

Taller - 07

Integrantes:

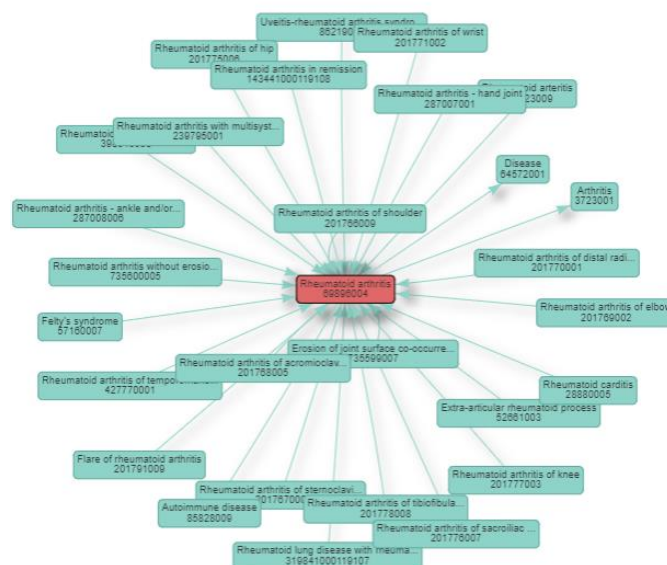
- Nicolas Montoya Leon - 202310678
- John Anderson Acosta - 202212004
- Raquel Bautista Escobar – 202310296

1)

- Realizando una consulta en PCM, desde 2019 a 2022 hay un total de 14145 publicaciones relacionadas con *Solanum lycopersicum*, estos se encuentran en algunas revistas como Frontier in Cell and developmental biology, RSC Avances o Scientific reports.
- "Para la búsqueda de los artículos publicados por Andrew Crawford se encontraron 18 artículos en los últimos 5 años bajo el nombre Andrew J Crawford en PMC y 8 publicaciones para Alejandro Reyes Muñoz.

2)

- El OLS es una base de datos del EBI que sirve de repositorio de ontologías biomédicas, este brinda un único punto de acceso a las ultimas y actualizadas ontologías. Las ontologías corresponden a una forma de organización de los genes en diferentes categorías descendientes desde lo más general hasta lo más específico en lo que respecta al funcionamiento celular.
- Para la artritis reumatoidea se identifican los siguientes ontólogos



3)

- El **OPN1LW** se manifiesta para humanos en ojos y el plexo coroideo.
- Dentro de del Bioma 'Food Production' solo se encontró un estudio relacionado con tomate, que fue el MGYS00001798
- La clasificación taxonómica de *Theobroma cacao* es |Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliopsida; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Malvales; Malvaceae; Byttnerioideae;Theobroma|
- El código corresponde a la proteína Methylecgonone reductase que pertenece a la planta de coca (*Erythroxylum coca*) que si posee estructura obtenida mediante estructuración en aislamiento.
- Para *Theobroma cacao* se identifica un genoma con longitud de 324.7 Mb
- *Phytophthora infestans* (potato late blight agent) y Characterization of *Phytophthora infestans* genes regulated during the interaction with potato son las investigaciones en las que corresponden a los códigos provistos. Estos se encontraban en formato FASTA.

```
>AJ487850.1 AJ487850 Phytophthora infestans Mycelium Phytophthora infestans cDNA clone IM-06E10, mRNA sequence
CGCTTCTTGTCCTCCCGCTTGTGTGTTTCTACACATCTTGAAACGACAAGGCCACCCGGACCATCTGCT
CACTGCAAAGCAATCCGCAAGGAAGTGATGTCCATGTTGGTCAACCACACCACTATCCTTATCATGGGC
AGGTTATTCCATCTCGGTCGCTTCTAAATGCCAGATCGAGCTCTACATCGCTGCGTTCCTGCAACGT
CGATTCAAGAAGAGTCCGAACCTGTTCTCTGCTAGCAATTATGATGATGGGACTGTTCTCTGCAATGTGGA
TCAGTAACCACACAGCTCCTGTGCTGTGTGCTGCGGTGCTGCTTCTATCATCAGGGATTTCCTCAAGGA
CAGCACCTACGTGAAGACACTGCTTATTGGTCTGGCCTTTGCTGCAACCTTGGAGGGATGATGACGCCA
ATCTCTCACTACAAAACACGCTTGCAAGTGCCTTCTGGAGAAGGCTGGATACACCGTCACCTTTGGCCA
GTGGATGGCGATGGCTATTCCGTTTTCAGCTGTCGGCACGATTATGTGTTGGGCGTTCCTGCTGTGGGTA
ATGGACCCTCGCATGCGACGTACCTCGG

>AJ487847.1 AJ487847 Phytophthora infestans Mycelium Phytophthora infestans cDNA clone IM-008D, mRNA sequence
CTATTTATTGAAAGACGTCACTGGACTTGATAGTGTGTGCAATATTTATGCAAGTGTGCAAGGTTTCAC
GTGGCCGAATATTTCTCAAGCAGCCGCAACAATGTCTTTAAGCGTTACTGACATGTTACAAACAAC
GAATCGACAGACGCTGCAACGCTGAAGGGTGATTGATGGTATTCTCTGGAAGACGAAAAGTCTCGT
GGAAACATTACAAGTCTACAATCGTTTACATTACACCGATGAAGGTGTTTATCCTTCAATTCCAGT
GTCACGAGTCTCAATGGCTGCAGCTGATGCTGTTGGCTCAAGCTTCTGGAGTGTCTCAGACACTCGT
GCCAGGCTTCACTCTAGGAGAGAAAAGTAGCAACGGAAATTTGGGGTTGACTGCCTCTACTTCCGATGCT
GAAAGTATCGCCGAGCAGCTGGAAGCTGTTCAAAGCTCTTCCGAACACCAACAACCTTCAGCTCAA
ATGACAGAAACAGTGCACCTTCCAAGCACACCACGCTCCTAGTCTGCGCGGAATTCGATCGCCTTTTGT
GTCGTCTCGGCGGTAGCAGCACTGCAAATGTTTACCTCAGTGAAGGTGCTAGCACTACCGGTATCGATG
AACCAGACGTCAACCAACGCTCAAGTCTTCAATGTGTTTATGTCTCCACTACAACAAGTTCGTTTGG
ATCGAGCTTCCGAATTGACGCCGCGCTCGCATGCTTTGTC
```

4)

- Hay en total 20 genomas según NCBI con 20 cromosomas cada uno; estos tienen en promedio una longitud promedio de 48070081 pb y en este caso se codifican 52,872 proteínas para este genoma.

En este caso el genoma sí está curado, ya que dentro de su estado se ensamblase se encuentra información para RefSeq que es un indicador de la curaduría del mismo.