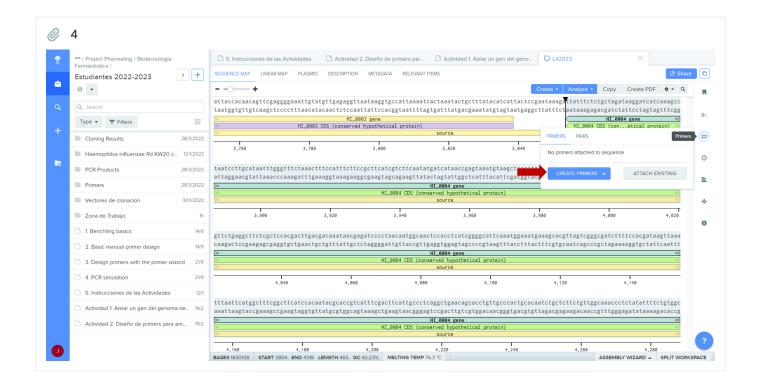
Actividad 2. Diseño de primers para amplificar un fragmento de DNA (JAC)

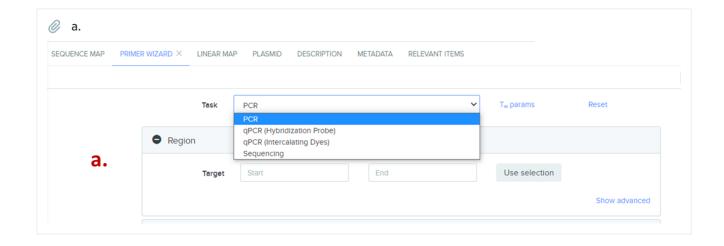
DOMINGO, 19/2/2023

Este cuaderno de actividades te explicará como diseñar primers para amplificar un fragmento de DNA especifico.

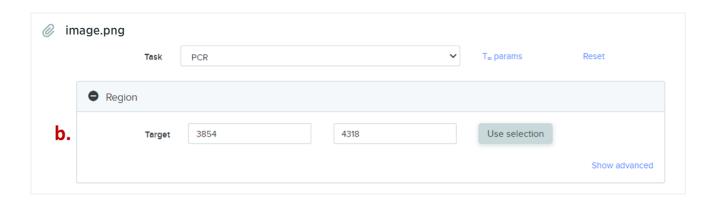
- 1. Haz click derecho en la Actividad 2 y cópiala en tu carpeta. Este paso lo repetirás con todas las actividades.
- 2. Todos los grupos de investigación han recibido la información del gen sobre el que van a trabajar además de una muestra de DNA genómico (gDNA) del patógeno. El siguiente paso es amplificarlo mediante PCR para obtener el material necesario para su clonación. Tener una muestra de gDNA permite trabajar de forma segura sin exponerse al patógeno. Abre el genoma de Haemophilus Influenzae y lee el documento asociado. Busca el gen que se te ha asignado para trabajar con él usando la función lupa.
- 3. Selecciona el gen que te corresponde y veras como su secuencia se resalta.
- 4. Haz click en primers para empezar su diseño.



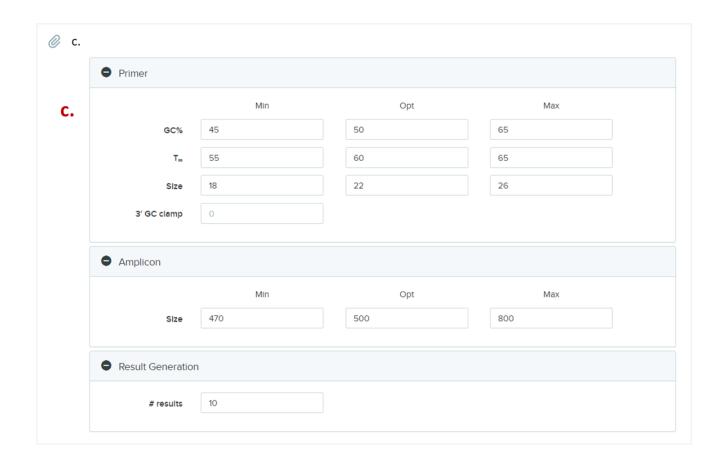
- 5. Usa la opción **wizard** (mago) para el diseño y el programa lo hará automáticamente. Tan solo tendremos que completar algunos parámetros en la ventanas emergentes. También lo puedes hacer manualmente si quieres.
 - a. Selecciona PCR en la tarea a realizar



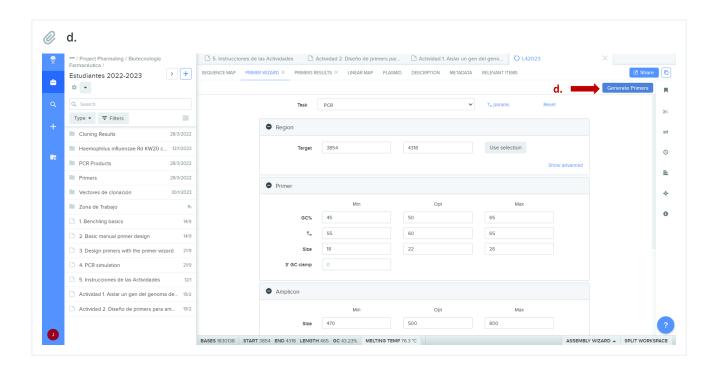
b. El fragmento a amplificar está seleccionado por lo que usaremos esa selección para el diseño de primers. "Click en Use Selection".



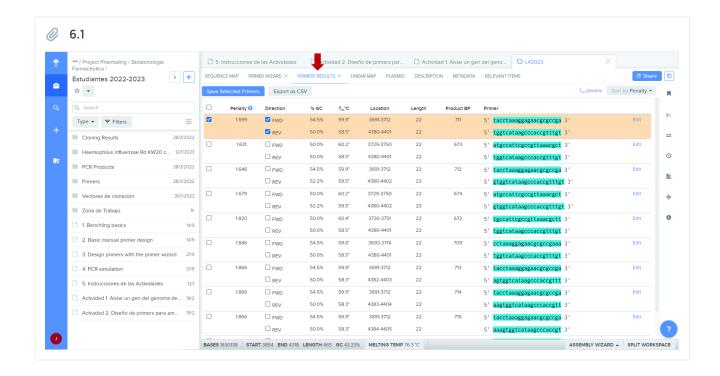
c. Los **parámetros de los primers** están en la imagen de aquí abajo. **Completa los valores** en sus ventanas. Asegúrate que el amplicon, fragmento que se amplifica, tenga los tamaños adecuados. El **mínimo** debe ser el tamaño de tu gen, el **óptimo** debe ser un poco mas grande que el tamaño de tu gen y el **máximo** debe ser **200 pb** más que tu gen.

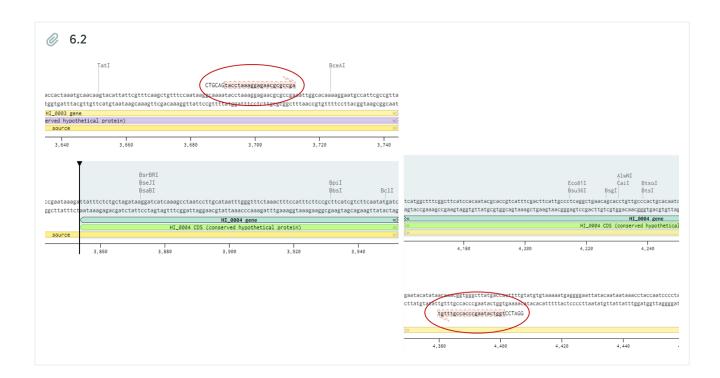


d. Una vez completado los parámetros podemos generar los primers.

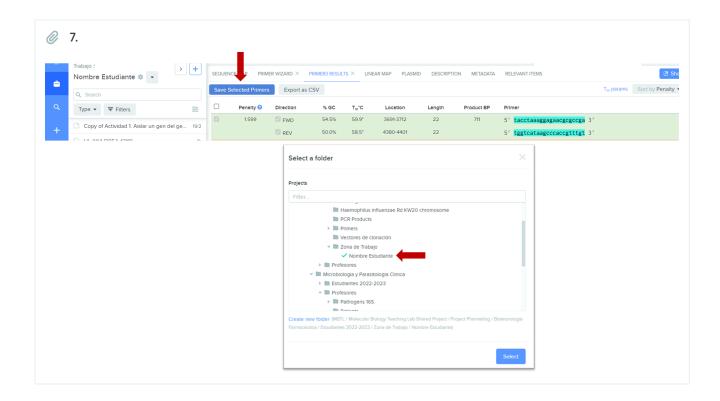


6. Después de unos segundos (**espera** a que aparezca el resultado), se abrirá una nueva ventana con los primers diseñados por el programa. Si el resultado no muestra primers, aumenta el tamaño **máximo** del **amplicón.** Selecciona la primera pareja (Imagen 6.1) y asegúrate que flanquean la secuencia de tu gen. Para ello ve a la **ventana del mapa de la secuencia** y mira donde están los primers que aparecen **como flechas de líneas discontinuas** (Imagen 6.2).





7. Si la localización de tus primers es correcta puedes guardarlos en tu carpeta.



8. Cambia los nombres de los primers para que sean mas informativos: "ID del gen_FWD" y "ID del gen_REV".

Completa la tabla

Tabla	2					
	А	В	С	D	Е	F
1	Nombre del Grupo de Trabajo	Nombre del Primer	Secuencia del primer	Posicion del primer	GC%	Tm
2						
3						

Has completado con éxito la actividad 2.

Si has visto errores en las actividades o piensas que algo no queda claro, toma nota y compártelo con el profesor.