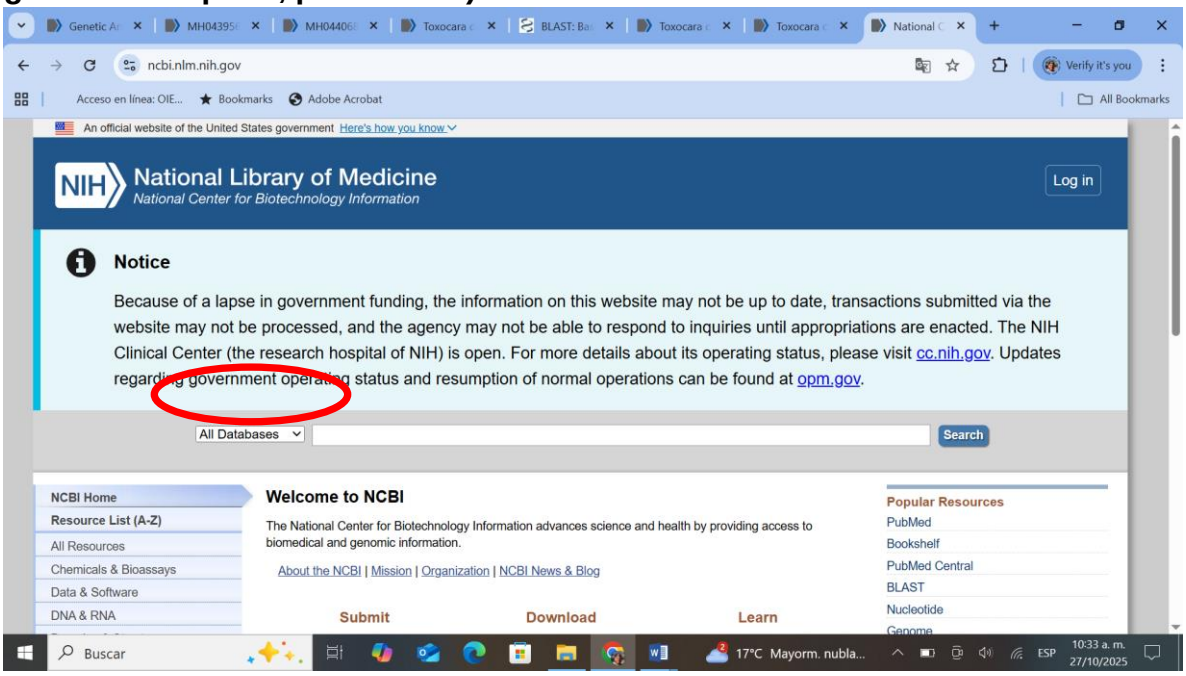
Metodología análisis bioinformático elemental

Desde acceso al GenBank y tener la información para análisis genético

Pasos

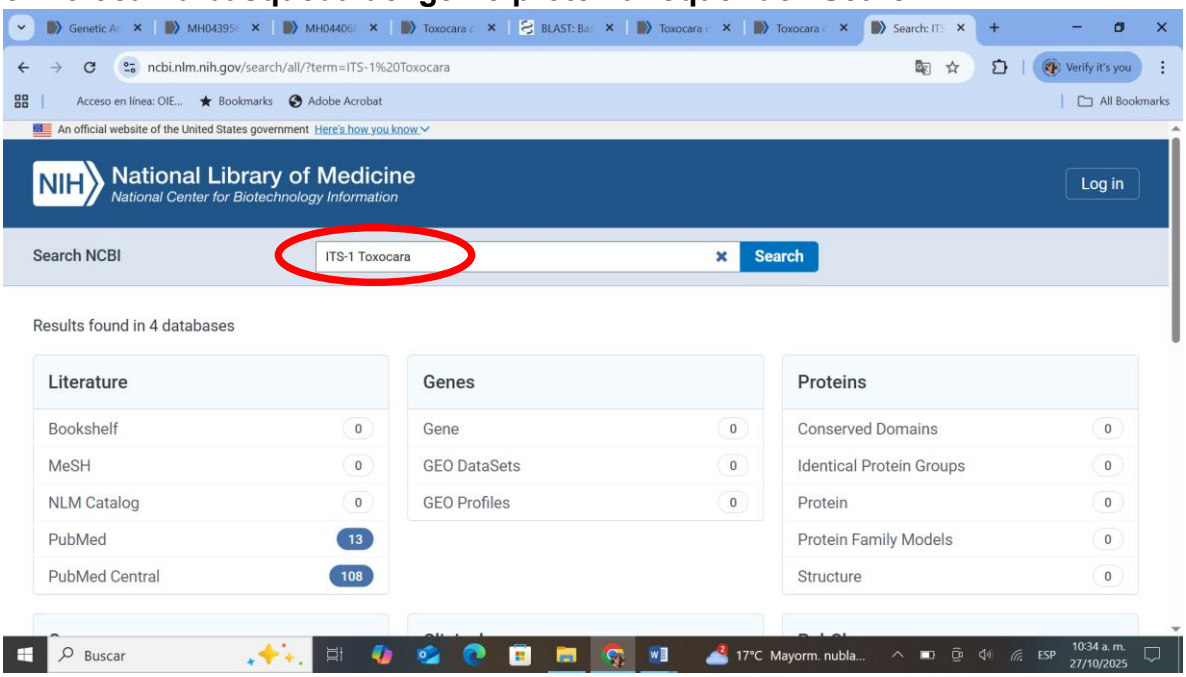
1. Ingresa a la base datos https://www.ncbi.nlm.nih.gov/

2. Selecciona qué tipo de información registrada se desea acceder (ej. genes, genoma completo, proteínas ..)



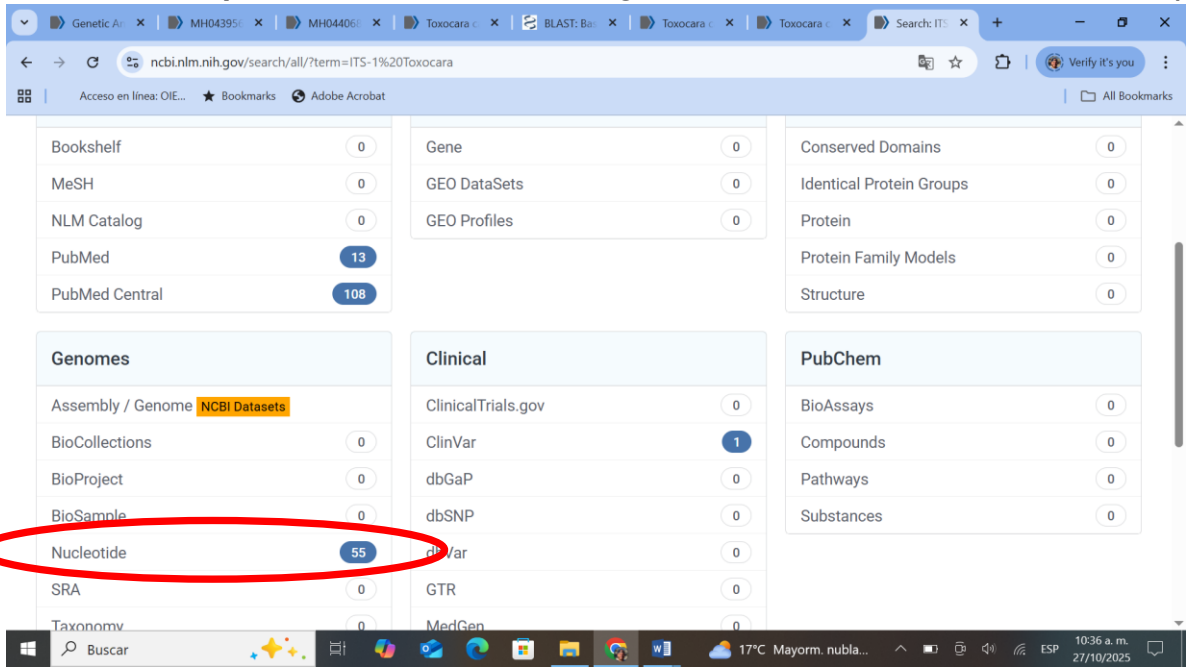
Nota: Cuando es un fragmento de un gen, dejar “All Databases”.

3. Colocar la búsqueda del gen o proteína requerido “Search”



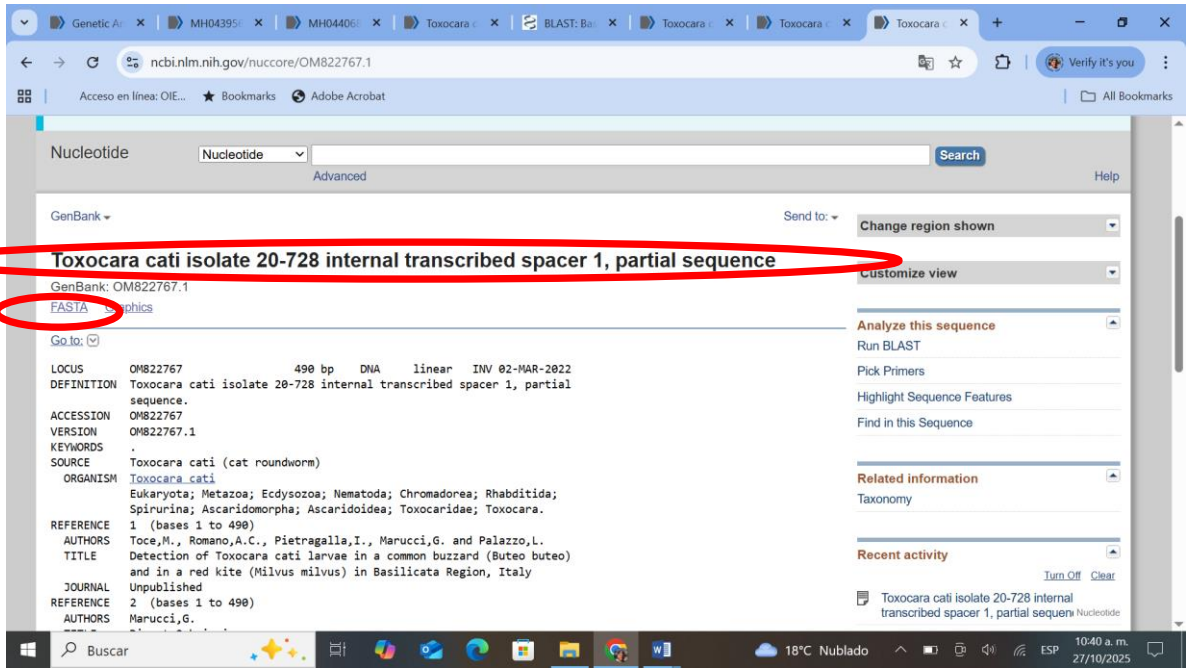
Nota: Para este caso fue un fragmento del DNA ribosomal del nematodo *Toxocara* (ITS-1)

4. Buscando secuencias depositadas (o nucleóticos, o péptidos, o documentos publicados con ese fragmento de DNA en Toxocara …)

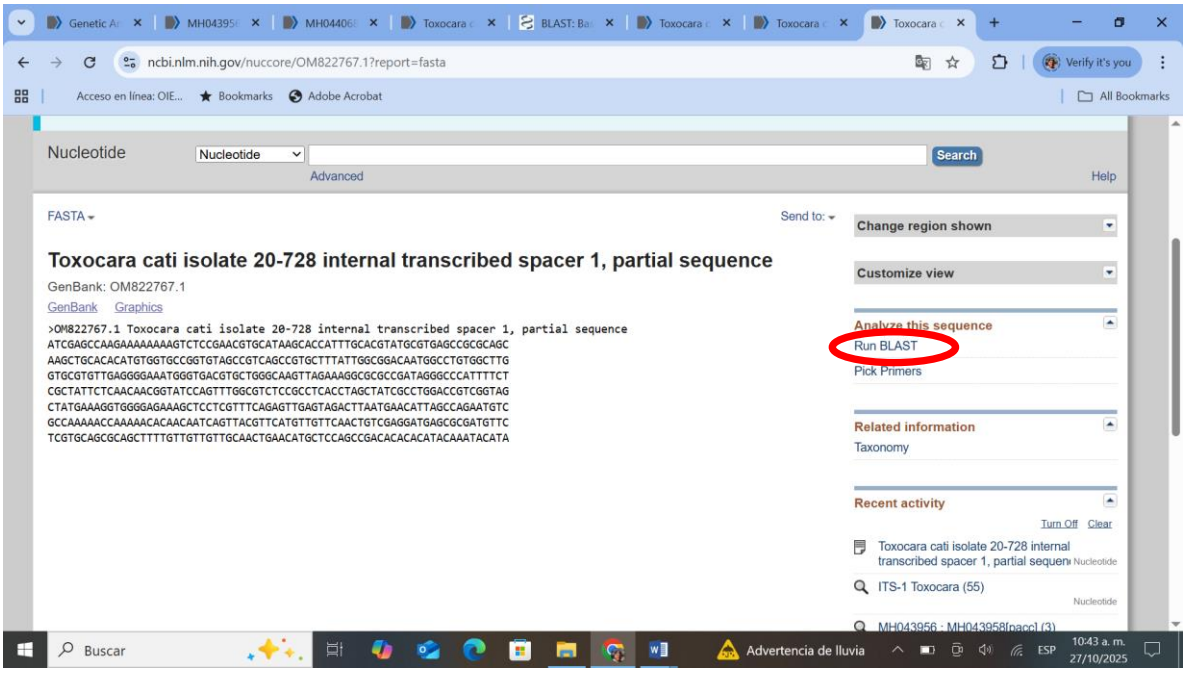


Nota: para este caso fue nucleótidos.

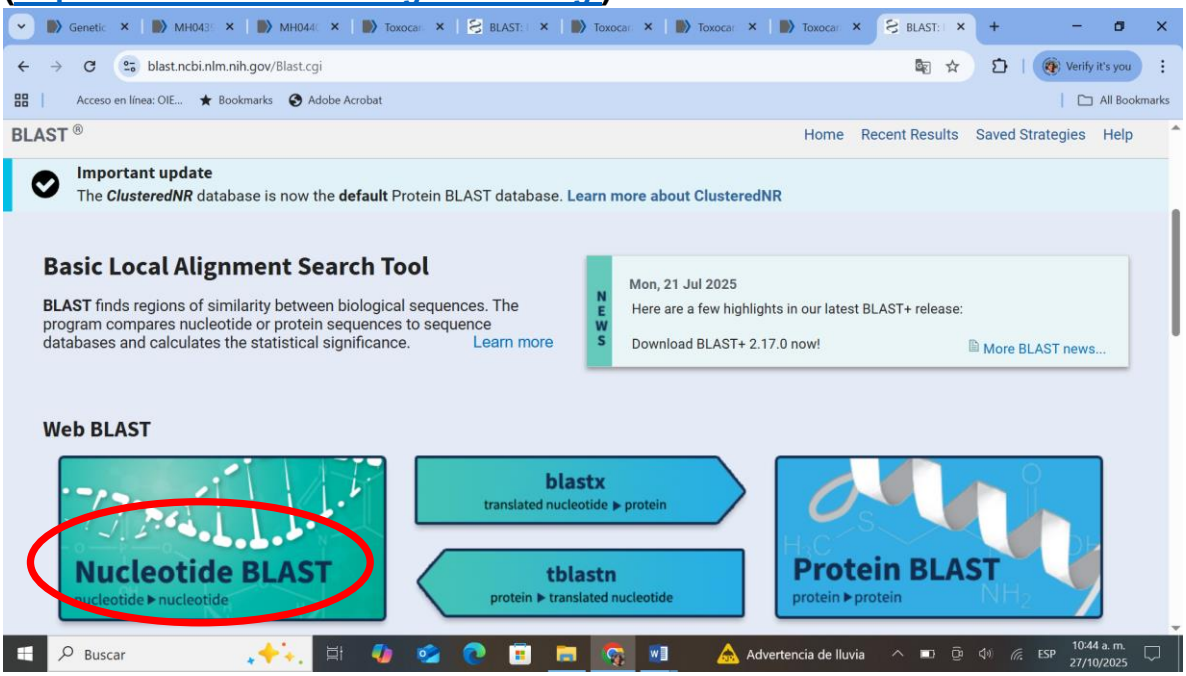
5. Identificar la parte amplificada versus lo depositado en NCBI + Secuencia FASTA



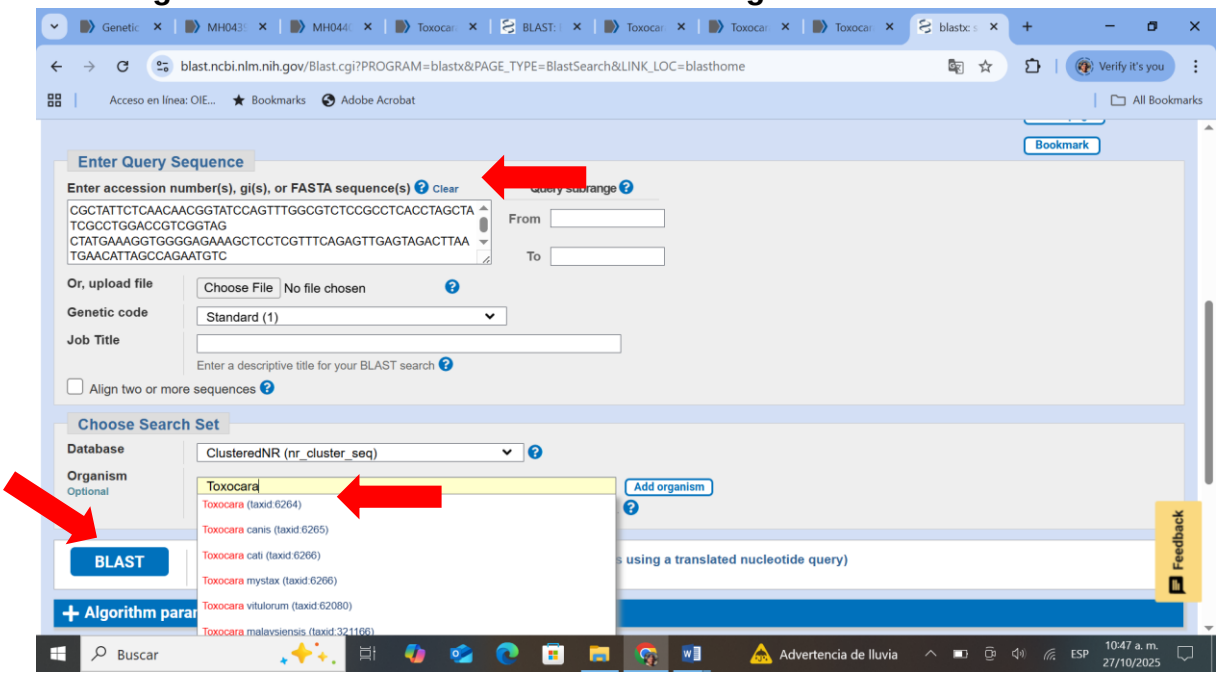
6. Copiar secuencia e ir a BLAST



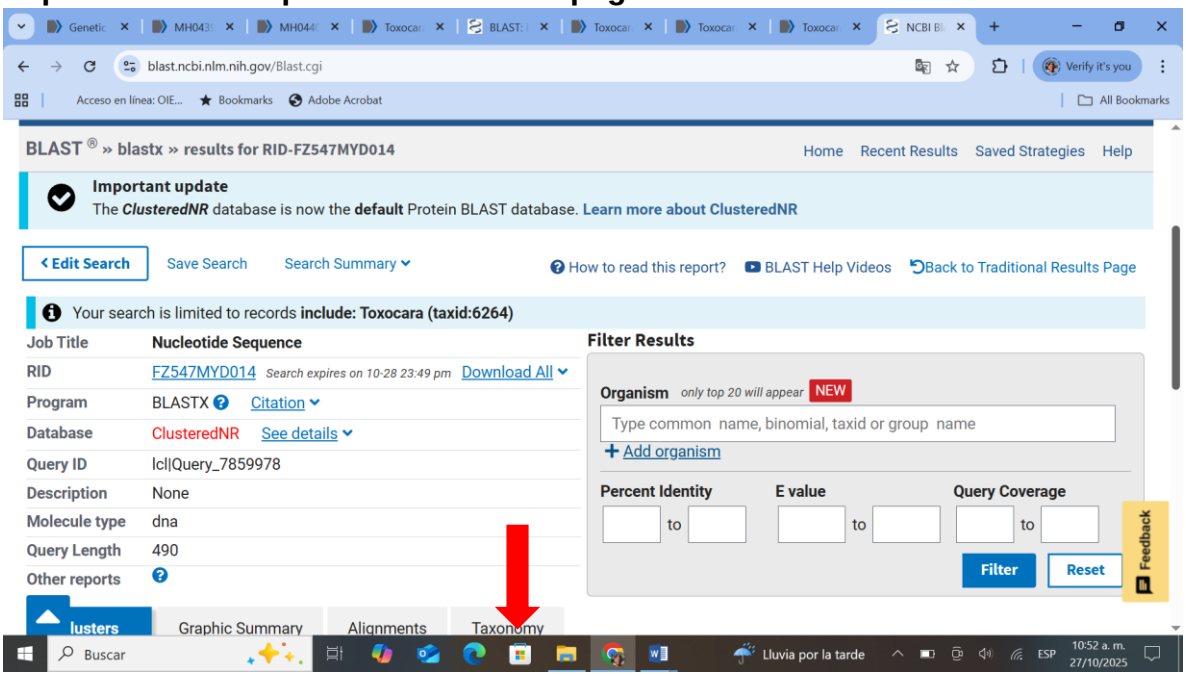
7. o desde la página inicial de BLAST acceder (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi) a BLASTn



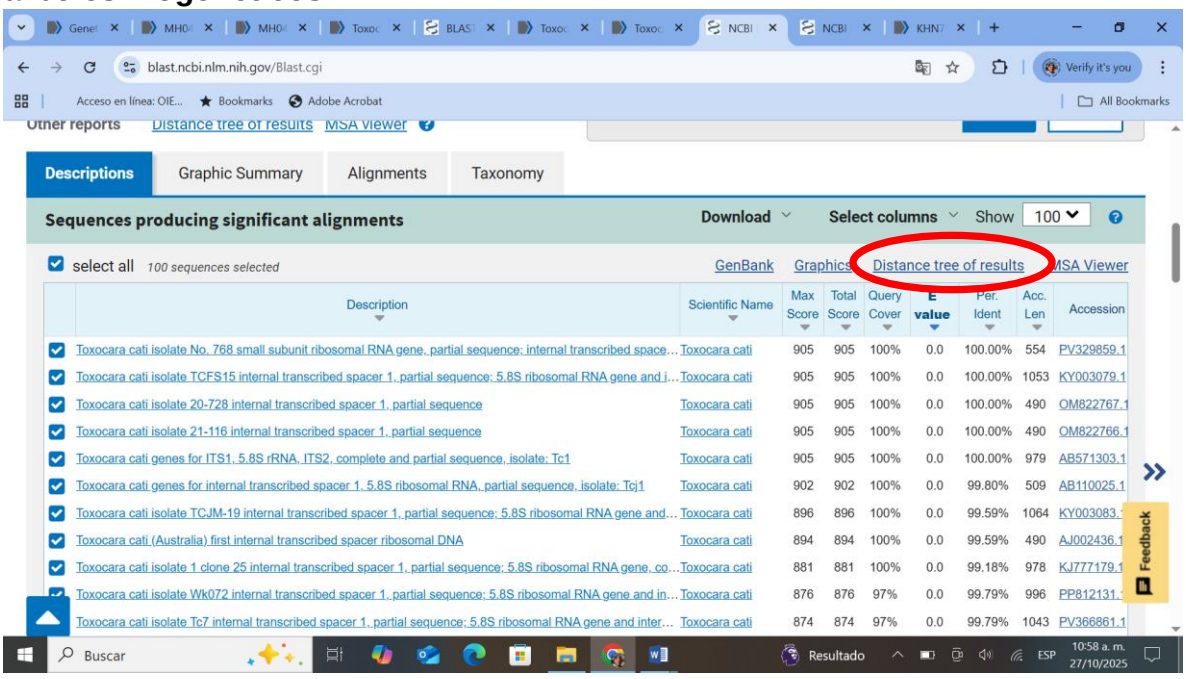
8. A. Pegar secuencia FAST + B. Procurar el organismo + C. clic "BLAST"



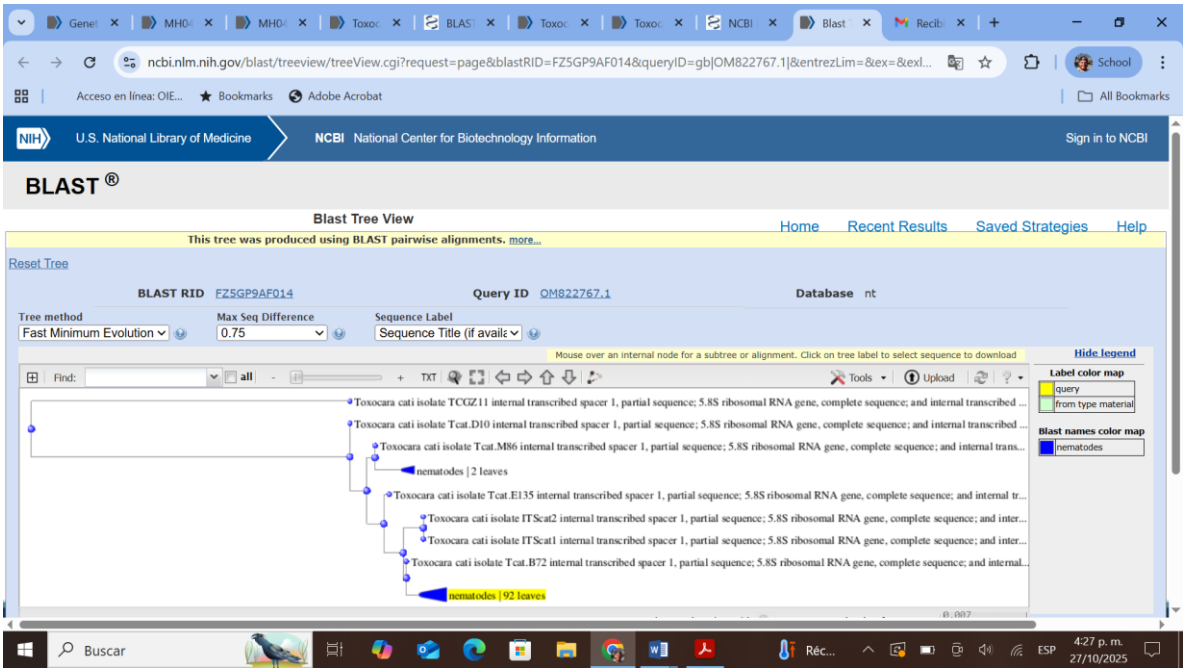
9. Esperar cargue de información en página nueva e ir a las secuencias depositadas en la parte inferior de la página



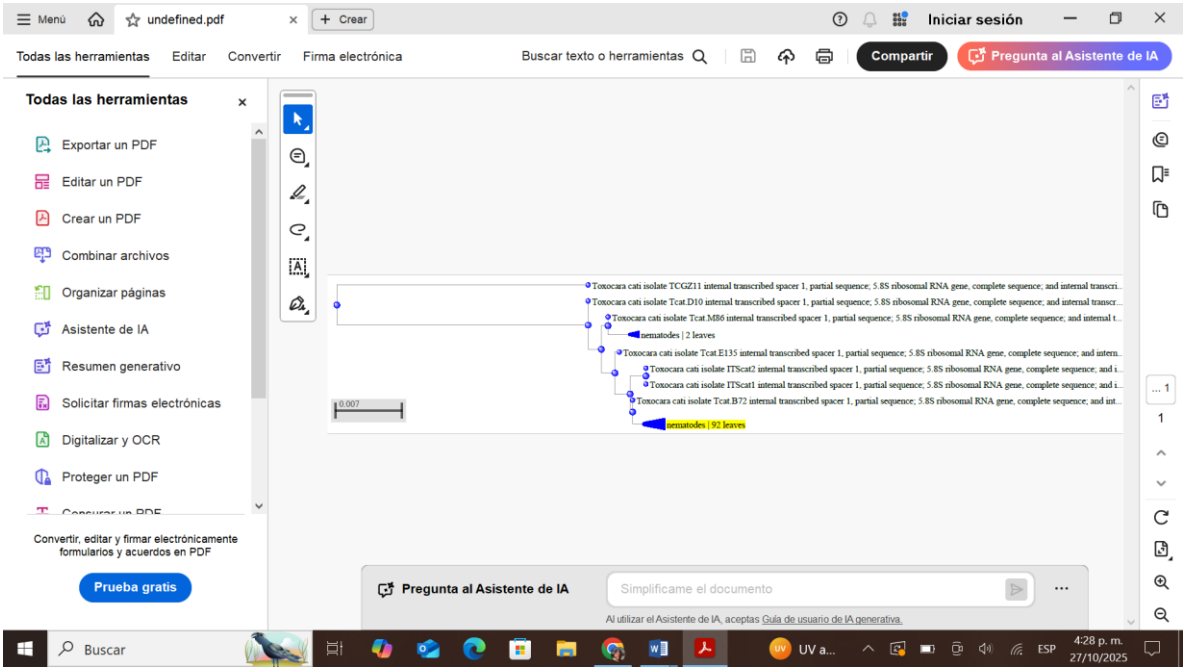
10. Seleccionar las secuencias para el estudio genético (ej. a través de árboles filogenéticos



11. BLAST permite generar estudios filogenéticos a través de distanciamiento génico por arboles, esta salida del software permite descargarse en varios tipos de archivos, hasta en PDF.

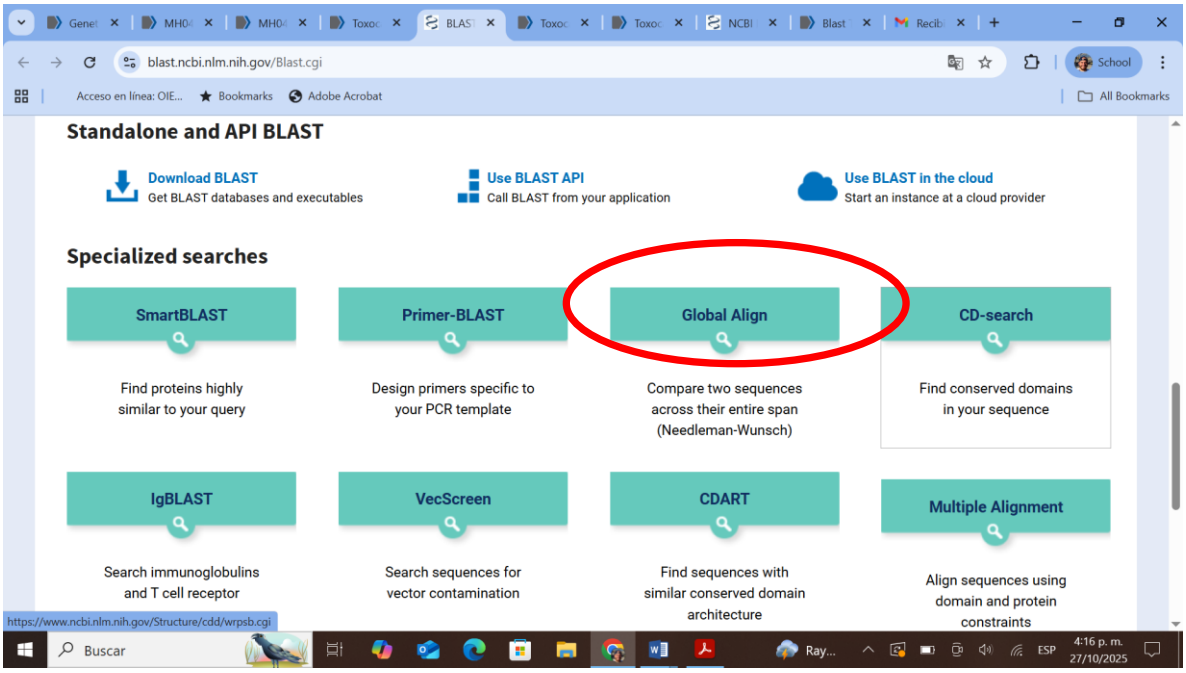


Anexo. PDF - salida del BLAST del árbol Filogenético de ITS-1 de *Toxocara*

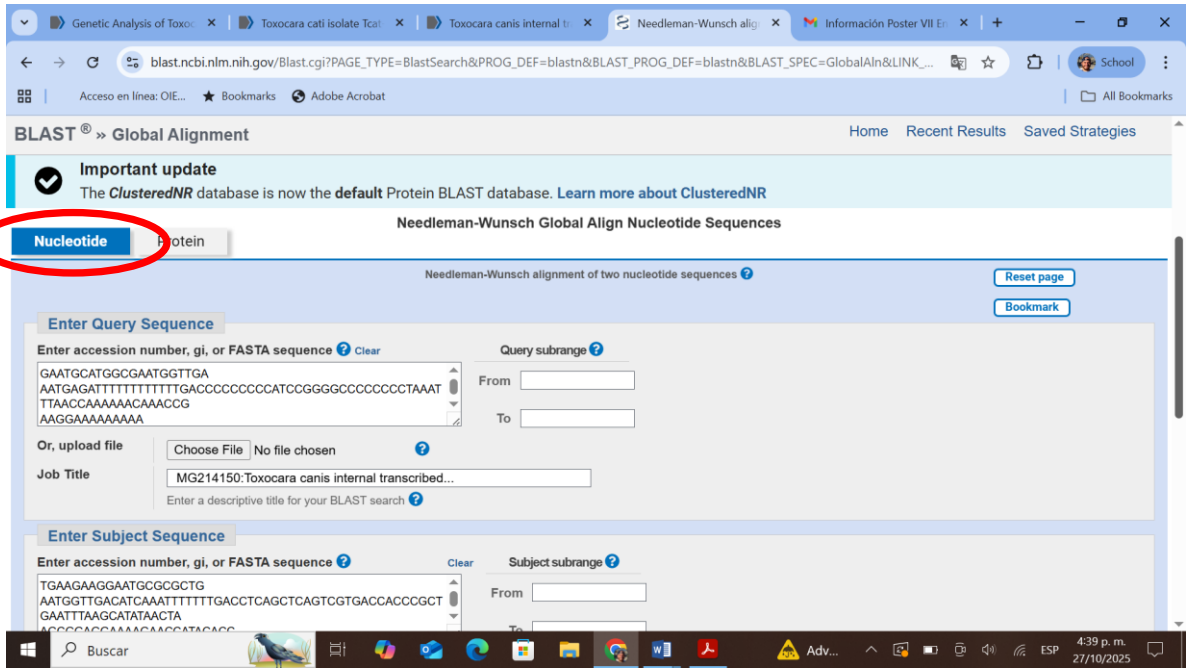


Por otro lado …

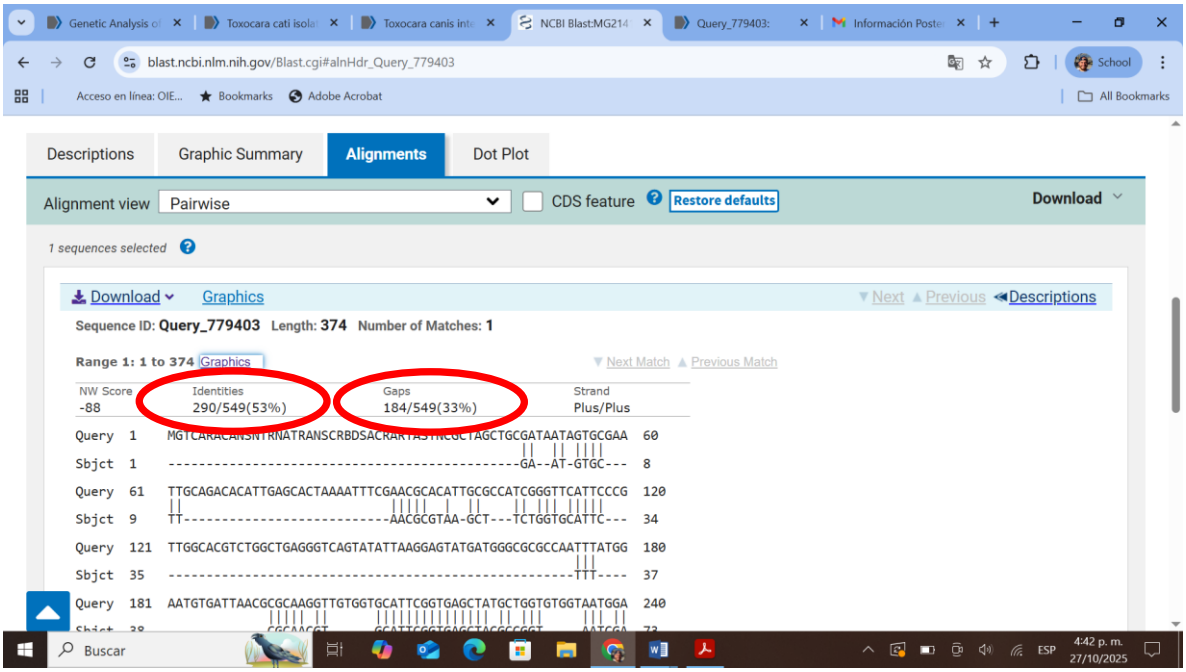
12. En la página inicial de BLAST (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi) acceder al “Global Align”



13. Permite comparar depósitos de secuencias de nucleótidos (Para este caso ITS-2 de T. canis versus *T. cati*) + Click “BLAST”



14. Análisis específicos de distanciamiento genético entre dos fragmentos de gen o genes.



Se puede graficar el análisis: