|  |
| --- |
| **GUÍA DE PRÁCTICA DE LABORATORIO** |
| **PERÍODO ACADÉMICO** | 2023-2S |
| **ASIGNATURA** | Biología molecular | **SEMESTRE:** 6to | **PARALELO:** A |
| **NOMBRE DEL DOCENTE** | Mgt. Felix Falconi Ontaneda |
| **NÚMERO DE PRÁCTICA** | 15 | **FECHA:**  | **HORA**: 17:00-20:00 | **DURACIÓN:** 3 |
| **NOMBRE DE LOS ESTUDIANTES.** | **NÓMINA** |
| 1. Acosta Cáceres Melany Sarahi
 | 1. Pomagualli Pucha Jomayra Vanesa
 |
| 1. Acosta Tenelema Marcela Carolina
 | 1. Quezada Vega Karen Vanessa
 |
| 1. Amores Garzón Jonathan Israel
 | 1. Quilligana Urrutia Lorena Estefanía
 |
| 1. Ashqui Agualsaca Kerly Graciela
 | 1. Raza Aulla Doménica Salome
 |
| 1. Balladares Hidalgo Micaela Alexandra
 | 1. Reyes Bayas Angie Viviana
 |
| 1. Barragán Lara Patricio Xavier
 | 1. Ríos Palma Heidi Lissette
 |
| 1. Borja Coba Malena Salome
 | 1. Saltos Michilena Anahely Arai
 |
| 1. Caiza Moya Sulay Maricela
 | 1. Samaniego Álvarez Angie Nicole
 |
| 1. Carrasco Chiluisa Escarlet Nicole
 | 1. Silva Villa Cinthya Dayana
 |
| 1. Carvajal Inca Grace Dayana
 | 1. Silva Hidalgo Lizbeth Estefanía
 |
| 1. Castillo Jiménez María Belén
 | 1. Tapia Jacome Priscila Mikaela
 |
| 1. Cedeño Jiménez José Andrés
 | 1. Tarco Tarco Mónica Esperanza
 |
| 1. Espinoza Espinoza Tanya Aracelly
 | 1. Tirado Martínez Wendy Anahi
 |
| 1. Guamán Roldan Tamia Jamilexs
 | 1. Tuapanta Yupa Johanna Estefanía
 |
| 1. Hernández Grijalva Jessica Ana
 | 1. Vaquilema Anilema María Alicia
 |
| 1. Iglesias Vera Axel Alexander
 | 1. Vargas Mites Helens Mailyn
 |
| 1. Inguillay Guagcha Elvis Estiven
 | 1. Vélez Arévalo Talitacum Yolanda
 |
| 1. Noboa Ríos Jessica Lisbed
 | 1. Vizuete Parra Oliver Daniel
 |
| 1. Osorio Quinatoa Allison Nayeli
 | 1. Yucta Concha Erick Joel
 |
| 1. Parra Parra Alisson Melina
 | 1. Zambrano Cáceres Laura Estefanía
 |
| 1. Pinduisaca Pinta Sandra Verónica
 |  |
| **LUGAR DE LA PRÁCTICA** | Lab E301 Laboratorio de Química, Toxicología y Forense. Rev. Virtual |
| **TÍTULO DE LA UNIDAD** | BASES MOLECULARES DE LAS ENFERMEDADES |
| **TEMA DE LA PRÁCTICA** | Análisis bioinformático de proteínas para diagnóstico |
| **RESULTADO DE APRENDIZAJE** |
| Valora adecuadamente el conocimiento de las bases moleculares de los microorganismos mediante el análisis e interpretación de su relación con el huésped para comprender y explicar la razón de la manifestación de la enfermedad |
| **OBJETIVO GENERAL** | Comprender el uso de la bioinformática en el análisis de las proteínas |
| OBJETIVOS ESPECÌFICOS: |
| Revisar varias páginas útiles en el análisis bioinformático de proteínas |
| **MARCO TEÓRICO** |
| Actualmente existe una capacidad aguda de recopilar, compartir y analizar datos lo que ha dado lugar a un creciente aumento en el interés de la comunidad científica por la bioinformática, debido probablemente a las enormes posibilidades de aplicabilidad que ofrece esta disciplina. Introducir a los alumnos, docentes e investigadores en éste área es una necesidad. Con este fin, se hace taller básico en el que se hace una aproximación en el análisis bioinformático de proteínas. Se basa en el empleo de las bases de datos de proteínas y en la predicción de las estructuras proteicas mediante estudio de dominios proteicos y modelización de proteínas aplicándolo a sencillos ejemplos prácticos que permitan afianzar los conocimientos de los alumnosLa biología es una disciplina basada en el conocimiento, por lo que ahora más que nunca, apoyándose en las diversas técnicas integrales que se han desarrollado en los últimos años, produce datos a un ritmo inexorable. Por ejemplo, en junio de 2013, GenBank, que es el principal repositorio de secuencias genéticas, acumuló aproximadamente 164 millones de registros de secuencias de genes y aproximadamente 110 millones de entradas de secuencias del genoma (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/statistics).Además de esto, Uniprot Knowledgebase (Uniprot), que es la principal base de datos en cuanto a función y secuencia primaria de proteínas, cuenta con más de 13,5 millones de entradas desde enero de 2011.Con la acumulación de tales volúmenes de datos, el uso de los ordenadores se ha convertido en un imperativo para su curación e interpretación. Esto ha dado lugar a un nuevo campo de investigación, a saber, la bioinformática, donde la ciencia informática y la estadística son aplicadas para analizar los datos biológicos con el fin de acelerar mejorar y diversificar la investigación biológica. Así, la Bioinformática, esencialmente se puede definir como la aplicación de los recursos informáticos a los datos biológicos, independientemente de que el tipo de datos sean secuencias de ADN, secuencias de proteínas, así como dominios y estructuras de proteínas. |
|  |
| **MATERIALES Y MÉTODOS** |
| **Equipos** | **Materiales** | **Reactivos** |
| Computador | Documentos digitales | No aplica |
| **PROCEDIMIENTO / TÉCNICA:** |
| Revisar aplicaciones y programas informáticos que podrán utilizar, para trabajar con secuencias aminoacídicas con autonomía y seguridad.Los bloques temáticos se distribuyen de la siguiente manera:• 1. Conceptos básicos sobre proteínas.• 2. Bases de datos. Comparación de secuencias.• 3. Alineamiento múltiple de secuencias proteicas.• 4. Predicción de dominios proteicos.• 5. Modelización y predicción de estructuras proteicas.Se revisa base de datos centrado en GeneBank, que es la colección anotada de secuencias del NCBI, que a su vez contiene otras bases de datos como PubMed, Gene, EST, SNP, Structure y su recurso “estrella”, BLAST (3). Además, como recurso preferente en análisis de proteínas vamos a utilizar UniProtKB, que es la fuente universal de proteínas, un repositorio central de datos de proteínas creado por la combinación de:UniProt Knowledgebase (UniProtKB), UniProt Reference Clusters (UniRef), y la UniProt Archive (UniParc). Esta base de datos también posee la herramienta BLAST, con un funcionamiento similar que en GeneBank. UniProt es una colaboración entre el European Bioinformatics Institute (EBI), el Swiss Institute of Bioinformatics (SIB) y el Protein Information Resource (PIR). |
| **RESULTADO (Gráficos, cálculos, etc.)** |
| Con las herramientas informticas revisadas se logra obtener predicciones estructurales de las proteínas como se muestra en la imagen.Además, se logra hacer alineamientos de la secuencia para comparación homologías de la moléculas como se ve en la imagen. |
| **OBSERVACIONES** |
| Los estudiantes deben asegurarse de seguir revisan más herramientas y probar para lograr familiarizarse con la utilidad de estos tipos de análisis |
| **CONCLUSIONES** |
| La bioinformática puede ayudar con aplicación de tecnologías computacionales y la estadística a la gestión y análisis de datos biológicos para investigar alineamiento de secuencias, predicción de genes, montaje del genoma, alineamiento estructural de proteínas, predicción de estructura de proteínas, predicción de la expresión génica, interacciones proteína-proteína, y modelado de la evolución con el ánimo de comprender la mejor manera conducir el diagnostico a través de las moléculas. |
| **RECOMENDACIONES** |
| * Utilizar la vestimenta de bioseguridad para manejar los equipos y materiales del laboratorio de biología molecular.
* Hacer uso de las normas de bioseguridad para evitar contaminarse así mismo, a los demás, o al trabajo que se esté realizando.
* Seguir las instrucciones dadas por el profesor y en la presente guía
* Leer las instrucciones de los reactivos utilizados.
 |
| **BIBLIOGRAFÍA/WEBGRAFÍA** |
| * Biología molecular Salazar Montes Adriana Mc Graw Hill Interamericana Editores
* Biología molecular Gómez Marín Jorge Enrique Corporación para Investigaciones Biológicas
* Biología molecular y celular Chandart Nalini Wolters Kluwer Health
* https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/,
* https://www.scopus.com/search/form.uri?display=basic
 |
| **Mgs. Ximena Robalino F.****DIRECTORA DE CARRERA** | **Ing. Félix Falconí O., Mgs****DOCENTE** |