

- 1) El ADN.
- 2) Se podría guardar en una lista ordenada y que cada elemento sea un objeto de tipo aminoácido. Depende para que aplicación también se podría guardar como un string en donde cada letra es un residuo.
- 3) Podría ser un árbol ternario de listas de estructuras primarias.
- 4) Logro imágenes de alta resolución de la estructura del ADN con la técnica de difracción por rayos X.
- 5)

```
for (aa in proteina):  
    res = ""  
    if (aa.tendenciaEnH()):  
        res.append('H')  
    elseif (aa.tendenciaEnB()):  
        res.append('B')  
    else (aa.tendenciaEnL()):  
        res.append('L')  
return res
```

Este código toma como input una proteína (una lista de aminoácidos) y el output lo arma tomando cada residuo y fijándose si tiene tendencia a ser hélice (H), beta plegada (B) o loop (L). Según la tendencia de cada residuo se agrega un char al string que especifica esta tendencia.

- 6) Si el ADN contiene la información necesaria para construir proteínas y las cadenas de ADN están formadas por muchas combinaciones de los cuatro nucleótidos A, C, G y T, entonces la más mínima de orden o secuencia entre la cadena de un individuo y la de otro individuo va a hacer que sus proteínas se construyan de forma diferente y por ende sus características van a ser también diferentes.