

CURSO: CC471 - 2018 -1

Examen Final.

Tiempo: 2 Horas.

1. a) En que consiste el método de máxima verosimilitud aplicado en Filogenia?.

R: Es un método que emplea modelos probabilísticos para seleccionar el árbol que tenga la más alta probabilidad de reflejar un proceso evolutivo real. Es un método exhaustivo que busca todas las posibles topologías. Para estos fines se utiliza un modelo de sustitución de residuos (P.Ej. Jukes Cantor) y se calcula la verosimilitud total de las secuencias ancestro que evolucionan en nodos internos hasta las secuencias existentes (Nodos hoja)

b) Construya una matriz de probabilidades de transición de nucleótidos para el modelo Jukes-Cantor (en función a la tasa de sustitución α)

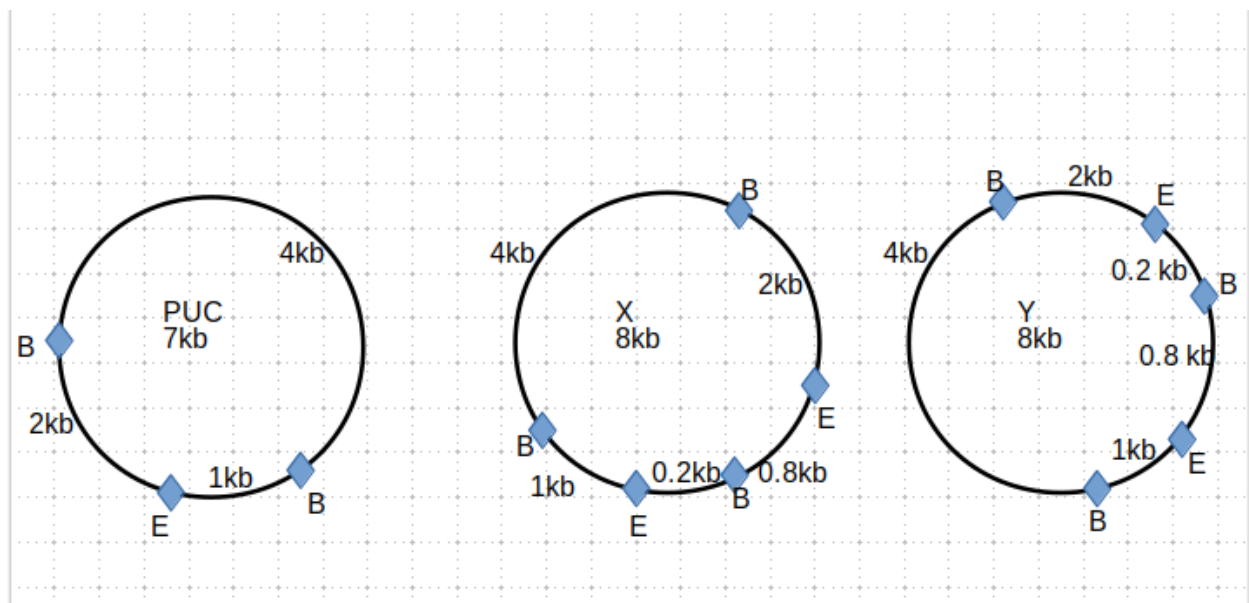
R:

$$\begin{array}{c}
 \text{Jukes-Cantor} \\
 \begin{array}{c} A \\ C \\ G \\ T \end{array} \left[\begin{array}{cccc} A & C & G & T \\ 1-3\alpha & \alpha & \alpha & \alpha \\ \alpha & 1-3\alpha & \alpha & \alpha \\ \alpha & \alpha & 1-3\alpha & \alpha \\ \alpha & \alpha & \alpha & 1-3\alpha \end{array} \right]
 \end{array}$$

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 también 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 resultados 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			0.8
					0.2			0.2

a) Dibuje el mapa de restriccion para cada plasmido.



b) cual es la longitud máxima del gene yfg?

R: 2kb Es la longitud máxima en segmentos donde se utiliza EcoRI

3.

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

```
>Human_tRNA_38.chr6
GGCUGGUUAGUUCAGUUGGUUAGAGCGUGGUGCUAAUAACGCCAAGGUCGUGGGUUCGAUCCCCAUUCGGCCA
.((((((.....))))))(((...((.(.((((((.....)))))).))((((((.....)))))).....))
```

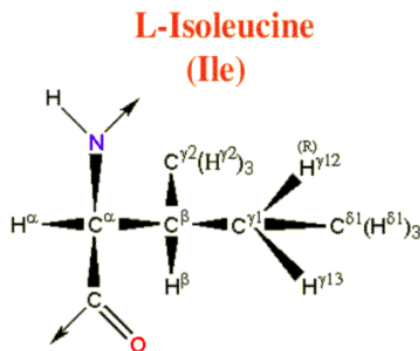
b) Se sabe que esta molecula transporta Isoleucine (Ile)

Muestre el segmento de esta molecula entraría en contacto con un mRNA

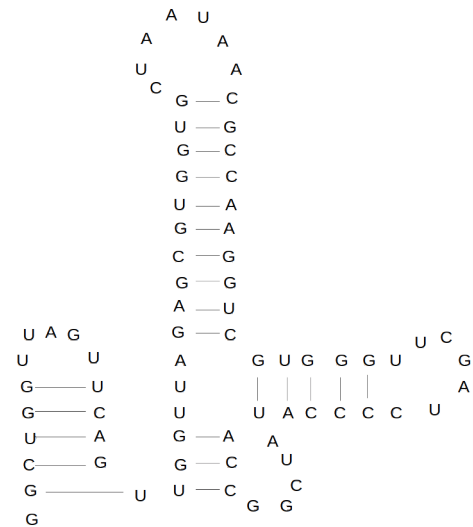
Sabiendo que:

Codon Sequences:
AUU AUC AUA

R: Si los codones son AUU, AUC, AUA; entonces los anticodones, o punto de contacto posibles en este caso podrian ser UAA, UAG



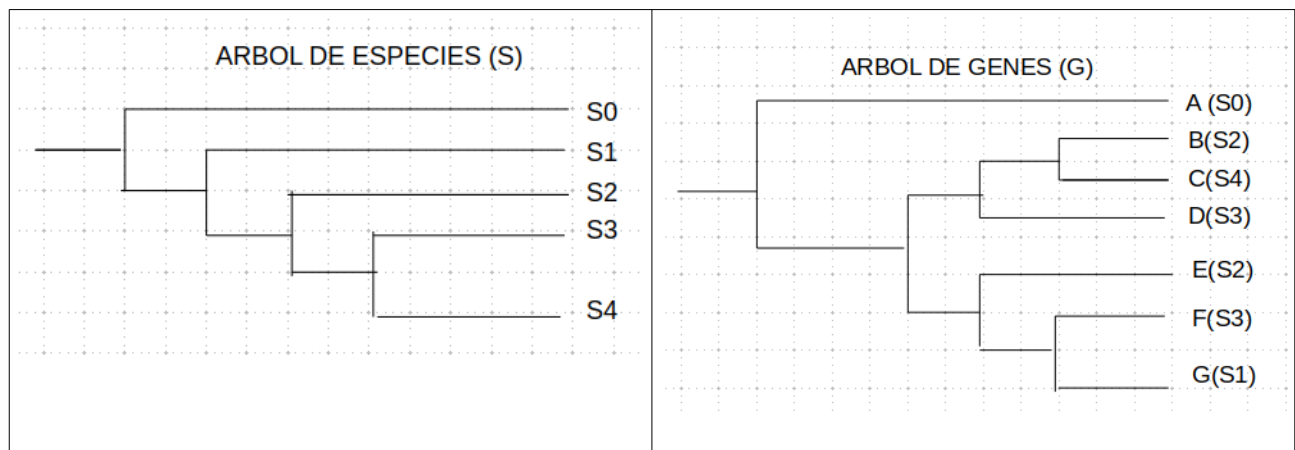
Human_tRNA_38



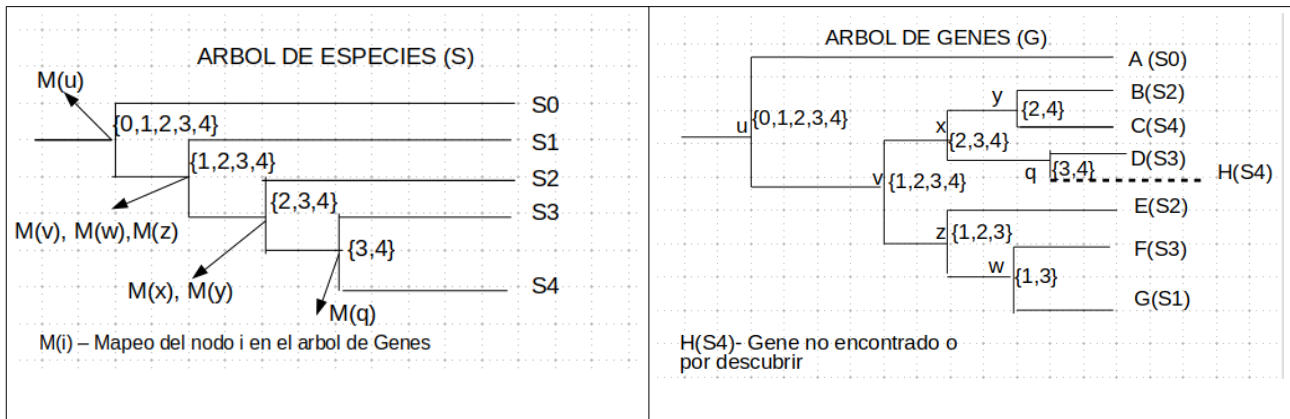
4. Efectue la reconciliación de los siguientes árboles S y G

a) Muestre el mapeo utilizado. Que se puede inferir de los arboles reconciliados?

b) Como se encuentran los eventos de duplicacion? indique donde ocurren eventos de duplicación de genes en este caso.



R: a)



R:b) Si g es un nodo con hijos g_1 y g_2 tenemos que ocurre duplicación si $M(g)$ es igual a $M(g_1)$ ó $M(g_2)$, es decir si el nodo g es mapeado a la misma posición del árbol de especies a la cual mapea uno o ambos de sus hijos. En este caso los nodos serían x, v

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

R:

a) Comparación visual. -

b) Comparación de ángulos de torsión (Dihedral Angles) – se comparan los ángulos de torsión (Φ, ψ) que son los ángulos entre los enlaces: $C' - C\alpha \rightarrow \psi$ (Psi) y $C\alpha - N \rightarrow \Phi$ (Phi) en las cadenas de polipeptidos.

c) Distance Matrix – Es la matriz de distancias entre los diferentes aminoácidos de una proteína

d) RMSD – root mean square distance. Se calcula el RMSD de átomos correspondientes de 2 proteínas A y B donde

$$RMSD(A, B) = \sqrt{\left(\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N d(a_i, b_i)\right)} \quad \text{y } d(a_i, b_i) \text{ es la distancia euclidiana entre } (a_i, b_i). (a_i, b_i)$$

pertenecen a los conjuntos de las proteínas A y B respectivamente.