## CURSO: CC471 - 2018 -1

## Examen Final.

Tiempo: 2 Horas.

- 1. a) En que consiste el método de máxima verosimilitud aplicado en Filogenia?.
- b) Construya una matriz de probabilidades de transicion de nucleotidos para el modelo Jukes-Cantor (en funcion a la tasa de sustitucion  $\alpha$ )
- 2. Ud. quiere utilizar EcoRI para insertar su gen favorito (yfg) en el plásmido circular bacteriano pUC. Además, Identifica dos plásmidos diferentes, el plásmido X y el plásmido Y, que tambien contienen a yfg que está insertado en pUC. Se digieren los tres plásmidos (pUC, el plásmido X, y el plásmido Y) con EcoRI, BamHI, o ambas enzimas de restricción juntas. Todas las reacciones se ejecutan hasta su finalización y los resúmenes resultantes dan los siguientes resultados en kb:

Puc	Puc	Puc	Plasmido X	Plasmido X	Plasmido X	Plasmido Y	Plasmido Y	Plasmido Y
EcoRI	BamHI	ambos	EcoRI	BamHI	ambos	EcoRI	BamHI	ambos
7.0	4.0	4.0	7.0	4.0	4.0	7.0	4.0	4.0
	3.0	2.0	1.0	2.8	2.0	1.0	2.2	2.0
		1.0		1.2	1.0		1.8	1.0
					0.8			8.0
					0.2			0.2

- a) Dibuje el mapa de restriccion para cada plasmido.
- b) cual es la longitud máxima del gene yfg?

3.

a) Dibuje la estructura secundaria de la molecula del tRNA que se muestra a continuación

>Human\_tRNA\_38.chr6
GGCUGGUUAGUUCAGUUGGUUAGAGCGUGGUGCUAAUAACGCCAAGGUCGUGGGUUCGAUCCCCAUAUCGGCCA
.(((((...)))))(((...((.((((((...))))))).).)))(((((...)))))

b) Se sabe que esta molecula transporta Isoleucine (Ile)
 Muestre el segmento de esta molecula
 que entraría en contacto con un mRNA
 Sabiendo que:

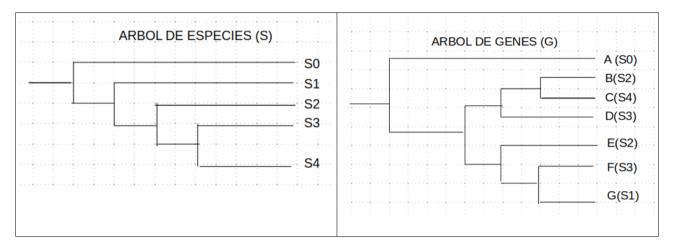
L-Isoleucine
(Ile)
$$H^{\alpha} = C^{\alpha} + C^{\gamma^{2}(H^{\gamma^{2}})_{3}} + C^{\delta_{1}(H^{\delta_{1}})_{3}} + C^{\delta_{1}(H^{\delta_{1}})_{3}}$$

Nonpolar, aliphatic R group

Essential in mammals

Codon Sequences: AUU AUC AUA

- 4. Efectue la reconciliación de los siguientes árboles S y G
- a) Muestre el mapeo utilizado. Que se puede inferir de los arboles reconciliados?
- b) Como se encuentran los eventos de duplicación? indique donde ocurren eventos de duplicación de genes en este caso.



5. )Mencione 4 metodos para medir la similitud de las estructuras de las proteinas. Explique brevemente.