`-graph` Static graphics using PLP plot. Output as

X11 [default], PNG, ps, tektronics amongst others

## Sequence Databases

Your local EMBOSS installation may have many sequence databases set up. The program `showdb` will indicate the available databases.

## Uniform Sequence Address (USA)

A USA is an unambiguous means of specifying sequences in EMBOSS. It has the following syntax:

```
format::database:entry
```

Only raw (text) or IntelliGenetics format need to be specified. EMBOSS identifies the rest automatically.

You may also use:

`filename` all sequences in a file

`filename:entry` an entry in a file

`@listfilename` a list file (see below)

`asis::ACGACTGACGG` a specific short sequence

The entry can include `*` characters for wildcard matches of several entries and sequence may be specified by adding `[start:end:rev]` positions to the USA. The rev keyword will reverse complement a DNA sequence. Command lines using these characters must be encased in double quotes :

-D [integer] DB genetic code (def = 1).  
 -M [string] matrix (def = BLOSUM62).  
 -T [T/F] produces HTML output (def = F).  
 -U [T/F] uses lower case filtering (def = T) Obs.: T = any lower-case letter in input FASTA file should be masked.

### Position Specific Iterated BLAST

PSI-BLAST is a variant of blast that searches a query against a database using a position-specific scoring matrix created by PSI-BLAST. First run **blastpgp** to create and save a position-specific scoring matrix, then run **blastpgp** again to search iteratively with the previously saved matrix. e.g.,

```
blastpgp -i ff.chd -d yeast -c ff.chd.cfp
blastpgp -i ff.chd -d nr -j 3 -R ff.chd.cfp
```

### Select blastpgp arguments for PSI-BLAST:

-j [integer] maximum number of iterations (def = 1).  
 -h [number] E-value threshold for including sequences in the score matrix model (def = 0.001).  
 -C [file out] stores the query and frequency count ratio matrix in a file (opt).  
 -Q [file out] output file for PSI-BLAST matrix in ASCII (opt).  
 -R [file in] restarts from a file stored previously with -C.  
 -B [file in] input alignment for restart.

### Pattern-Hit Initiated BLAST

PHI-BLAST is a search program that combines the matching of regular expressions with local alignments surrounding the match. E.g.,

```
blastpgp -i query.file -k pattern.file -p patseedp
```

### Select blastpgp arguments for PHI-BLAST:

-i [file in] input sequence file in FASTA format.  
 -k [file in] pattern (syntax follows the PROSITE conventions).  
 -p [string] usage mode (def = blastpgp). Obs: use 'patseedp', if pattern occurs only once, and 'seedp', if it occurs more than once per protein.

Obs.: You can integrate a PSI-BLAST search after the PHI-BLAST search, using the argument "-j": E.g.,

```
blastpgp -i query -k pattern -p patseedp -j 2
```

### Mega BLAST

Mega BLAST uses a greedy algorithm optimized for aligning sequences that differ slightly as a result of sequencing or other similar «errors». When a larger word size is used, it is up to 10 times faster than more common sequence similarity programs. It is also able to efficiently handle much longer DNA sequences than the blastn program.

### Select megablast arguments:

-D [integer] type of megablast output (def = 0 = alignment endpoints and score; 1 = all unaligned segments endpoints; 2 = traditional BLAST output; 3 = tab-delimited one line format).  
 -M [integer] maximal total length of queries for a single search (def = 20000000).  
 -f [T/F] shows full Ids in the output (def = F, only GIs or accessions).  
 -p [real] identity percentage cut off (def = 0).  
 -s [integer] minimal hit score to report (def = 0).

### To compare two sequences

**bl2seq** performs a pairwise comparison between two sequences.

### Select bl2seq arguments:

-i [file in] first sequence.  
 -j [file in] second sequence.  
 -p [string] program name (as in blastall; def = blastp).  
 -o [T/F] alignment output (def = stdout).  
 -G [integer] cost to open a gap (def = 0; zero invokes default behavior).  
 -E [integer] cost to extend a gap (def = 0; zero invokes default behavior).  
 -W [integer] wordsize (def = 0; zero invokes default behavior).  
 -M [string] matrix (def = BLOSUM62).  
 -F [string] filters query sequence (def = T).  
 -e [real] expectation value E (def = 10.0).  
 -t [T/F] produces HTML (def = F).

This document was written and designed by Eduardo Fernandes Formighieri with the help of Marcos Renato R. Araújo, Marcelo Falsarella Carazzolle and Gonçalo A. Guimarães Pereira from the Brazilian EMBnet node and distributed by the P&PR Publications Committee of EMBnet.

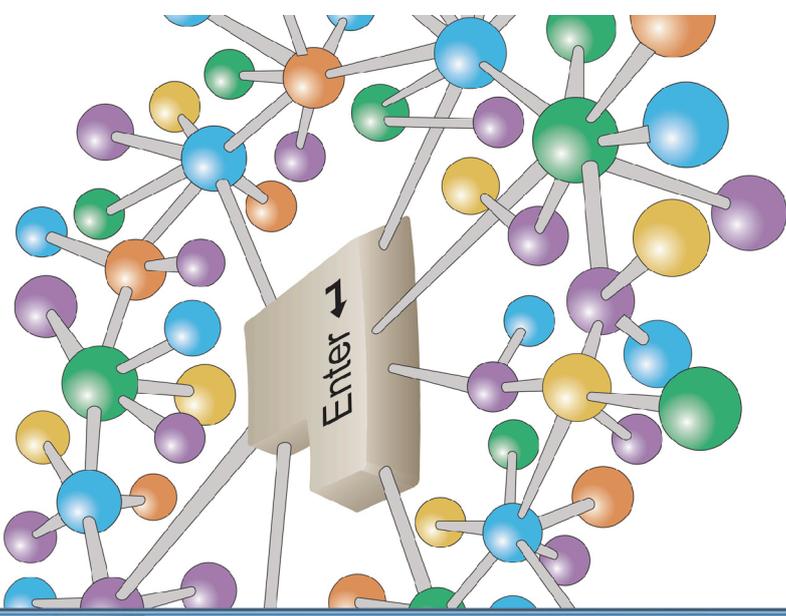
EMBnet – European Molecular Biology network – is a network of bioinformatics support centers situated primarily in Europe. Most countries have a national node, which can provide training courses and other forms of help for users of bioinformatics software.

<http://www.embnet.org/>

A Quick Guide to NCBI Blast  
 First edition © 2004

# A Quick Guide BLAST

EMBnet



# A Quick Guide to the NCBI Blast

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast>

Blast (**B**asic **L**ocal **A**lignment **S**earch **T**ool) is a sequence comparison algorithm optimized for speed and used to search sequence databases for optimal local alignments to a query. The NCBI implementation was established by the National Center for Biotechnology Information. The program can be used through the NCBI site or can be installed locally (stand alone blast).

This guide doesn't replace the entire documentation for Blast but can be used as a reference.

## Where to start?

For beginners we suggest to first read the documentation of the Blast related to similarity searching (see link below). Other useful pages are available by following the links at the top of this page.

E.g., the glossary and the tutorials:

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/education/BLASTinfo/similarity.html>

## Program selection – web interface options

**BLASTN** – used to search nucleotide databases with a nucleotide query sequence.

**MEGABLAST** – a version of BLAST specially designed to efficiently find very similar sequences in a database.

**Discontiguous MEGABLAST** – a version of MEGABLAST used to identify similar but not identical nucleotide sequences.

**Search for short nearly exact matches** – used to search for primer or short nucleotide motifs in nucleotide sequences or short peptides in protein sequences.

**BLASTP** – used to search protein databases with a protein query sequence.

**PSI-BLAST** (Position-Specific Iterated BLAST) – used to search protein databases with increased sensitivity potentially locating distant homologies. A position-specific scoring matrix is created after each iteration using the selected results from the previous search.

**PHI-BLAST** (Pattern-Hit Iterated BLAST) – a version similar to PSI-BLAST, but including a user-defined pattern limiting the output to sequences matching the pattern. The patterns must follow the pattern syntax conventions from PROSITE.

**BLASTX** – makes a six-frame nucleotide query search against a protein database, finding proteins similar to those encoded by the query. Useful when the reading frame of the query is unknown or when it contains errors that may lead to frame shifts.

**TBLASTN** – makes a protein query search against a dynamically translated nucleotide database. Useful when searching for a specific protein against an unannotated nucleotide database, like HTGs or ESTs databases.

**TBLASTX** – searches all six-frame query translations against all six-frame database translations. Effectively performs a more sensitive blastp search without doing manual translations.

## CDD-Search (Conserved Domain Database Search)

– used to identify conserved protein domains.

**CDART** (Conserved Domain Architecture Retrieval Tool)

– explores the domain architectures of proteins.

**Blast 2 sequences** – direct comparison of two sequences.

**VecScreen** – screens DNA sequence queries for vector contamination using a database of known vectors.

## Main databases (available at NCBI)

**Protein** *nr* (non-redundant + PDB + SwissProt + PIR + PRF), *swissprot* (latest major release of the SWISS-PROT); *pat* (proteins from patent division of GenBank); *month* (new data released in the last 30 days); *pdb* (3-dimensional structure records from Protein Data Bank).

**Nucleotide** *nr* (GenBank + EMBL + DDBJ + some PDB); *est* (GenBank + EMBL + DDBJ from EST division); *pat* (nucleotides from patent division); *pdb* (3-dimensional structure records); *month* (new data released in the last 30 days); *chromosome* (complete genomes and chromosomes); *est human* (human subset of EST); *est mouse* (mouse subset of EST); *est others* (subset of EST other than human or mouse); *gss* (Genome Survey Sequence); *higs* (Unfinished High Throughput Genomic Sequences); *altu repeats* (select Alu repeats from REPBASE); *dbsts* (STS division + EMBL + DDBJ); *wgs* (assemblies of whole genome shotgun sequences).

## LOCAL BLAST INSTRUCTIONS

### Format source databases

**formatdb** formats protein or nucleotide source databases before they can be searched by blastall, blastpgp or megablast. The source database may be in either FASTA or ANS.1 format.

*Selected formatdb arguments:*

-t [string] title for database (opt).

-i [file in] input file for formatting.

-l [file out] logfile name (opt; def = formatdb.log).

-p [T/F] type of file (opt; T = protein (def); F = nucleotide).

-o [T/F] parse options (opt; T = parse SeqID and create indexes; F = no parse, no indexes (def)). Obs.: the first word on the fasta definition line should be a unique identifier (SeqID).

-v [integer] size of the volume in millions of letters (opt; def = 0). Obs.: This option breaks up large FASTA files into 'volumes' (each with a maximum size of 2 billion characters). I.e.: -v 2000.

-n [string] base name for BLAST files (opt).

## Fasta from databases

**fastacmd** retrieves FASTA formatted sequences from a BLAST database, if it was formatted using the '-o' option.

*Selected fastacmd arguments:*

-d [string] database (def = nr).

-s [string] search string.

-i [string] input file with GIs/accessions/locuses for batch retrieval (opt).

-l [integer] line length for sequence (def = 80, opt).

## Stand-alone blast

**blastall** performs all five flavors of blast comparison. *Selected blastall arguments:*

-p [string] program name (input should be one of "blastp", "blastn", "blastx", "tblastn" or "tblastx").

-d [string] database (def = nr). Obs.: Multiple database names will be accepted if quoted. E.g., -d "nr est".

-i [file in] query file (def = stdin). Obs.: Query should be in FASTA format. If multiple FASTA entries are in the input file, all queries will be searched.

-e [real] expectation value threshold (def = 10.0).

-o [file out] BLAST report output file (opt; def = stdout).

-F [string] filter query sequence (def = T). Obs.: T = DUST for blastn or SEG for others, and F = no filtering.

To change SEG options, use: -F "s 10 1.0 1.5", where 10 = window value, 1.0 = low cut and 1.5 = high cut.

For coiled-coil filter: -F "c 28 40.0 32", where 28 = window, 40.0 = cut off and 32 = linker.

To use both SEG and coiled-coil: -F "c;s".

number of alignments (def = 250).

-v [integer] number of one-line description (def = 500).

-Q [integer] query genetic code (def = 1).