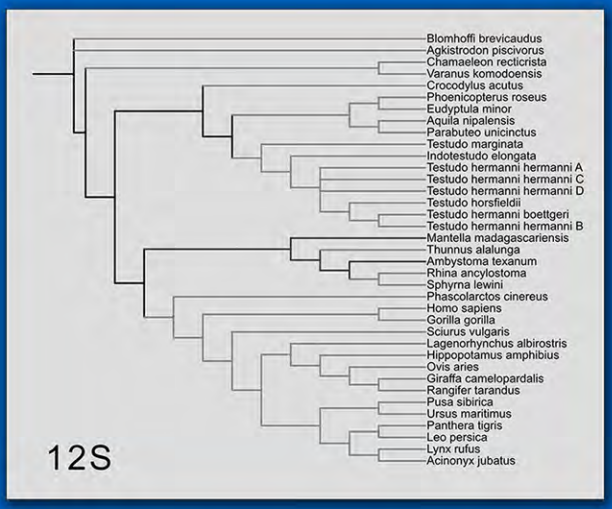
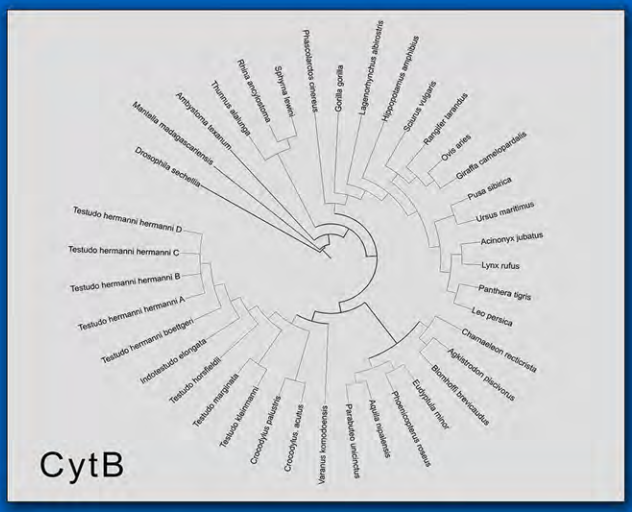
Iniciació a la bioinformàtica a través de les tortugues de l'escola

Tal i com indica el títol, amb aquest treball de recerca es pretén realitzar una aproximació al món de la bioinformàtica. La idea va sorgir quan el professor de biologia va comentar que uns gens de l'ADN mitocondrial de les tortugues de l'escola estaven seqüenciats perquè havien format part d'un estudi de genètica evolutiva sobre una extensa població de tortugues de Catalunya, portat a terme pel Dr. Salvador Carranza del Departament de Biologia Animal de la Facultat de Biologia de la Universitat de Barcelona i investigador de l'Institut de Biologia Evolutiva (CSIC-UPF).

Pel fet que teníem la possibilitat de disposar de les seqüències d'ADN de les tortugues del pati de l'escola, vam decidir utilitzar-les per realitzar la part pràctica del treball, consistent en investigar la procedència genètica de les tortugues de l'escola mitjançant la seqüència d'ADN mitocondrial corresponent als gens 12S i Citocrom B. És a dir, comparar les seqüències d'ADN corresponents a les tortugues de l'escola amb d'altres seqüències corresponents a altres tortugues, rèptils i organismes pertanyents al regne animal per acabar elaborant, com a producte final, un arbre filogenètic de les nostres tortugues en relació a altres organismes, o sigui, un diagrama on es representa la similitud genètica de les tortugues amb la d'altres espècies (figures inferiors). Més concretament, l'objectiu era elaborar un arbre filogenètic per dos gens mitocondrials un pel 12S i un pel CytB i, com a resultat final, un altre que combinés la informació continguda als dos arbres d'espècies esmentats prèviament; i, finalment un fet a partir de proteïnes, que no inclouria les seqüències de les tortugues però em donaria l'oportunitat d'aprendre a fer arbres, no només a partir d'ADN, sinó també a partir de proteïnes.

La part pràctica d'aquest treball ha estat realitzada al CRG (Centre de Regulació Genòmica) de Barcelona, al grup d'investigació de genètica evolutiva amb l'ajuda i direcció de la Dra. Marina Marcet Houben.





Després de l'estada al CRG, s'ha pogut detallar la manera amb la qual es pot investigar la procedència genètica d'un exemplar si disposem de la seva seqüència de nucleòtids mitjançant la creació d'un arbre d'espècies o arbre filogenètic amb software disponible a la xarxa (Phylemon, BLAST, ITOL). Hem pogut construir els quatre arbres, tal i com estava previst. Finalment, hem aprofitat el fet que hem trobat un error en un dels programes utilitzats, per tractar amb un cert detall la importància del control dels errors quan es treballa amb quantitats ingents de dades com en el cas de la bioinformàtica.

Rubén Marías Pérez

Tutor: Josep Marí Torres