

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN ANTONIO ABAD DEL CUSCO
FACULTAD DE INGENIERÍA ELÉCTRICA, ELECTRÓNICA, INFORMÁTICA Y MECANICA
ESCUELA PROFESIONAL DE INGENIERÍA INFORMÁTICA Y DE SISTEMAS



“PLATAFORMA WEB PARA COMPARACIÓN DE SECUENCIAS GÉNICAS
ORIENTADA AL ANÁLISIS DE MUTACIONES DE LA PROTEÍNA HUMANA P53.”

PARA OPTAR AL TÍTULO PROFESIONAL DE:
INGENIERO INFORMÁTICO Y DE SISTEMAS

TESIS PRESENTADA POR:

Br. Julio Cesar Acurio Pumalloclla.

Br. Yessenia Baca Muñiz.

ASESOR:

MGT. JULIO CÉSAR CARBAJAL LUNA

CUSCO - PERÚ

2016

RESUMEN

El presente trabajo de investigación tiene como objetivo el desarrollo de una plataforma web para las comparaciones de las secuencias génicas orientadas al análisis de las mutaciones de la proteína humana P53, cuyo propósito es saber si una secuencia génica se encuentra mutada o no y cuál sería el posible cáncer producto de la mutación. La proteína P53, guardián del genoma humano, o supresora de tumores, desempeña un papel muy importante en apoptosis y control del ciclo celular. Un p53 defectuoso podría permitir que las células anormales proliferen dando como resultado cáncer.

La organización mundial de la salud nos indica que una de cada tres personas será diagnóstica con algún tipo de cáncer en algún momento de su vida, gracias a la detección oportuna y actuales tratamiento se puede reducir a la mitad la letalidad del cáncer. Este proyecto pretende apoyar en el primer paso, como una herramienta para sirva en la detección de esta enfermedad y así formar una nueva cultura sobre el cáncer, eliminando los estigmas y ayudando de esta forma en las investigaciones en oncología.

Para realizar la comparación y el análisis de las secuencias génicas utilizadas en el presente trabajo de investigación se hicieron uso de tres algoritmos: LCS (Longest Common Subsequence), Needleman-Wunsch y el algoritmo Hirschberg, obteniendo mejores resultados con este último puesto que hace menor uso de los recursos en términos de tiempo de ejecución y uso de espacio de memoria.

Una vez realizada la comparación y el análisis de las secuencias se pudo visualizar los resultados obtenidos a través de un reporte, en el cual se aprecia las posibles mutaciones y el posible cáncer sirviendo de esta forma como una herramienta muy útil en la lucha contra el cáncer.

“Después del cáncer hay una nueva vida”.

Palabras clave: cáncer, transcripción del ADN, apoptosis, OMS (organización mundial de salud), células, diagnósticos, oncología. Genoma humana, proteína humana P53, enfermedad crónica degenerativa.