Fuentes de datos en Bioinformática

Bases de datos biológicas

Introducción

Con el desarrollo de esta guía podrá familiarizarse con el uso e interpretación de dos de las bases de datos más importantes en bioinformática: PDB y Uniprot. En sesiones posteriores hablaremos detalladamente de otras bases de datos de gran interés, tales como EMBL y Genbak.

PDB

Visite la siguiente dirección: <u>http://www.rcsb.org/</u>

En este momento se debe encontrar en el sitio web del Protein Data Bank (PDB):



Tal vez encuentre algunas diferencias , de acuerdo a la fecha en la que esté accesando este sitio. Sin embargo siempre encontrará que el sitio web de PDB tiene las misma arquitectura:

- 1. Información general de la base de datos, tales como número de registros y estadísticas.
- 2. Menú de navegación: donde se encuentran las diferentes secciones del sitio. Puede ser de especial ayuda para esta primera aproximación al PDB que consulte el enlace "gettin Started".
- 3. Barra de consulta: por medio de esta barra es posible realizar búsquedas (básicas o avanzadas) de nuestra molécula de interés en PDB, ya sea por ID, palabra clave o autor.

- 4. Molécula del mes: mensualmente PDB selecciona una molécula, para la cuál provee información estructural y funcional muy completa.
- 5. Barra lateral de noticias, con información concemiente a PDB.

¿Con cuantos registros cuenta actualmente el PDB? ¿Cual es el total de estructuras obtenidas por cristalografía de rayos X y microscopía electrónica en el PDB hasta este año?

Ingrese el siguiente identificador en la casilla de búsqueda: **2d1s** Presione el botón "**site search**"

Después de unos segundo se encontrarácon el resultado de su búsqueda:

Help Structure Summa	Biology & Chemistry	Materials & Methods	Sequence Deta	ls Geometr	У			
2D1S 💽 🗎 🕼		Lear	n more: [M]	DOI 10	.2210/p	db2d1s/pdb	Images and Visualization Biological Molecule / Asymmetric Unit	
Title	Crystal structure of High-energy interm	the thermostable ediate analogue	Japanese Fire	fly Lucifer	ase com	plexed with	m Stra	
Authors	Nakatsu, T., Ichiya K., Kato, H.	ma, S., Hiratake,	akata,					
Primary Citation	Nakatsu, T., Ichiyan K., Kato, H. Structu v440 pp.372-376, 20	na, S., Hiratake, J. ral basis for the spec 106						
History	Deposition 2005-08-	31 Release 2006-						
Experimental Method	Type X-RAY DIFFRA		Display Options 👔					
Parameters	Resolution[Å] 📒 1.30	R-Value 0.181 (obs.)	R-Free 0.201	Spi P 2	ace Group 1 ² 1 ² 1		KiNG Jmol WebMol Protein Workshop Ovicianse	
Unit Cell	Length [Å] a Angles [°] alp	57.59 ha 90.00	b 18 beta 90	1.31 c .00 g	amma	52.04 90.00	All Images	
Molecular Description Asymmetric Unit	Polymer: 1 Molecule:	Luciferin 4-monoc	oxygenase M	utation: T2	171			
Classification	Oxidoreductase							

Source Polymer: 1 Scientific Name: Luciola cruciata 🗢 Common Name: Japanese firefly Expression system: Escherichia coli

Esta página de resultados le muestra información general concerniente a su búsqueda, esta vez mediante el identificador 2d1s, que corresponde a la molécula llamada Luciferasa. Examine cuidadosamente la página de resultados y responda las preguntas a continuación:

En que fecha fue depositada esta estructura? Cuál fue el método experimental mediante el que se obtuvo? Qué significado cree usted que tienen los rótulos: "**Blue-Primary data**" y "**Red: Derived data**" que se encuentran en la parte superior izquierda?

En la parte superior derecha de esta página es posible visualizar esta estructura desde su navegador con cualquiera de los programas de visualización que allí se ofrecen (King, jmol, WbMol etc.).

Explore brevemente las diferentes opciones de visualización

En la parte superior de la página de resultados, encontrará una serie de pestañas que aportan mayor información acerca de la molécula:

```
Help Structure Summary Biology & Chemistry Materials & Methods Sequence Details Geometry
```

Explore cada una de estas pestañas y explique, brevemente, qué información provee cada una de ellas.

Formato de archivo

Al determinar la estructura tridimensional de una proteína, obtenemos en realidad es información detallada de cada una de las coordenadas de sus componentes. Esta información se guarda en un archivo de texto, en un formato específico.

Presione el enlace "Download files", del menú de navegación a la izquierda.

Encontrará una serie de enlaces a archivos para descargar. De estos los más conocidos son **PDB** y **mmCIF**.

Presione el enlace "PDB File" y guardelo en su computador.

Este archivo es un archivo de texto, solamente que con extensión .PDB y puede ser abierto con cualquier editor de texto (Block de notas o Wordpad en sistemas MS windows o kate, kwrite, vim o Gedit en GNU/Linux).

Abra el archivo y examinelo cuidadosamente. Preste especial atención a las líneas que comienzan con la palabra ATOM. ¿Que información proveen?

Como podrá notarlo este archivo contiene bastante información y entenderla, por lo menos globalmente, resulta importante.

Para mayor información acerca de este formato, revise la siguiente guía explicativa que ofrece el sitio web de PDB:

http://www.wwpdb.org/documentation/format23/v2.3.html

Siga el enlace del menú izquierdo: "**structural analysis -> Geometry -> Molprobity Ramachandran plot**". Esto generará un archivo descargable en formato PDF. Descarguelo y visualícelo. ¿Qué información provee este tipo de gráfico?

Uniprot

Visite la siguiente dirección: <u>http://www.pir.uniprot.org/</u>

Esa acción le llevará al sitio web de UNIPROT:



Uniprot es, en realidad, la reunión de varias bases de datos de proteínas. y se encuentra dividida en tres grandes secciones: Uniparc, UniprotKb y Uniref.

Haciendo uso de la sección "**About Uniprot -> Background**" explique en qué consiste cada una de estas divisiones.

Como podrá notarlo, en la parte superior derecha del sitio web de UNIPROT se encuentra una casilla de búsqueda.

Haga una búsqueda de la molécula de luciferasa (Luciferase en inglés). Presione el botón con una flecha a la derecha de esta casilla.

Después de uno segundos aparecerá la página de resultados:

Search Any Field								
928 entries found. 50 per page	Page 1 > Jump to F	age		Display Optio	ns	Save Option	asta Flatfile XML	
				You may check on	e sequence and do BLAST	or multiple sequences an	d do Multiple Alignment	
ID/Accession	Protein Name	Length	Organism Name	Taxon Group	Gene Name	UniRef90/50	Matched Fields	
⊢ <u>LUCI_LUCCR</u> / P13129	Luciferin 4-monooxygenase	548	<u>Luciola cruciata</u>	Euk/Animal		<u>UniRef90_P13129</u> <u>UniRef50_P00552</u>	Protein Name=>Luciferase	
□ <u>LUCI_LUCLA</u> / Q01158	Luciferin 4-monooxygenase	548	<u>Luciola lateralis</u>	Euk/Animal		<u>UniRef90_P13129</u> <u>UniRef50_P00552</u>	Protein Name=>Luciferase	
□ <u>LUCI_LUCMI</u> / Q26304	Luciferin 4-monooxygenase	548	<u>Luciola</u> mingrelica	Euk/Animal		<u>UniRef90_Q26304</u> <u>UniRef50_P00552</u>	Protein Name=>Luciferase	
□ <u>LUCI_PHOPE</u> / Q27757	Luciferin 4-monooxygenase	545	<u>Photuris</u> pennsylvanica	Euk/Animal		<u>UniRef90_Q27757</u> <u>UniRef50_P00552</u>	Protein Name=>Luciferase	
□ <u>LUCI_PHOPY</u> / P08659	Luciferin 4-monooxygenase	550	<u>Photinus pyralis</u>	Euk/Animal		<u>UniRef90_P00552</u> <u>UniRef50_P00552</u>	Protein Name=>Luciferase	
□ <u>LUCI_RENRE</u> / P27652	Renilla-luciferin 2-monooxygenase	311	<u>Renilla reniformis</u>	Euk/Animal		<u>UniRef90_P27652</u> <u>UniRef50_P27652</u>	Protein Name=>luciferase	
□ <u>LUCI_VARHI</u> / P17554	Luciferin 2-monooxygenase precursor	555	<u>Vargula</u> <u>hilgendorfii</u>	<u>Euk/Animal</u>		<u>UniRef90_P17554</u> <u>UniRef50_P17554</u>	Protein Name=>luciferase	
□ <u>LUXA1_PHOLE</u> / P09140	Alkanal monooxygenase	354	<u>Photobacterium</u> leiognathi	Bac/Gamma-proteo	luxA	<u>UniRef90_P09140</u> UniRef50_P23146	Protein Name=>luciferase	

La búsqueda que acaba de realizar es muy poco restringida, y de hecho lo que ha pasado es que el sistema de búsqueda de UNIPROT ha buscado el término "Luciferase" en cualquier campo de la base de datos y nos muestra los registros correspondientes.

Muchas veces esto no es lo que en realidad queremos, y necesitamos restringir nuestra búsqueda un poco más. Para esto podemos usar el formulario de búsqueda de esta página de resultados que se encuentra en la parte superior izquierda:

Search	Any Field	•		
🙍 Restart	luciferase		+	Add input box

Realice la misma búsqueda, pero esta vez restringiendo las coincidencias al canpo: "**Paper title**", disponible en el menú desplegable del formulario. ¿Cuantos registros encontró esta vez?

Experimente con las diferentes opciones de filtro que ofrece este formulario de búsqueda.

Ahora realizaremos una búsqueda no tan abierta, sino a partir de un identificador ya conocido (de manera similar a como lo hicimos en PDB).

Realice la búsqueda de la siguiente molécula: P05938. Seleccione la entrada, haciendo click en la casilla de selección.

Page 1						Save Options	
				Displa	y Options	TABLE FASTA FLATFILE XML	
\frown				You may check	one sequence an	d do BLAST or multipl	e sequences and do Multiple Alignment
K	ID/Accession	Protein Name	Length	Organism Name	Taxon Group	UniRef90/50	Matched Fields
	✓ <u>LBP_RENRE</u> / P05938	Luciferin-binding protein	184	<u>Renilla reniformis</u>	<u>Euk/Animal</u>	<u>UniRef90_P05938</u> <u>UniRef50_P05938</u>	UniProtKB Accession=>P05938

Descargue el archivo en formato "**flatfile**" correspondiente a esta entrada haciendo uso de la casilla de opciones de descarga:

Este es también un archivo de texto, puede abrirlo y examinarlo con su editor de textos preferido.

Experimente con los diversos formatos de descarga, ¿qué diferencias encuentra entre ellos?

Page 1			Displa	y Options	Save Options TABLE FASTA FLATFILE XML	
			You may check	one sequence an	d do BLAST or multipl	e sequences and do Multiple Alignment
D/Accession	Protein Name	Length	Organism Name	Taxon Group	UniRef90/50	Matched Fields
✓ <u>LBP_RENRE</u> / P05938	Luciferin-binding protein	184	Renilla reniformis	Euk/Animal	<u>UniRef90_P05938</u> <u>UniRef50_P05938</u>	UniProtKB Accession=>P05938

Una vez descargue el archivo de resultados siga el enlace: "LBP_RENRE".

En este momento debe encontrarse con la página de la entrada correspondiente a la molécula: "Luciferin-binding protein", la cual consta de varias secciones. Revise estas secciones cuidadosamente y responda las siguientes preguntas:

¿Cuál es la función de esta molécula?

¿Cuál es su nombre?

¿A que organismo corresponde?

¿Cuál es su peso molecular?

Esta guía es solamente un acercamiento inicial a PDB y UNIPROT, y no es posible detallar acá cada una de las posibilidades que estas bases de datos ofrecen. Por lo tanto, es importante que dedique tiempo extra y se familiarice más con ellas.

Guía elaborada por Andrés M. Pinzón V., del **Centro de Bioinformática** del Instituto de Biotecnología en la Universidad Nacional de Colombia y del **Laboratorio de Micología y Fitopatología** de la Universidad de los Andes, y está distribuida bajo licencia:



Creative Commons

Bogotá Colombia – Febrero de 2007.

Cualquier sugerencia o inquietud dirigirla a:

ampinzonv@unal.edu.co ó andrespinzon@gmail.com