

Informe

José David Mamani Vilca

I. FASTP / FASTN: FAST SEQUENCE SIMILARITY SEARCHING

FASTP fue un programa diseñado originalmente para realizar búsquedas de similitud en proteínas. Fue desarrollado en lenguaje C para una VAX 11/780 bajo el sistema operativo UNIX. Debido al crecimiento exponencial de la información genética y a la velocidad limitada de la memoria en los años 80', se desarrollaron una serie de heurísticas y técnicas que solo demandan cantidades moderadas de memoria además de una unidad de disco con la capacidad suficiente para almacenar la librería con la secuencia de proteínas.

Actualmente, tanto FASTP como FASTN forman parte del legado Formato FASTA, un formato de fichero informático muy popular en Bioinformática. [4]

II. NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION (NCBI) CREATED AT NIH/NLM

Centro Nacional para la Información Biotecnológica (NCBI) forma parte de la Biblioteca Nacional de Medicina(NLM) en Estados Unidos, una rama de los Institutos Nacionales de Salud (NIH). Fue fundado el 4 de Noviembre de 1988 y esta localizado en Bethesda, Maryland. Tiene por misión ser un referente en cuanto a Información Biomolecular. Almacena y actualiza información referente a secuencias genómicas en GenBank (Base de Datos con secuencias genéticas), artículos referentes a las áreas de Biomedicina, Biotecnología, Bioquímica, Genética y Genómica, enfermedades genéticas en humanos y cualquier dato resaltante en términos biotecnológicos.

III. EMBNET NETWORK FOR DATABASE DISTRIBUTION

European Molecular Biology network (EMBnet) es una red internacional compuesta por científicos y grupos interesados en otorgar y mejorar los servicios bioinformáticos. Esta red compuesta por 37 nodos y repartidos a lo largo de 32 países busca otorgar acceso a bancos de datos bioinformáticos, a software especializado y a suficientes recursos computacionales. Desde su fundación en 1988, EMBnet pasó de ser una red meramente informal de individuos con acceso a bases de datos biológicas, a la única organización mundial en donde sus profesionales buscan expandir el campo de la genética y la biología molecular. [3]

IV. BLAST: FAST SEQUENCE SIMILARITY SEARCHING

Basic Local Alignment Search Tool es un algoritmo para comparar información de secuencias biológicas primarias tales como las secuencias de aminoácidos en proteínas. Es uno los programas bioinformáticos más utilizados siendo la heurística que utiliza una de las más eficientes en cuestiones de tiempo y por ende resultando en uno de los algoritmos más prácticos al momento de analizar las enormes bases de datos con genoma disponible. BLAST es posterior a FASTA resultando ser más rápido al solo ubicar patrones significativos en las secuencias. [2]

V. EST: EXPRESSED SEQUENCE TAG SEQUENCING

Expressed Sequence Tag es una pequeña subsecuencia de una secuencia nucleotídica transcrita. Se utiliza en la identificación de genes, en el descubrimiento de genes y para la determinación de secuencias. Actualmente y con las mejoras en la identificación del los EST se dispone de aproximadamente de 52 millones de EST's en bases de datos públicas (Por ejemplo en GenBank). Los ESTs son herramientas poderosas al momento de hallar un gen determinado dentro del genoma dado que reducen en gran medida el tiempo de ubicación, siendo algunos ejemplos la ubicación de los genes que causan la enfermedad de Alzheimer o el cáncer de C6lon. [1] [5]

REFERENCIAS

- [1] M. D. Adams, J. M. Kelley, J. D. Gocayne, M. Dubnick, M. H. Polymeropoulos, H. Xiao, C. R. Merrill, A. Wu, B. Olde, R. F. Moreno, et al. Complementary dna sequencing: expressed sequence tags and human genome project. *Science*, 252(5013):1651–1656, 1991.
- [2] S. F. Altschul, W. Gish, W. Miller, E. W. Myers, and D. J. Lipman. Basic local alignment search tool. *Journal of molecular biology*, 215(3):403–410, 1990.
- [3] D. D'Elia, A. Gisel, N.-E. Eriksson, S. Kossida, K. Mattila, L. Klucar, and E. Bongcam-Rudloff. The 20 th anniversary of embnet: 20 years of bioinformatics for the life sciences community, 2009.
- [4] D. J. Lipman and W. R. Pearson. Rapid and sensitive protein similarity searches. *Science*, 227(4693):1435–1441, 1985.
- [5] Wikipedia. Marcador de secuencia expresada — wikipedia, la enciclopedia libre, 2017. [Internet; descargado 15-marzo-2019].