

Trabajo Práctico Especial

Introducción a la Bioinformática

Integrantes:

- Gutierrez, Julián (leg. 51141)
- Alderete, Facundo (leg. 51063)
- Medvedeff, Alexis (leg. 50066)
- Scigliano, Agustín (leg. 51277)

Fecha de entrega: 25 de noviembre de 2015

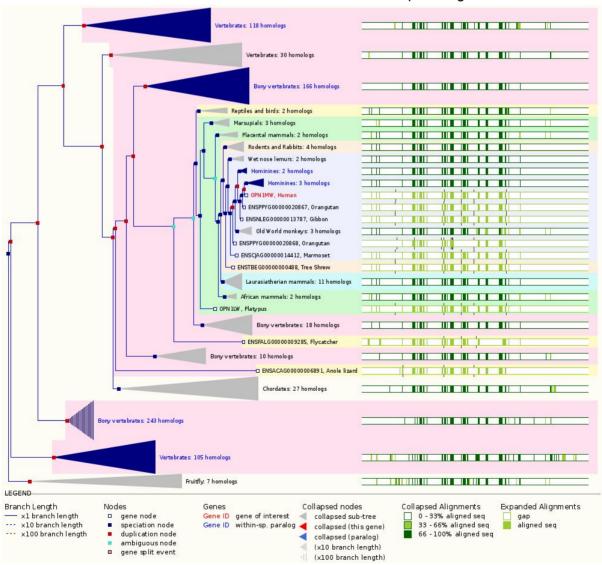
Ejercicio 5

a. NPC1 - http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NM 000513.2

El nombre oficial de este gen es "opsin 1 (cone pigments), medium-wave-sensitive", resumido como OPN1MW, y referenciado en NCBI bajo la secuencia NM_000513.2. Este gen provee instrucciones para la creación de una proteína que es esencial para la normal percepción del color en la visión. Esta proteína se encuentra en la retina, que es el tejido fotosensible ubicado en el fondo del globo ocular. Existen varios tipos de receptores de la luz, que se diferencian uno del otro gracias al pigmento (opsina) que es sensible a distintas longitudes de onda de luz. OPN1MW provee instrucciones para la fabricación de la opsina que es sensible a las longitudes de onda amarillas y verdes (onda media).

Nos pareció interesante este gen porque es el responsable de la existencia de las personas llamadas "daltónicas", las cuales no son capaces de percibir los colores de manera normal, ya que impiden el correcto funcionamiento de los receptores de la luz presentes en el ojo.

b. Gene Tree obtenido de la base de datos de ENSEMBL para el gen OPN1MW:



Desde el sitio de HomoloGene podemos pudimos obtener los genes y proteínas homólogos al nuestro:

Genes

Genes identified as putative homologs of one another during the construction of HomoloGene.

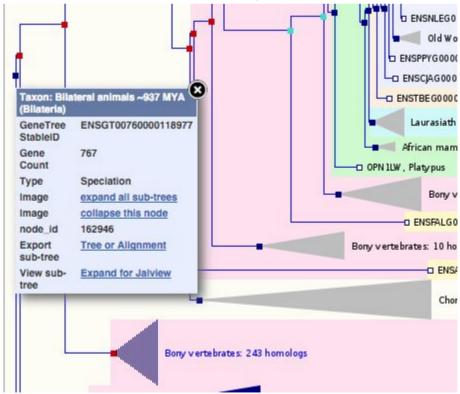
- OPN1MW, H.sapiens opsin 1 (cone pigments), medium-wave-sensitive
- OPN1MW2, H.sapiens
 opsin 1 (cone pigments), medium-wave-sensitive 2

Proteins

Proteins used in sequence comparisons and their conserved domain architectures.

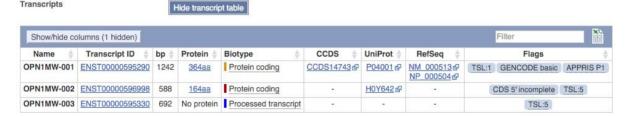
№ NP_000504.1 364 aa № NP_001041646.1 364 aa № XP_003960138.1

Si expandimos la información de la base del árbol de ENSEMBL (haciendo clic sobre la misma) podemos ver que el grupo taxonómico al cual pertenece este gen son los animales con simetría bilateral (quedan fuera, por ejemplo, las medusas).

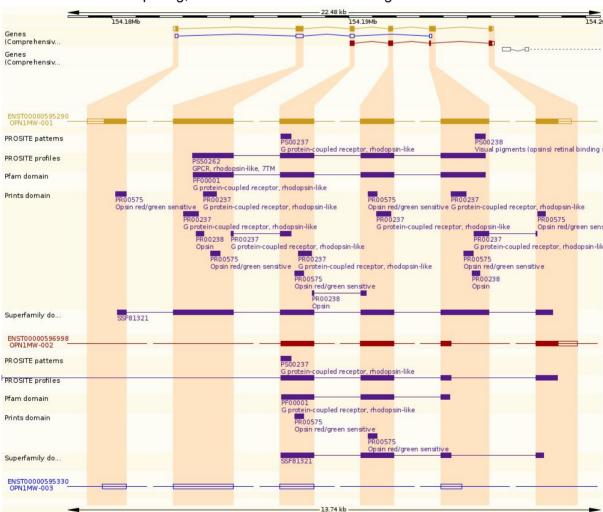


La principal diferencia que notamos entre las bases de datos HomoloGene y ENSEMBL es que la primera ofrece información muy reducida (sin ningún tipo de gráficos), mientras que la segunda ofrece gráficos interactivos, los cuales despliegan gran cantidad de información cuando se navega por ellos. El gen que elegimos parece estar presente en los animales que poseen una simetría física, más específicamente dos ojos, incluyendo todo tipo de vertebrados (reptiles, mamíferos, marsupiales, humanos) e incluso insectos, como las moscas de la fruta.

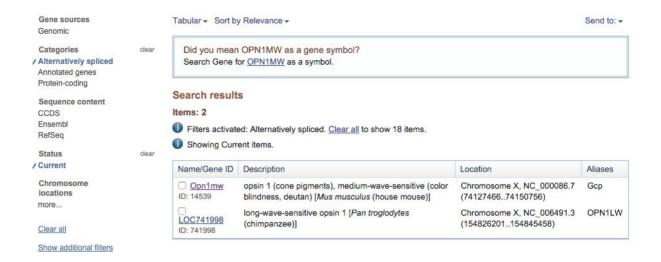
c. Existen 3 transcripts para nuestro gen en la base de datos ENSEMBL:



En cuanto al Splicing, ENSEMBL nos muestra las siguientes variantes:

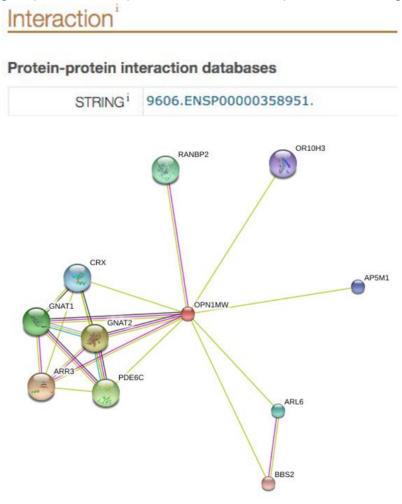


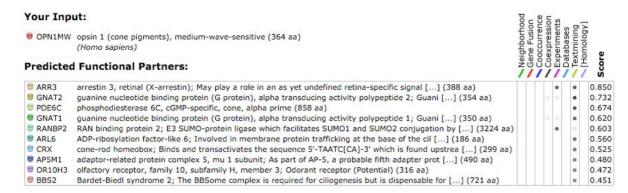
NCBI nos muestra únicamente dos resultados cuando buscamos las alternativas de splicing, como se ve en la siguiente imagen:



La forma en la que el sitio de ENSEMBL muestra la información vuelve a ser la más completa, y la que devuelve un resultado más que NCBI. Esto nos lleva a pensar que es ENSEMBL la base de datos más confiable y precisa.

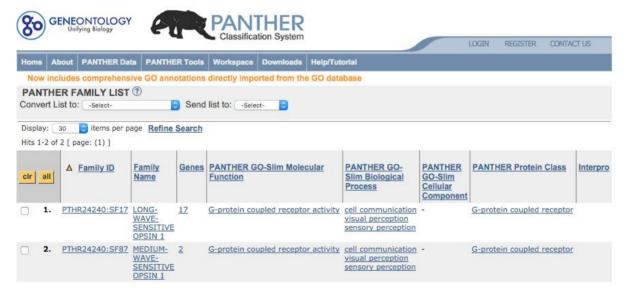
d. Desde la base de datos de Uniprot (http://www.uniprot.org/uniprot/P04001) para nuestro gen, podemos ver que interactúa con otras proteínas de la siguiente manera:





Descubrimos que no se poseen entradas acerca de la interacción con otras proteínas en la base de datos de NCBI, por lo que los resultados se encuentran únicamente en Uniprot. Es aquí donde obtuvimos los gráficos que mostramos arriba, junto con las referencias. Se explica claramente cuáles son las proteínas con las que interactúa nuestro gen, y en qué consiste dicha interacción.

e. El sistema de clasificación Panther (http://www.pantherdb.org/), el cual forma parte del entorno Gene Ontology, arroja la siguiente información al ingresar nuestro gen:

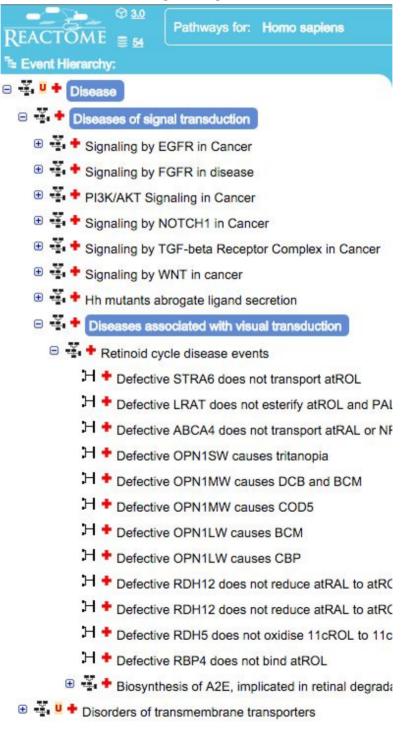


Como podemos ver, no se especifica un componente celular para nuestra proteína. Los procesos biológicos a los que se hace referencia son:

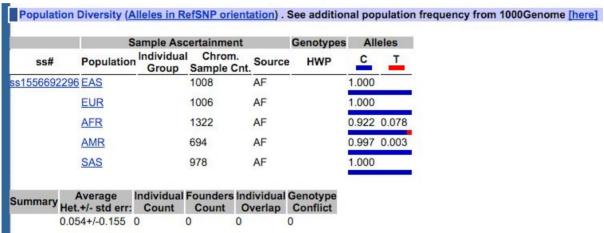
- Comunicación celular: cualquier interacción entre una célula y su entorno. Puede involucrar envío de señales o unión entre dos o más células.
- Percepción visual: serie de eventos requerida para que un organismo reciba un estímulo visual, lo convierta en una señal molecular y reconozca las características de dicha señal. Los estímulos visuales se reciben como fotones y se procesan en el cerebro para formar una imagen.
- Percepción sensorial: serie de eventos requerida para que un organismo reciba un estímulo sensorial, lo convierta en una señal molecular e interprete dicha señal. Es un proceso neurológico.

La función molecular en la que trabaja nuestro gen es "G-protein coupled receptor activity", la cual consiste en combinar una señal extracelular (luz en este caso) y transmitir dicha señal por la membrana activando la proteína G asociada. Permite el intercambio de GDP por GTP en la subunidad alfa de un complejo de proteínas G heterotrimétricas.

f. La base de datos de pathways Reactome (<u>http://www.reactome.org/PathwayBrowser/</u>) nos indica que nuestro gen está en la familia de enfermedades que consisten en una deficiencia en la traducción de señales visuales, específicamente las correspondientes a la retina. Esta jerarquía de eventos se ve claramente en el siguiente gráfico:



g. Buscamos en la base de datos de variantes genéticas una variante para la cual haya información de frecuencia de la misma (existen muchas para nuestro gen que no tienen frecuencia asociada), y nos quedamos con la variación rs183474841 (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/SNP/snp_ref.cgi?rs=183474841). Podemos ver que se trata de una variación de tipo SNV (single nucleotide variation) para una molécula de tipo genómica en humanos. La información sobre la frecuencia que tiene esta variante en la población es la siguiente:



El grupo étnico más afectado parecen ser las personas del continente africano.