

Estructura y Función del Genoma

Práctica de Laboratorio

- 1) Vaya al sitio de NCBI y busque el gen *nos3* de *Homo sapiens*.
 - a) ¿En qué región del genoma está el gen?
 - b) Descargue la secuencia genómica (del gen completo) y del mRNA mayoritario en formato FASTA
 - c) La secuencia del mRNA, ¿está en idioma DNA o RNA?
 - d) Haga un alineamiento de ambas secuencias (puede usar needle de EBI o biopython)
 - e) ¿Existen variantes de *splicing* del gen?
 - f) ¿Existe alguna variante patogénica?
 - g) ¿En qué tejidos se expresa este gen?
 - h) Identifique el sitio de inicio de la transcripción del gen
 - i) Identifique el sitio de inicio de la traducción del gen
- 2) Observe el contexto genómico del gen *nos3*, encuentre el gen *atg9B*
 - a) ¿Qué relación tiene este gen con *nos3*?
 - b) ¿Este gen codifica alguna proteína? ¿cuál?
 - c) ¿Son complementarios los mRNA de *nos3* y de *atg9b*, en qué región? Use biopython y algún programa externo como [RNAhybrid](#)
- 3) El gen *calca* es un gen interesante pues del mismo gen se producen 3 proteínas funcionales.
 - a) Identifíquelas y descargue las secuencias de éstas en formato FASTA.
 - b) ¿Qué otros animales poseen este gen? Estudie los métodos de búsqueda (y de filtrado de BLAST) en función de los grupos taxonómicos.
- 4) Sobre la proteína expresada por el gen *nos3*.
 - a) ¿Qué moléculas cofactores requiere esta proteína para funcionar?
 - b) ¿Existen parálogos de esta proteína?
 - c) ¿Cuántos dominios tiene?, ¿tienen estructura 3D conocida?
 - d) Escoga uno de los dominios y encuentre otras proteínas (que no sean NOS) que lo posean
- 5) Busque el genoma de la bacteria *Pseudomonas aeruginosa*, específicamente la variante PAO1 que es un patógeno oportunista típico en infecciones intrahospitalarias.
 - a) ¿Existe un genoma de referencia?, ¿Qué tamaño tiene? ¿cuántos genes están anotados?
 - b) El gen *exoS* es indicado como uno de los principales factores de virulencia de esta bacteria. ¿Qué hace este gen?
 - c) ¿Qué tan variable es este gen, entre los múltiples genomas depositados en la base de datos?
 - d) Compare mediante el algoritmo Smith-Waterman las secuencias de las proteínas ExoS de *P. aeruginosa* y *Escherichia coli*. Pruebe con distintos parámetros y estudie cómo afecta los resultados (matriz de sustitución, penalización de gaps)
 - e) ¿Qué tanto se sabe de la proteína ExoS de *E. coli*.

