

ACADEMIA DE CIENCIAS DE MORELOS, A.C.



La Ciencia, desde Morelos para el mundo

¿Comentarios y sugerencias?, ¿Preguntas sobre temas científicos? CONTÁCTANOS:
edacmor@ibt.unam.mx

La ciencia genómica desde tu computadora

Iván Fernández Cruz
Estudiante de la Licenciatura
en Ciencias (área terminal en
Bioquímica y Biología Molecular),
Facultad de Ciencias, Universidad
Autónoma del Estado de Morelos (
fci@uaem.mx)

Raúl Arredondo Peter
Laboratorio de Biofísica y Biología
Molecular, Facultad de Ciencias,
Universidad Autónoma del
Estado de Morelos. Miembro de la
Academia de Ciencias de Morelos
(ra@uaem.mx)

Hoy en día los términos ADN (o Ácido Desoxirribonucleico) y genómica están en boca de todos. Pero, realmente ¿qué son?, ¿qué implican? y ¿para qué sirven? En términos sencillos, la genómica es una rama de las ciencias biológicas que se dedica al estudio de la estructura, función y evolución del genoma de los seres vivos. El genoma es la información genética de un organismo, y está formado por el ADN (aunque el genoma de algunos virus está formado por ARN, o Ácido Ribonucleico). En 1953, Watson y Crick descubrieron la estructura del ADN, lo cual permitió el desarrollo vertiginoso de la biología molecular, que, a la postre, permitiría el surgimiento de las ciencias genómicas. El ADN está formado por cuatro tipos de monómeros, llamados nucleótidos, que se conocen como Adenina, Timina, Citosina y Guanina, los cuales se representan con las letras A, T, C y G, respectivamente.

En sus inicios, el objetivo primordial de las ciencias genómicas fue conocer la secuencia completa de nucleótidos que forman el ADN (o genoma) del ser humano. El interés radica en que la secuencia del ADN contiene, entre otras cosas, la información para que se sinteticen las proteínas necesarias para que un organismo funcione correctamente. A su vez, las proteínas están formadas por secuencias de 20 monómeros distintos llamados aminoácidos, los cuales se representan con letras diferentes (por ejemplo, los aminoácidos histidina, lisina y fenilalanina se representan con las letras H, K y F, respectivamente).

Cuando se secuencia el genoma de un organismo se obtienen cantidades inmensas de información, en la forma de nucleótidos (A, T, C o G), las cuales se depositan de forma ordenada en las "bases de datos". Las bases de datos están a la disposición

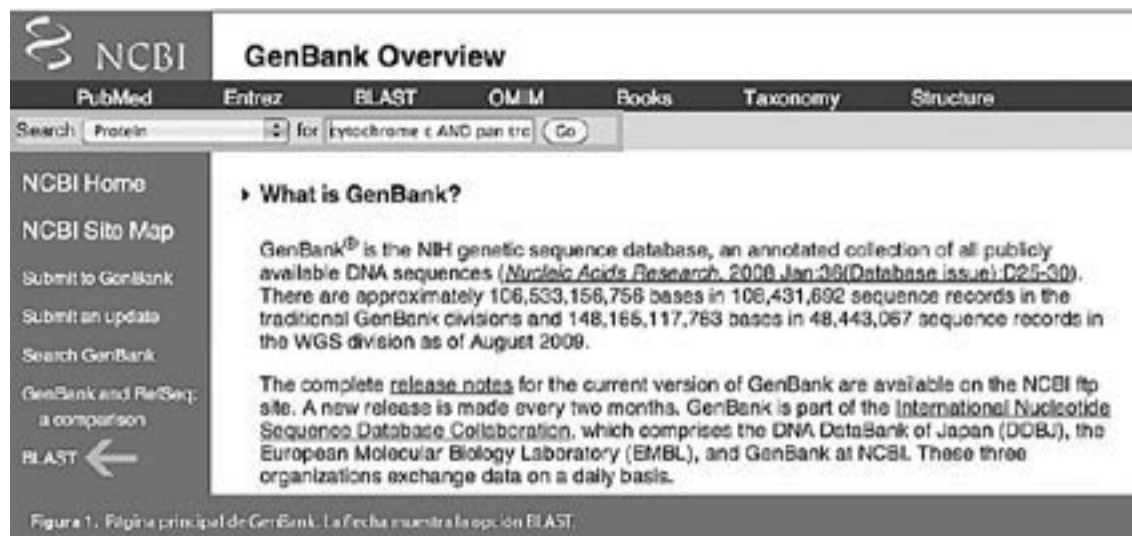


Figura 1. Página principal de GenBank. La flecha muestra la opción BLAST.

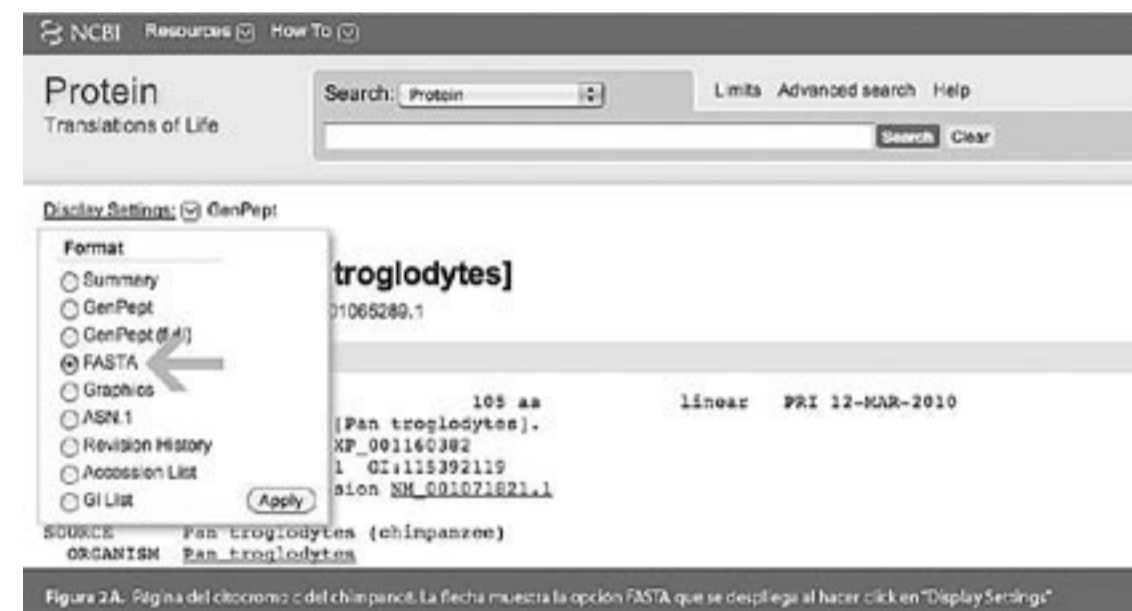


Figura 2A. Página del citocromo c del chimpancé. La flecha muestra la opción FASTA que se despliega al hacer click en "Display Settings".

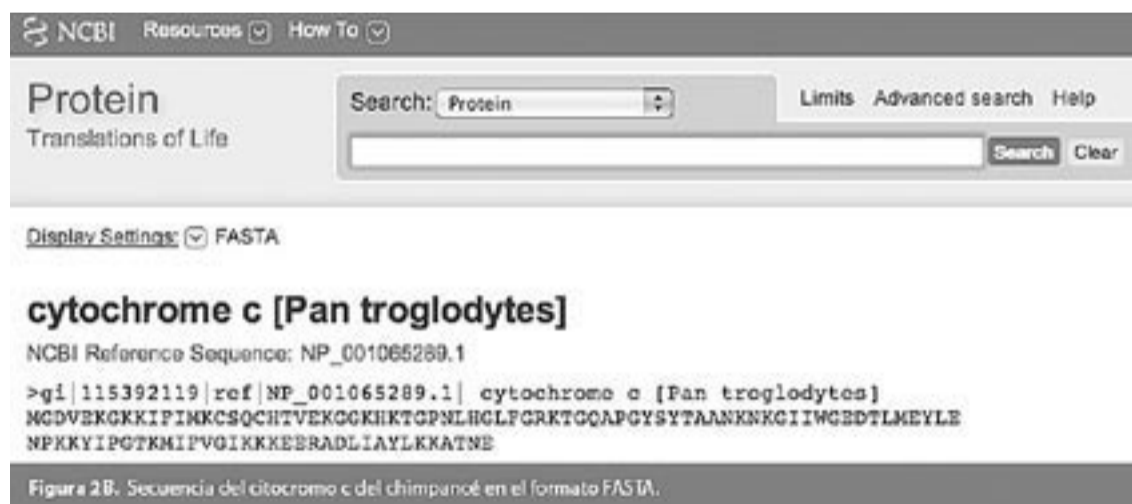


Figura 2B. Secuencia del citocromo c del chimpancé en el formato FASTA.

del público en general a través del internet, así que cualquiera de nosotros con acceso a una computadora conectada a internet puede ingresar a las bases de datos para conocer y utilizar la información que contienen. Una de las bases de datos más consultada es la que se conoce como GenBank, la cual se localiza en el Centro Nacional de Información Biotecnológica de los Estados

Unidos de América, aunque también existen otras alrededor del Mundo. GenBank alberga, entre sus diferentes datos, decenas de millones de secuencias de ADN y proteínas, desde los virus y las bacterias hasta los organismos superiores, como el ser humano. Estas secuencias las depositaron diversos laboratorios alrededor del mundo, incluyendo a algunos que se encuentran en nues-

tro país. El lector puede acceder, de manera gratuita, a la base de datos GenBank, a través de la dirección <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/GenBank/>. Entre sus herramientas, GenBank contiene programas que permiten realizar análisis de diversa índole. Por ejemplo, el programa BLAST permite comparar dos o más secuencias de proteínas o ADN con el fin de observar las similitudes y



Figura 3. Página principal de BLAST. La flecha muestra la opción "protein blast".

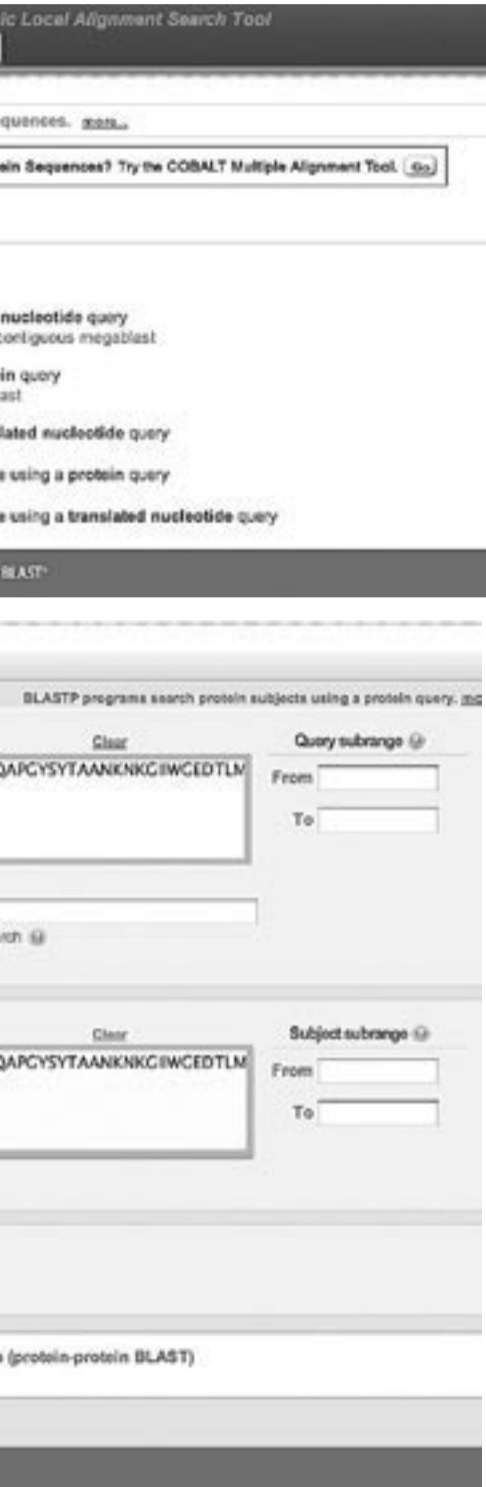


Figura 4. Página principal de "protein BLAST".

diferencias, o grado de parentesco, que existe entre ellas.

GenBank contiene otro programa que se llama *Covalt*, el cual permite utilizar secuencias de proteínas para realizar estudios evolutivos, es decir, de parentesco molecular por descendencia. En términos generales, *Covalt* alinea la secuencia de aminoácidos de dos o más proteínas, es decir, las compara una contra la otra, y las agrupa de acuerdo con su similitud. Esto ha permitido utilizar proteínas para conocer la historia evolutiva de los organismos. Un ejemplo es la hemoglobina. Esta proteína transporta el oxígeno a través de la sangre a todo el cuerpo, y se conoce desde las bacterias hasta los mamíferos. De esta manera es posible comparar la secuencia de aminoácidos de hemoglobinas muy

ACADEMIA DE CIENCIAS DE MORELOS, A.C.



antiguas, como las bacterianas, con otras recientes, como las del ser humano, e identificar los cambios estructurales y funcionales que sucedieron en estas proteínas a lo largo de más de 3,000 millones de años de evolución.

A continuación se ilustrará, con un ejemplo, el uso de la información y las herramientas informáticas que contiene *GenBank*. Seguramente el lector ha escuchado o leído sobre nuestro parentesco cercano con los primates, como el chimpancé, orangután y gorila. Pero, ¿alguna vez se ha preguntado si el parentesco va más allá del parecido físico? El análisis de las secuencias en las bases de datos permite obtener una respuesta. Esta no es una tarea que sólo los científicos pueden realizar, sino el público en general mediante el uso de las bases de datos, como *GenBank*. Realicemos un ejercicio que nos permitirá conocer el parentesco molecular del ser humano con otros primates. La proteína a utilizar es el citocromo c, la cual se distribuye ampliamente en los seres vivos, y su función principal radica en la producción de energía. En este ejercicio se comparará la secuencia del citocromo c del chimpancé y la del ser humano, cuyos nombres científicos son *Pan troglodytes* y *Homo sapiens*, respectivamente. El lector puede acceder a la página de *GenBank* usando la dirección <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/>. En el recuadro "search" se elige la opción "protein" y en el recuadro "for" se escribe "cytochrome c AND pan troglodytes" (Figura 1) y se da click en "GO". Posteriormente aparece una ventana que contiene el resultado de la búsqueda. Se da click en la leyenda que dice "cytochrome c [Pan troglodytes]", y aparecerá una ventana que muestra, entre varias cosas, la secuencia de la proteína, esto es, los

aminoácidos que forman al citocromo c del chimpancé representados con letras del alfabeto (por ejemplo, MGDV, en donde cada letra es un aminoácido). Posteriormente, se da click en la opción que dice "display settings", se selecciona "FASTA" y se da clic en "apply" (Figura 2A), lo que permite visualizar únicamente la secuencia de la proteína (Figura 2B). A continuación se obtiene la secuencia del citocromo c del ser humano. Se abre una ventana nueva para la página de *GenBank*, en el recuadro "search" se elige la opción "protein", en el recuadro "for" se escribe "cytochrome c AND homo sapiens" y se da click en "GO". Aparecerá una ventana con los resultados de la búsqueda, se da click en el primero, es decir, el que dice "cytochrome c [Homo sapiens]", y se desplegará una ventana similar a la que se obtuvo para el citocromo

c del chimpancé. Posteriormente se da click en "FASTA" para desplegar la secuencia de la proteína del citocromo c del ser humano. Ahora el lector tiene las secuencias de los citocromos c del chimpancé y el ser humano. A continuación las comparamos entre sí con la ayuda del programa *BLAST*. Para este fin, se abre una ventana y se accede una vez más a la página de *GenBank*, se da click en "BLAST" (Figura 1), aparece una ventana nueva y se da click en "protein blast" (Figura 3). Aparecerá una ventana en donde es necesario pegar en el recuadro vacío la secuencia de la proteína del chimpancé (Figura 4). Posteriormente se selecciona en la misma página la opción "Align two or more sequences" y aparecerá otro recuadro vacío en donde se pega la secuencia de la proteína del ser humano. Se da click en "BLAST", y al cabo de

unos segundos aparecerá una página con varios datos. Sin embargo, lo que nos interesa por ahora es la parte superior de la página en donde dice "Alignments" (Figura 5). En esta parte aparecen las dos secuencias alineadas (es decir, una sobre la otra). Al comparar, posición por posición, los aminoácidos de las secuencias alineadas es posible observar que no hay diferencias entre los citocromos c del chimpancé y el ser humano. Por lo tanto, al nivel de la secuencia de aminoácidos del citocromo c, somos idénticos al chimpancé.

Invitamos al lector a que, desde su hogar, salón de clases o un café internet ingrese a *GenBank*, explore y maneje la información que contiene, se plantee una pregunta e intente responderla mediante el uso de esta base de datos. Esto le permitirá formar parte de la era genómica.

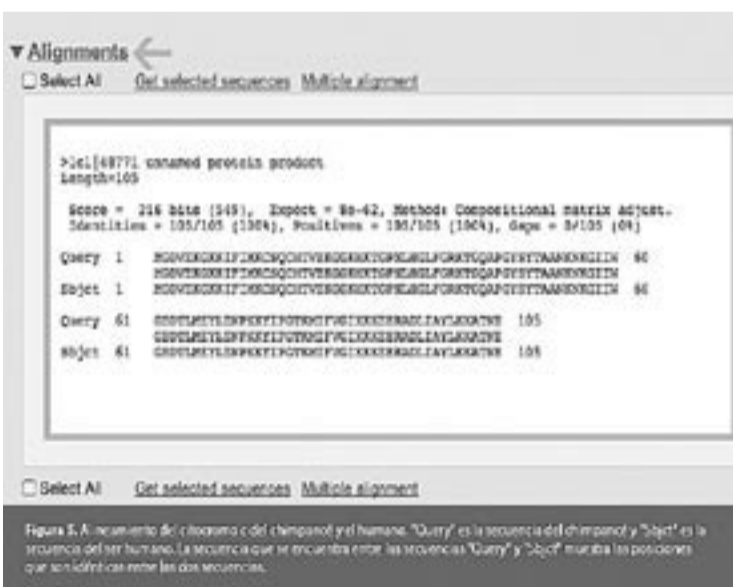


Figura 5. Alineamiento del citocromo c del chimpancé y el humano. "Query" es la secuencia del chimpancé y "Subject" es la secuencia del ser humano. La secuencia que se encuentra entre las secuencias "Query" y "Subject" muestra las posiciones que son idénticas entre las dos secuencias.

Para actividades recientes de la Academia y artículos anteriores puede consultar: www.acmor.org.mx






XXI Congreso de Investigación CUAM-ACMor

RESULTADOS NIVEL PREPARATORIA FÍSICO-MATEMÁTICAS



PRIMER LUGAR

Péndulo para ilustrar la ley de Faraday: variación de la fuerza electromotriz y mecánica al cambiar el número de espiras en una bobina

AUTORES:

Ariadna Murguía Berthier, Gina Kuperstein Blasco, Ramón Trespalacios Fernández y Gabriel Barakat Zacarías

ESCUELA: Colegio Marymount. Cuernavaca, Morelos

ASESORES: Dr. Enrique Galindo Fentanes y Dr. Jaime de Urquijo Carmona

MENCIÓN HONORÍFICA

Ósmosis

AUTORES:

Renata Salcedo Sánchez y Evelyn Mariana Meléndez Contreras

ESCUELA: Escuela Nacional Preparatoria, Plantel No. 1 "Gabino Barreda." México, D.F.

ASESOR: Juventino Meléndez Marcos

Evaluación de la corrosión atmosférica en cinco sitios de Cuernavaca

AUTORES:

Anna Zisa Covarrubias, Cecilia Altschuler del Valle, Pamela Rodríguez Salgado y Paulina Sosa Vidal

ESCUELA: Colegio Marymount. Cuernavaca, Morelos

ASESORES: Dr. Enrique Galindo Fentanes y Dr. Jorge Uruchurtu Chavarrín

Teselaciones: una investigación que nos hizo la vida de cuadritos...

AUTORES:

Christel De Ajuria Montaño y Ana Paola Odiardi Ortega

ESCUELA: Colegio Alemán Alexander von Humboldt. México, D.F.

ASESOR: Dr. Carlos Prieto de Castro



Los ganadores de todas las categorías pueden ser consultados en: www.acmor.org.mx