



Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey

Investigación en Bioinformática

Maximiliano Macotella Nava
Luz Karen Hernández Hernández
Andrés Serrato Barrera
Julio Rodríguez Salcedo
César David Rosales Álvarez
Jim Kevin Holguín Rodríguez

Matrícula: A01366347, A01275802, A01701263, A01635920, A01368386, A01411784

Métodos Numéricos
Mtro. Adolfo Centeno T
14 de septiembre de 2021

A01366347@itesm.mx , A01275802@itesm.mx , A01701263@itesm.mx ,
A01635920@itesm.mx , A01368386@itesm.mx , A01411784@itesm.mx

Introducción

La siguiente práctica consiste en una breve investigación acerca del sequence viewer de MatLab y cómo es que se puede visualizar la secuencia de un nucleótido. El software MATLAB accede a la base de datos NCBI en la Web, carga la información de la secuencia de nucleótidos para el número de acceso que ingresó y calcula algunas estadísticas básicas.

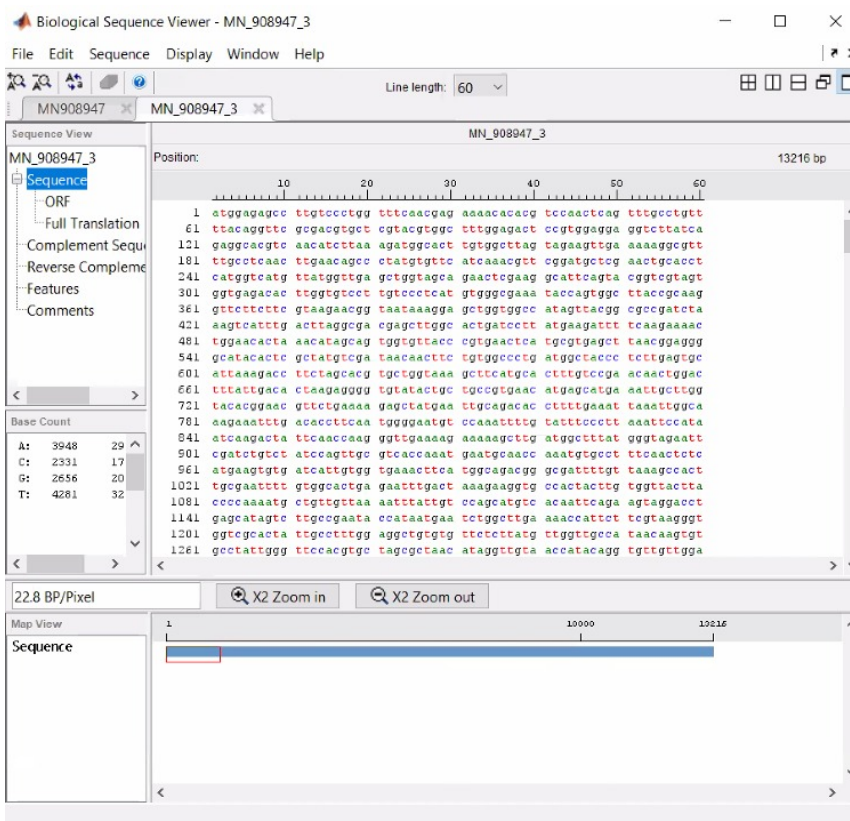
El primer paso al analizar una secuencia de nucleótidos o aminoácidos es importar la información de la secuencia al entorno MATLAB. Sequence Viewer puede conectarse a bases de datos web como NCBI y EMBL y leer información en el entorno MATLAB.

El siguiente procedimiento ilustra cómo recuperar información de secuencia de la base de datos NCBI en la Web.

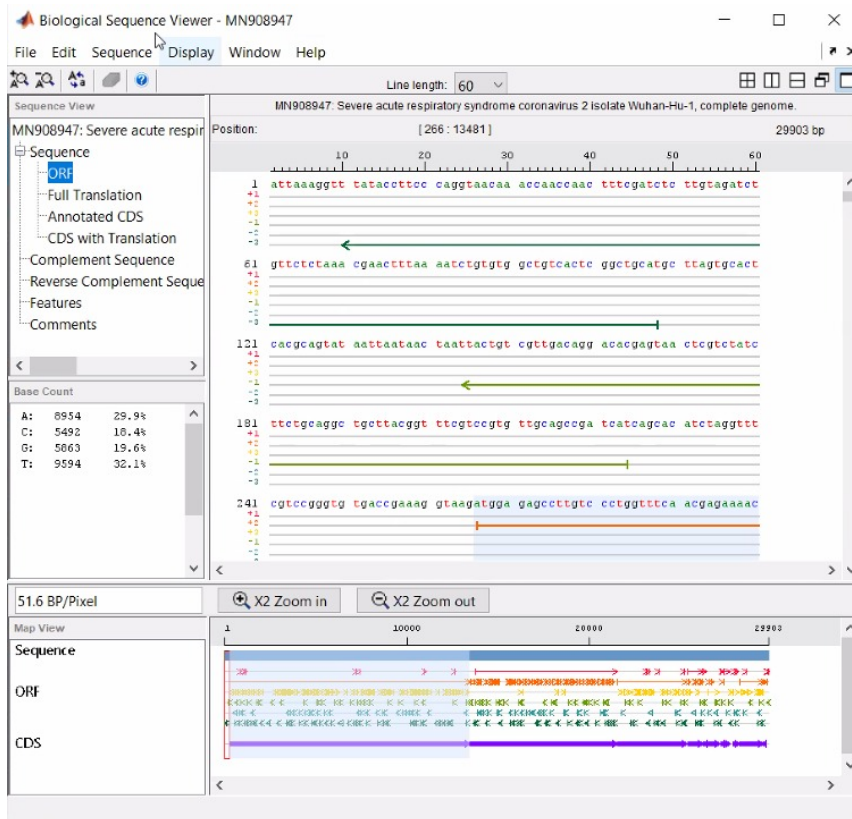
Procedimiento:

1. En la ventana de comandos de MATLAB, escriba seq viewer. Alternativamente, haga clic en Visor de secuencias en la pestaña Aplicaciones. El Visor de secuencias se abre sin una secuencia cargada. Observe que los paneles de la derecha y la parte inferior están en blanco.
2. Para recuperar una secuencia de la base de datos de NCBI, seleccione Archivo> Descargar secuencia de NCBI. Se abre el cuadro de diálogo Descargar secuencia de NCBI.
3. En el cuadro "Ingresar secuencia", ingrese un número de acceso para una entrada de la base de datos NCBI, por ejemplo, NM_000520. Haga clic en el botón de opción Nucleótido y luego haga clic en Aceptar. El software MATLAB accede a la base de datos NCBI en la Web, carga la información de la secuencia de nucleótidos para el número de acceso que ingresó y calcula algunas estadísticas básicas.

Luego de seguir los pasos anteriores logramos llegar a los siguientes resultados:



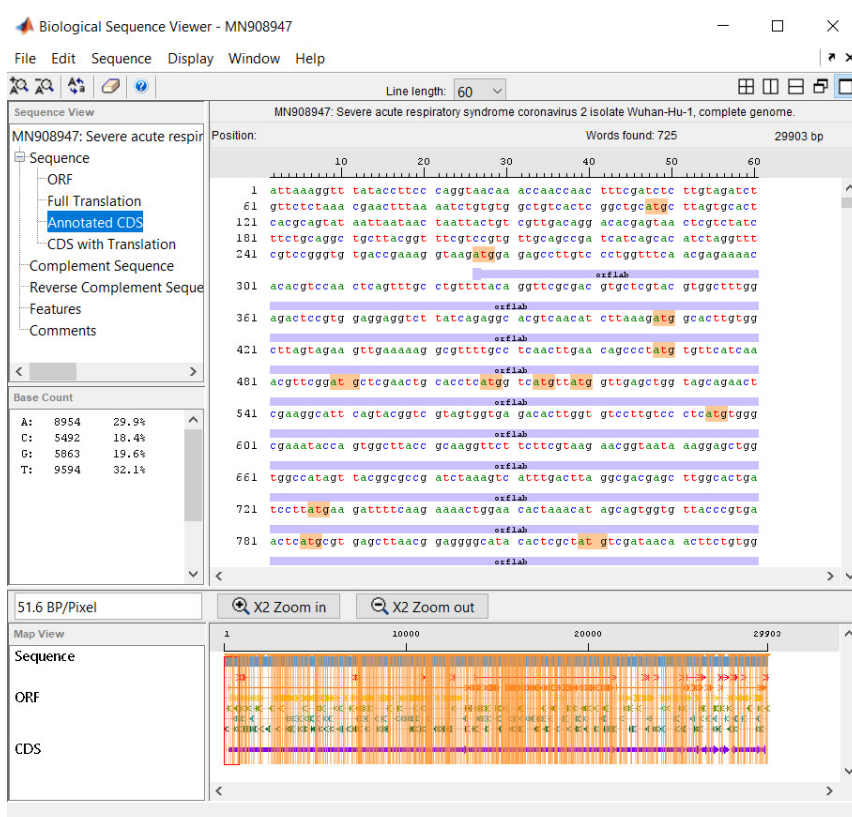
Esto sucedió después de ingresar la información de la secuencia "MN_908947.3" mostrando la secuencia cargada con su respectiva información.



Después de importar la secuencia podemos leer la información almacenada con la secuencia o ver representaciones gráficas para ORF y CDS.

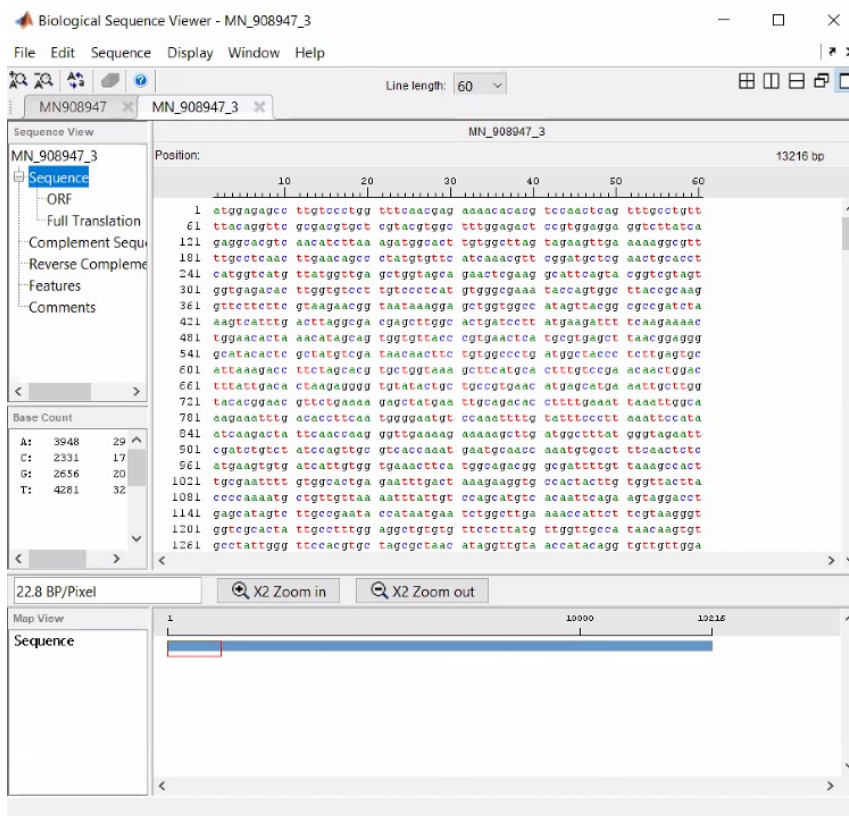
El panel derecho muestra información sobre las características del NCBI, incluidos los números de índice de un gen y cualquier secuencia de CDS.

En ORF se muestran los resultados de la búsqueda de ORF en los seis marcos de lectura.



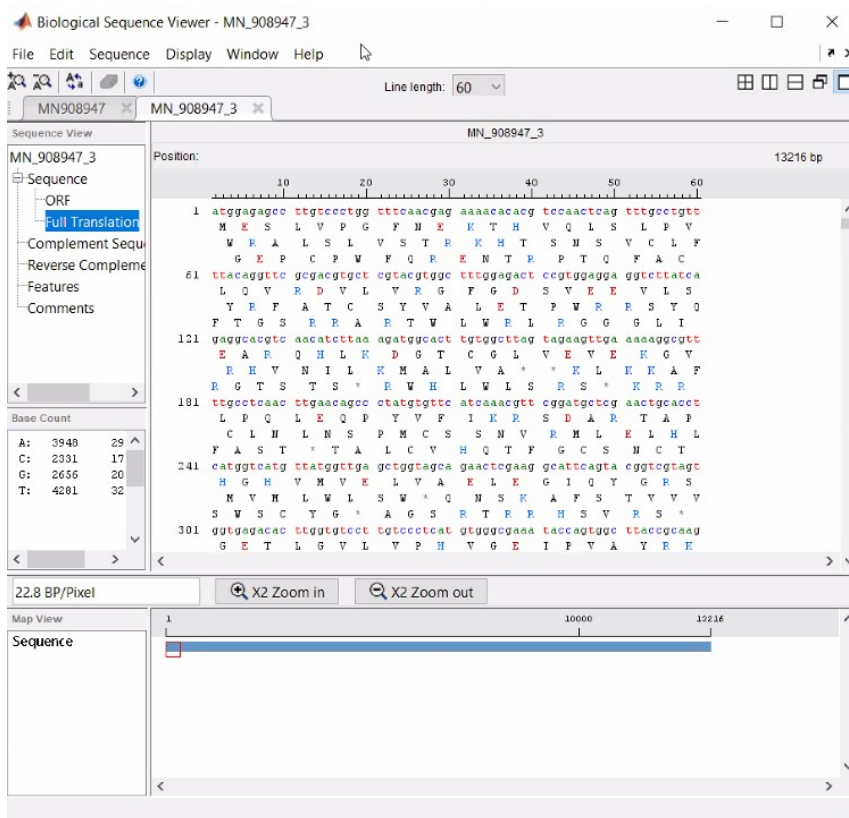
Al hacer click en la opción CDS anotado se muestra la parte que codifica la proteína de la secuencia de nucleótidos.

También puede buscar palabras, características o patrones de secuencia utilizando expresiones regulares. Puede ingresar los símbolos de nucleótidos y aminoácidos de IUB / IUPAC que se convierten automáticamente en los nucleótidos y aminoácidos correspondientes en consecuencia. En este caso se busca el patrón "atg" y MatLab lo identifica.



Seleccionamos el archivo e importamos desde el espacio de trabajo.

El Sequence Viewer agrega una pestaña en la parte inferior para la nueva secuencia mientras deja abierta la secuencia original.



El Sequence Viewer muestra la secuencia de aminoácidos debajo de la secuencia de nucleótidos.