

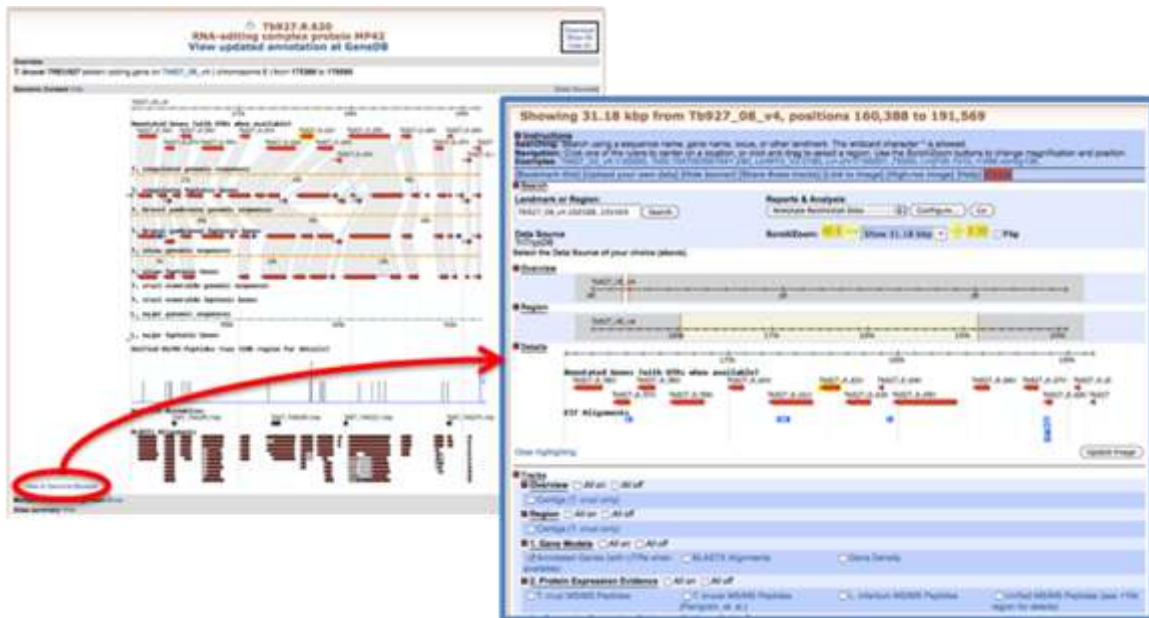
Uso del visor de genomas GBrowse (Genome Browser) (Ejercicio 2)

2.1 Navegando con el visor de genomas (GBrowse)

Nota: Para este ejercicio utilizar <http://www.tritrypdb.org>

a. Hay dos maneras de llegar a “GBrowse” en TriTrypDB.

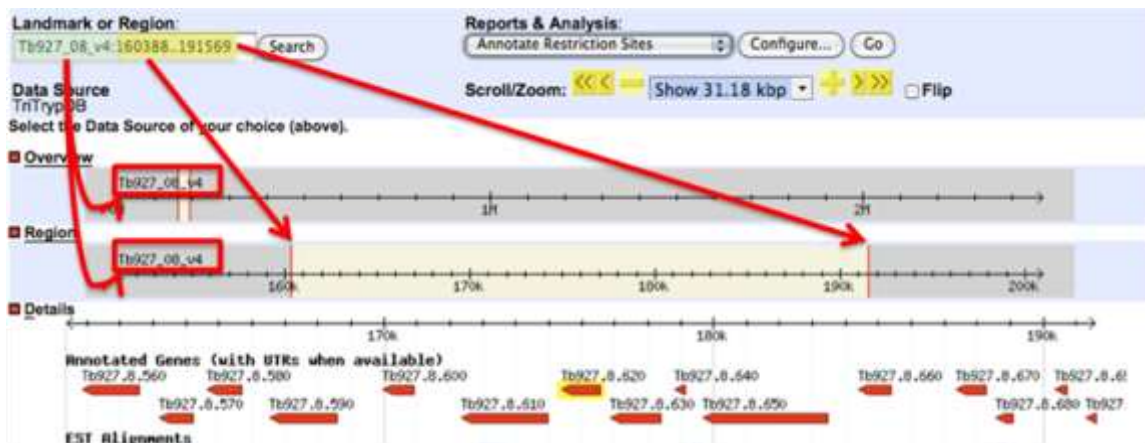
- A través del link “View in Genome Browser” en cualquier página de un ID, por ejemplo, la página de un gen, de una secuencia genómica o de un EST.



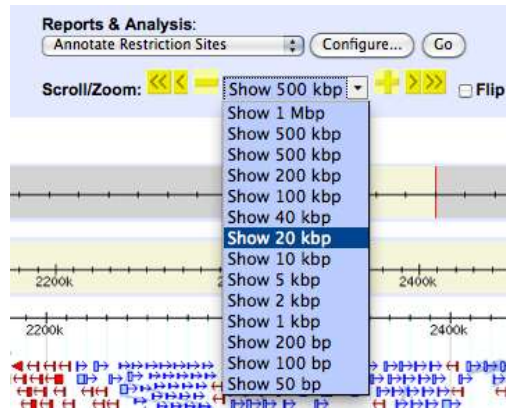
- En la sección Herramientas (Tools) en la página principal o en el menu gris horizontal (Tools).



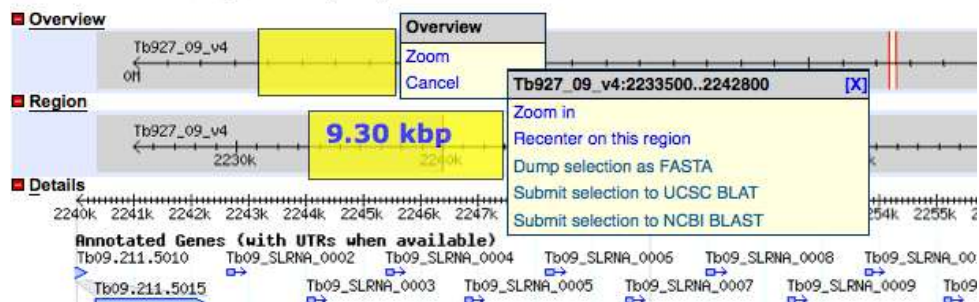
- b. Ir a GBrowse desde la primera página de TriTrypDB. Explora la página de GBrowse – nota las diferentes secciones: Instrucciones, Búsqueda (Search), Descripción (Overview), Región, Detalles, Secciones específicas (Tracks), etc...
- c. Mira el cuadro “Landmark or Region”, qué información contiene?



- Qué cromosoma estás mirando? En qué parte del cromosoma te ubicas?
- Muévete a otra region en este cromosoma – por ejemplo, visita el brazo derecho del cromosoma. (pista: cambia las coordenadas en el cuadro “landmark or region” – mira en la Descripción (overview) para darte una idea del tamaño total de este cromosoma (ej. 2000000..2500000).
- Ve al cromosoma 9. Cómo haces esto? (pista: cambia el número de cromosoma en el cuadro “landmark or region” – debería verse así: Tb927_09_v4:2000000..2500000).
- Aplica el Zoom hasta ver una region de 20Kb. Selecciona 20Kb en el menu “Scroll/zoom”.



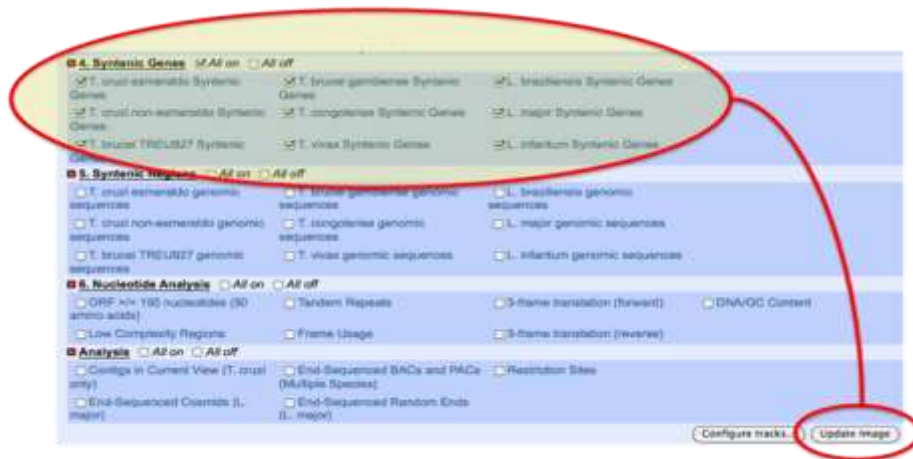
- Qué genes se ven en esta región? (pista: mueve el ratón (mouse) sobre los genes y mira las referencias que aparecen).
- Hay otras maneras de moverse y acercarse? Intenta resaltar (seleccionar con el mouse) una sección en la parte de “Overview” o “Region” en GBrowse.



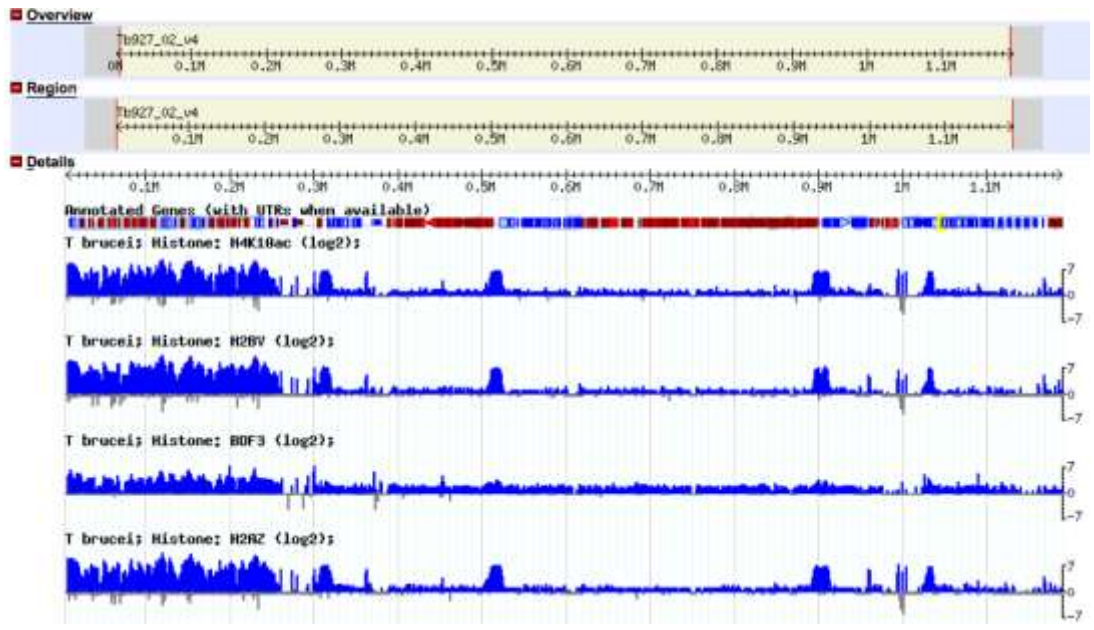
- Cómo llegarías a un gen determinado en GBrowse? Intenta llegar a este gen: Tb927.3.2710 (pista: escríbelo en el cuadro “landmark or region”).
- Qué es este gen? Puedes hallar este gen en GBrowse de otra manera? (pista: teclea “fructose-2,6-bisphosphatase” en el cuadro “landmark or region”).
- Qué sucede si tecleas “bisphosphatase” y pinchas “Search”? Puedes encontrar el gen “sedoheptulose-1,7-bisphosphatase” de *T. brucei*? Una vez que lo encuentres, hazlo aparecer en GBrowse.

2.2 Explorando secciones (“tracks”) en GBrowse

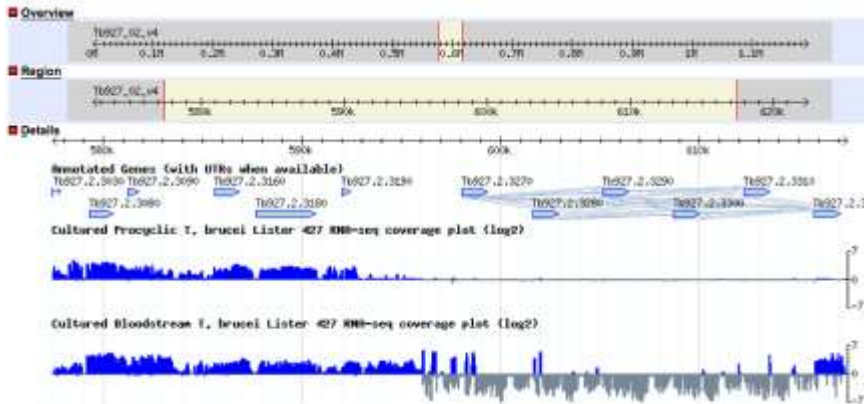
- Intenta determinar si existen genes sintéticos alrededor del gen “sedoheptulose-1,7-bisphosphatase” en otros kinetoplástidos. (pista: activa las secciones (tracks) de genes sintéticos – clickea los cuadritos y luego presiona el botón “update image”. Pon el zoom a 20Kb).



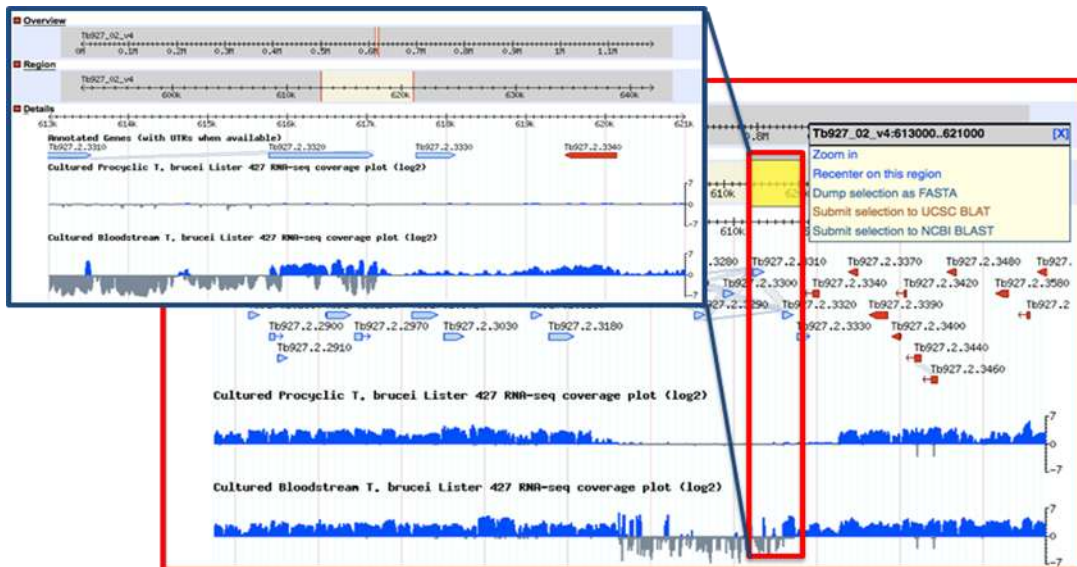
- b. Hay genes sinténicos a este gen, en todas las especies de TriTrypDB? Activa el track “syntenic regions” para ver la secuencia genómica de esta región. Está completa? Mira la secuencia genómica de *T. vivax*, notarás que la secuencia no es continua (pon el zoom en 40KB). Por qué? (pista: pasa el mouse sobre las dos regiones y mira la información que aparece – están estas dos secuencias en el mismo cromosoma? Cómo lo explicas?).
- c. Explora otras tracks o secciones – recuerda que en este caso los tracks solo mostrarán datos si éstos existen para *T. brucei*, ya que hemos seleccionado un gen de *T. brucei*. Por ejemplo, activa los datos de CHIP-seq y desactiva el track de regions y genes sinténicos. Qué muestran los datos? Quita el zoom hasta ver el cromosoma entero – Aproximadamente cuántas unidades polიცистрónicas tiene el cromosoma? Hay correlación entre los picos de CHIP-seq y la dirección de los genes (azul vs. rojo)?



- d. Ahora pon el zoom a 40Kb. Desactiva el track de ChIP-seq y activa los de RNA-seq (dos tracks). Deberías estar viendo 40Kb en la región central del cromosoma 2. de *T. brucei*. Nota las barras azules y grises en los gráficos. Qué indican las barras grises?

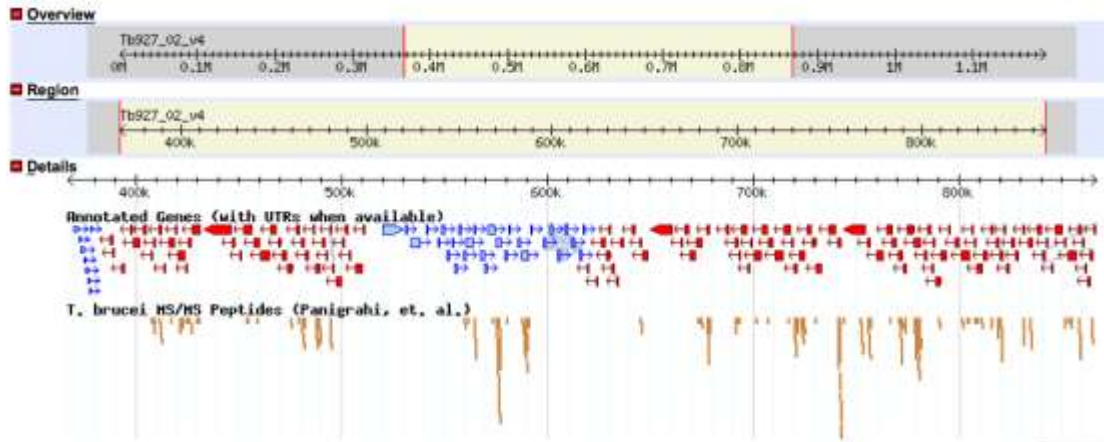


- e. Ahora ajusta el zoom a 100Kb – ves alguna diferencia entre las formas de sangre y procíclicas? Ajusta el zoom para ver algún gen que parezca estar regulado diferencialmente. Puedes concluir algo?



- f. Puedes activar otros tracks que apoyen tus conclusiones? (pista: activa los tracks de EST y de evidencia de proteínas en *T. brucei*). Hay alguna evidencia de proteómica para esta región? Y de EST? Haz click a un gráfico (glyph) de EST para ver información adicional.

- g. Desactiva los tracks de RNA-seq y activa el de evidencia proteómica en *T. brucei*. Ajusta el zoom a 500Kb. Explora la evidencia de expresión génica basada en espectrometría de masa (mass spec) – qué gen muestra el mayor número de péptidos?



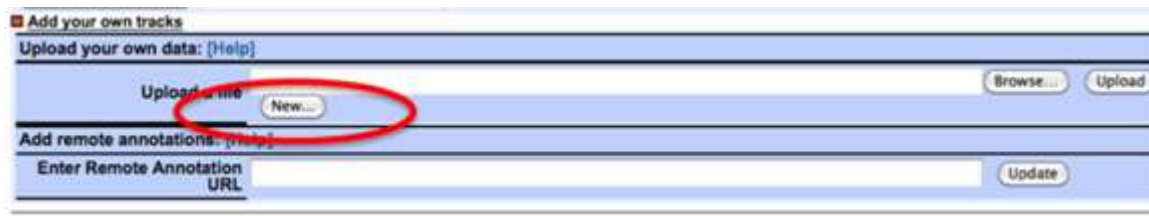
2.3 Descargando datos desde GBrowse y cargando tus propios tracks

a. Puedes descargar datos desde GBrowse en diferentes maneras y formatos.

The screenshot displays the GBrowse interface for a genomic region. The top section includes a search bar and a 'Reports & Analysis' dropdown menu (circled in red and labeled '1'). The middle section shows an overview of the region, with a specific 11.40 kbp region highlighted in yellow (circled in red and labeled '2'). The bottom section shows details for an annotated gene, 'Tb927.2.3310', with a 'Download CDS | protein' option circled in red and labeled '3'.

1. El menu descolgable (creo que suena mejor “desplegable”) “Report and Analysis” te permite seleccionar un formato para descargar la región que estás observando con toda la información que se muestra.
2. Resaltando (highlighting) una sección en tus regions te permite obtener la secuencia nucleotídica de la region en formato FASTA (también puedes usar esta herramienta para enviar una secuencia a Genbank).
3. Pasando el mouse sobre un gen revelará una ventana con la opción de obtener la secuencia codificante o de amino ácidos de tal gen.

- b. **También puedes cargar tus propios tracks.** Una razón para subir tus propios tracks es cuando tienes datos que quieres mostrar sobre un cromosoma o segmento genómico y verlo en el contexto de los modelos de genes y otros datos. Para hacer esto debes seguir algunas reglas para asegurar que el archivo que estás subiendo será entendido por GBrowse. En este ejercicio haremos solo un par de ejemplos simples para darte una idea de las posibilidades. Hay muchos recursos online si deseas ver más.
- Imaginemos que has clonado un nuevo gen y quisieras mostrarlo en GBrowse. Ve al fondo de la página de GBrowse y haz click a “new” en la sección “upload your own data”.



- Pueden usarse diferentes formatos – en este ejemplo, estamos diciendo a GBrowse que tenemos un gen y algunos datos sobre el gen, como su ubicación. Pega lo siguiente en el editor (la ventana que aparece luego de clicar en “New”), luego clicas en “upload” (pista: a veces debes ajustar el zoom para ver la marca de tu gen):

```
Tb927_02_v4  annotation  gene  608800 609999 1500  +  .
```

Ahora deberías ver un nuevo track con tu gen.

- Cargaremos ahora datos más complejos. Para esto, vamos a usar una URL que contiene la información que necesitamos. En la parte llamada “Enter Remote Annotation URL”, ingresa lo siguiente y clicas “upload” (pista: a veces debes ajustar el zoom para ver la marca de tu gen): **<http://tinyurl.com/yz87txs>**

