

Cuestionario

1. Describe en un párrafo las características del género *Vanilla sp.* Usa términos que tu comprendas.

Solución. El género *Vanilla* abarca más de 100 especies distribuidas en los climas tropicales de todo el mundo. Dentro de este género se atienden las siguientes especies.

- *V. planifolia*
- *V. odorata*
- *V. pompona*
- *V. insignis*
- *V. inodora*

En el estudio de este género se ha llegado a la conclusión que aun hay más especies sin identificar, además que México y Costa Rica son ricos en este género. Para conservar este género se ha priorizado el evitar reducir la pérdida de diversidad genética.

2. ¿Para qué sirve el gen *rbcL*?

Solución. Participa en el proceso de fotosíntesis y fijación de carbono de la atmósfera para generar azúcar, lo cual lo hace gracias a la codificación de la Ribulosa la cual es una proteína principal en la fijación de dióxido de carbono. Este es el proceso bioquímico más importante del planeta ya que sostiene las cadenas tróficas.

3. ¿Qué significa BLAST y cómo funciona?

Solución. Por sus siglas Basic Local Alignment Search Tool es una herramienta para alineamientos de secuencias, este algoritmo es el más usado por el National Center for Biotechnology Information (NCBI). Su funcionamiento consiste en escoger una búsqueda preliminar de similitud entre una secuencia problema y las bases de datos disponibles el cual provee como primer resultado una medida la cual es cuantitativa con respecto a la similitud entre la secuencia problema y la de la base de datos. Al final resultará en los alineamientos entre ambas secuencias.

4. ¿Por qué es importante alinear antes de llevar a cabo la construcción de un árbol filogenético?

Solución. Porque así descubrimos repeticiones, inserciones y deleciones en las secuencias lo que nos ayuda a que se produzca un mejor resultado en cuanto a similitud y, por ende, un árbol filogenético más puntual.

5. ¿Cómo funciona MUSCLE? ¿Qué significa que no haya espacios (gaps -) en el alineamiento?

Solución. MUSCLE es un método de alineación de secuencias de proteínas y nucleótidos. El algoritmo funciona de la siguiente manera, mediante tres etapas.

- Borrador Progresivo. El algoritmo produce un borrador de alineación múltiple en el cual enfatiza la velocidad sobre la precisión.
- Progresivo Mejorado. Se utiliza la distancia de Kimura para estimar el árbol binario el cual sirve para crear la alineación del borrador, el cual produce un alineamiento múltiple más precisa.

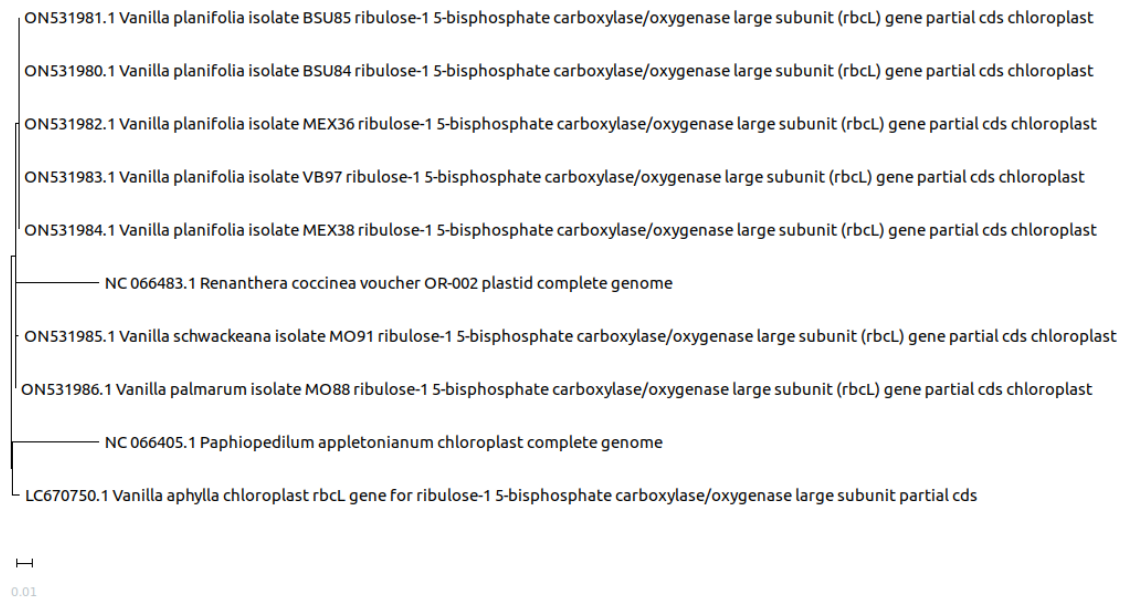
- Refinamiento. Refina el alineamiento preciso de la etapa anterior.

Al final obtenemos alineaciones de las secuencias.

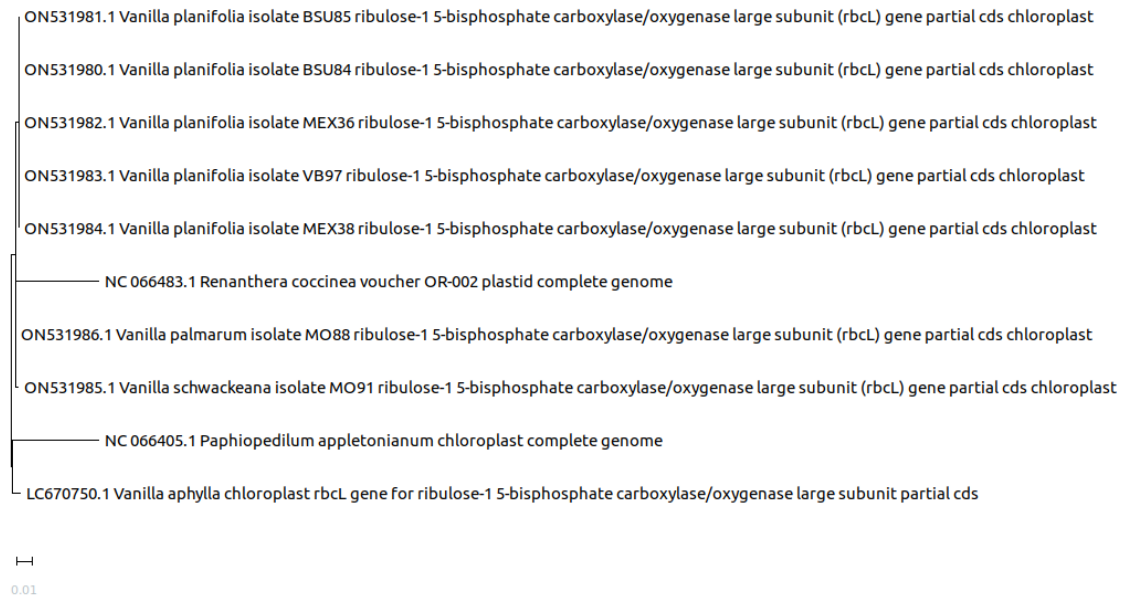
El que no existan espacios en el alineamiento quiere decir que la secuencia está muy bien alineada con respecto a la original.

6. Adjunta las imágenes de los árboles que obtuviste ¿Son iguales?, ¿Qué implicaciones tiene escoger uno u otro modelo evolutivo? De manera general, ¿Qué podrías concluir de cada árbol?

Solución.

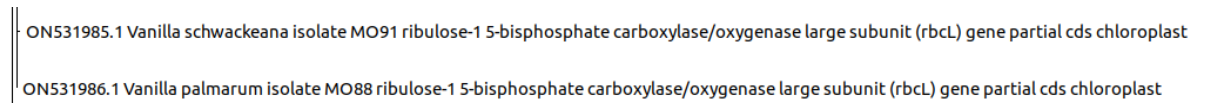


Árbol filogenético en el modelo Jukes Cantor.



Árbol filogenético en el modelo Kimura.

Podemos notar que prácticamente ambos árboles son iguales excepto en la siguiente parte.



En donde solamente intercambian sus posiciones esas líneas entre ambos modelos.

El modelo de Jukes Cantor propone una corrección en el número de sustituciones observables, es decir, lo usamos cuando queremos cambiar un nucleótido por otro, independientemente de la posición entre ambos.

Por otro lado, el modelo de Kimura es un refinamiento al modelo de Cantor, el cual tiene en cuenta la observación de más transiciones en vez de la observación de más transversiones y donde requerimos de la probabilidad de observar una transición a y la probabilidad de observar una transversión b . Lo usamos para mutar nucleótidos.

Podemos concluir que prácticamente no hay cambios en cuando al modelado del árbol, lo único en que se distinguen es el recorrido de cada modelo lo cual da un diferente árbol filogenético.

Referencias

- Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas. (s/f). Vainilla (Vanilla spp.). gob.mx. Recuperado el 29 de noviembre de 2022, de <https://www.gob.mx/snics/acciones-y-programas/vainilla-vanilla-spp>
- Boletines. (s/f). Unam.mx. Recuperado el 29 de noviembre de 2022, de https://www.dgcs.unam.mx/boletin/bdboletin/2009_519.html
- EMBnet Colombia - Centro de Bioinformática del Instituto de Biotecnología. (s/f). Edu.co. Recuperado el 29 de noviembre de 2022, de <http://bioinf.ibun.unal.edu.co/documentos/Blast/blast.php>
- Wiki, T. (s/f). MUSCLE (software de alineación). Hmong.es; tok.wiki. Recuperado el 29 de noviembre de 2022, de [https://hmong.es/wiki/MUSCLE_\(alignment_software\)](https://hmong.es/wiki/MUSCLE_(alignment_software))
- Home. (s/f). Megasoftware.net. Recuperado el 1 de diciembre de 2022, de <https://www.megasoftware.net/>
- Martínez, A., & González Tizón, A. (s/f). CAPITULO 4 APLICACIONES DE LA BIOINFORMÁTICA EN LA ELABORACIÓN DE FILOGENIAS MOLECULARES. Udc.es. Recuperado el 1 de diciembre de 2022, de <https://www.udc.es/grupos/gibe/uploads/gibe/andres%20ana/filogenias.pdf>