

# CURSO: CC471 - 2018 -1

## Examen Sustitutorio.

Tiempo: 120 minutos. : Genere un documento de texto <Su Nombre><Apellido>-cc471-2018-1.odt Incluya todas las respuestas en ese documento. Al final entregará un zip con los archivos generados, y la misma estructura de nombre: <Su Nombre><Apellido>-cc471-2018-1.zip.

1. Encuentre la secuencia codificadora CDS de mRNA del gen que codifica la proteína “Cytochrome c Somatic” en el organismo Homo Sapiens.

**a) (2 Puntos)** Provea el Nombre del Gen, su Gene ID, los enlaces en la base de datos respectivas. Y la secuencia codificadora (CDS) de mRNA.

**b) (2 Puntos)** Además provea y señale en su reporte cual es la secuencia codificadora en formato FASTA, así como la secuencia traducida. Que se puede decir de la secuencia traducida?

**c) (3 Puntos)** Provea lo siguiente: Un archivo denominado “cytochromec-org.fasta” con las siguientes secuencias en formato FASTA.

- La secuencia de Cytochrome c Somatic para “Homo Sapiens”; Las secuencias de Cytochrome c para “mus musculus”, “rattus norvegicus”, “pan troglodytes”, “equus caballus” y “gorilla”

Además, provea un archivo con el alineamiento múltiple de estas secuencias. Pongale nombre “CytochromeC-alineamiento.clw”. ¿Que herramienta o método utilizo para hacer el alineamiento?

**d) (2 Puntos)** A partir del alineamiento anterior, calcule la matriz de distancias utilizando Bio Python.

Provea dicha matriz en su reporte, indicando claramente las columnas y filas con los organismos solicitados, es decir: (“Homo sapiens”, “mus musculus”, “rattus norvegicus”, “pan troglodytes”, “equus caballus” y “gorilla” )

**e) (3 Puntos)** Provea el código Python utilizado con comentarios en cada línea Ponga como nombre al programa “alineamiento.py”. Incluya una cabecera con los siguientes datos:

Examen sustitutorio CC471-2018-1, Problema N.º < >, Autor: <Nombre> <Apellidos>, Nombre del programa: \_\_\_\_\_.

**f) (4 Puntos)** Construya un árbol filogenético utilizando los métodos UPGMA y Neighbour Joining (NJ) con la matriz de distancias obtenidas anteriormente. Puede tomar como base el código de “alineamiento.py” y completarlo para generar los árboles solicitados, incluya los comentarios correspondientes.

Provea el código en python con el nombre “arbol-filogenetico.py” (Actualice la cabecera del programa y comente el código) incluya en su reporte del examen los 2 gráficos en formato de imagen (p.ej. UPGMA.png y NJ.png)

**2. (4 Puntos)** Describa y provea las características estructurales de Human Cytochrome C Y48h

incluya los enlaces web correspondientes. Provea el archivo con la estructura correspondiente en formato xml. ¿Cual es el elemento que se encuentra dentro de los tags:

<OrgName\_lineage> ... </OrgName\_lineage>