

PROTOCOLO PARA LA BÚSQUDA DEL SELENOPROTEOMA DE LA ESPECIE PROBLEMA

1. Obtener la secuencia del genoma problema .
2. Investigar sobre la biología de la especie problema .
3. Obtener las secuencias de selenoproteínas conocidas (usando, entre otras fuentes, la base de datos **Selenodb**) de las especies con las que vamos a comparar nuestro genoma problema.
4. Para cada selenoproteína:
 - a. Comparar la secuencia de aminoácidos con nuestro genoma problema utilizando el programa **tBLASTn**.
 - b. Identificar los *matches* relevantes, es decir aquellos que alineen la selenocisteína de la selenoproteína con un codón STOP o una cisteína en nuestro genoma problema.
 - c. Extraer la secuencia genómica que contiene el gen de la posible selenoproteína (coger 1000 nucleótidos *upstream* y 2000 *downstream* aproximadamente) para poder hallar en este fragmento un posible SECIS.
5. Para cada subsecuencia:
 - a. Alinear la selenoproteína conocida con la subsecuencia usando **Genewise** y/o **Exonerate**.
 - b. En el caso de hallar selenoproteínas, buscar posibles elementos SECIS en el extremo 3'UTR, usando el programa **SECISearch**.
6. Para encontrar selenoproteínas en nuestro organismo problema desconocidas hasta el momento, buscar elementos SECIS en todo el genoma.
7. Caracterizar las selenoproteínas encontradas o para las proteínas homólogas con cisteína en nuestro organismo problema. Para ello podemos ayudarnos con el programa **Expasy**.
8. Realizar también una búsqueda de la maquinaria de síntesis de selenoproteínas, tanto en el caso que corrobore el hecho de que nuestro organismo codifica selenoproteínas como para descartar esta posibilidad y así reafirmar la hipótesis de que en el genoma problema no hay genes de selenoproteínas.

Para más información, consultar el apartado de "*Materiales y métodos*".