

¿DE QUIÉN VENIMOS LOS HUMANOS?

NUESTRO ABUELO MÁS VIEJO SE ENCUENTRA LAS PROFUNDIDADES DEL MAR.

LOS SERES HUMANOS ESTAMOS HECHOS DE CÉLULAS EUCARIOTAS Y ESTAS PROBABLEMENTE DESCIENDEN DE **ARQUEAS ASGARD**.

LOKI PERTENECIENTE A LAS ARQUEAS ASGARD ES UNA BACTERIA QUE CUENTA CON CARACTERÍSTICAS DE BACTERIA Y **EUCARIOTA**.

LOS NOMBRES TAN PECULIARES DE ESTAS **ARQUEAS** ENCONTRADAS EN LAS **PROFUNDIDADES DEL OCÉANO** FUERON BAUTIZADAS EN HONOR A LOS DIOSES NÓRDICOS POR **CIENTÍFICOS ESCANDINAVOS** QUE LAS DESCUBRIERON.

AISLADAS DEL CASTILLO DE LOKI QUE SON 5 RESPIRADEROS **HIDROTERMALES** EN EL FONDO DEL OCÉANO.

Candidatus Lokiarchaeum

ESTUDIAR ESTAS BACTERIAS HA PERMITIDO ENTENDER CÓMO **HAN EVOLUCIONADO LOS ORGANISMOS EUCARIOTAS** E INDAGAR EN LA BÚSQUEDA DEL **ANCENSTRO MÁS ANTIGUO**.

Castillo de Loki

CULTIVAR LAS ARQUEAS ASGARD ES UN RETO YA QUE VIVEN EN **CONDICIONES EXTREMAS** Y REPRODUCIR LAS MISMAS CONDICIONES EN EL LABORATORIO ES UNA TAREA DIFÍCIL.

NO **PODEMOS** RETROCEDER 2.000 MILLONES DE AÑOS PARA CONOCER NUESTRO ORIGEN, PERO EN EL PRESENTE **PODEMOS** TRATAR DE ENTENDERLO.

REFERENCIAS

PubMed | NCBI

AUTORES

Jaime Ramírez-Acosta, Sofía Fonseca-Yépez, Carolina Lisette Moreno-Galván, Isaac Serna Gutiérrez, José Manolo Montufar Rodríguez, Naurú Idalia Vargas-Maya, Marcos Vicente-Gómez, Felipe Padilla-Vaca, Bernardo Franco

Infografía compartida en la red social Instagram, link de acceso:

<https://www.instagram.com/p/CgSA6QEuZ7y/?igshid=MDJmNzVkMjY=>



PREDICCIÓN DE LA FUNCIÓN DE UNA PROTEÍNA/GEN

SECUENCIA PROBLEMA

Contar con la secuencia de una proteína o un gen permite identificar las funciones de la proteína codificada e incluso permite identificar al organismo huésped, su origen, el cómo vive y cómo se relaciona con su ambiente.

HOMOLOGÍA

- Descendencia de un ancestro en común.
- Medida cualitativa: son o no son homologas.
- Podemos usar la similitud para inferir homología.

VS

SIMILITUD

- Se basa en la conservación de los residuos en la secuencia, mismos que otorgan sus propiedades, se mide con % identidad.
- Medida cuantitativa: grado de relación entre dos secuencias.

Secuencia de un gen: es la sucesión de una molécula conocida como nucleótido (nt).



Secuencia de una proteína es la sucesión de una molécula conocida como aminoácido (aa).



La evolución con el tiempo cambian los residuos en una secuencia



Ahora, supongamos que la secuencia problema **A-C-C** esta representada por la siguiente imagen. Solamente tenemos una imagen y no sabemos qué es (en biología serían los nt de una secuencia).

Como herramienta de búsqueda se utiliza un **software de comparación de secuencias**

BLAST

El programa compara una secuencia problema con una gran cantidad de secuencias que se encuentran en una base de datos (almacén de información catalogada).

SE BUSCA



Secuencia problema

1

La imagen es comparada con todas y cada una de las imágenes similares

2

En cada una de ellas encuentra regiones de similitud

3

Cuanto mayor similitud entre imágenes mayor será la puntuación

4

Las imágenes con mayor puntuación serán posibles homólogas de la secuencia problema



Karen Zack

ID: 2534



Cada secuencia de resultados está identificada por un número de acceso.



Secuencia problema

La información ligada al número de acceso de cada secuencia permite identificar características particulares: de qué organismo es extraída, cómo se extrajo, dónde, en qué gen se encuentra, etc. Permitiendo saber de qué "imagen" se trata (en biología a qué secuencia se refiere).

Infografía compartida en la red social Facebook, link de acceso:

<https://www.facebook.com/photo?fbid=5115341568591411&set=gm.1432400147184964>