**TP1 : Bioinformática**

**RETO I: ¿Podrías buscar un ejemplo de macromoléculas que almacenen información sobre la ‘identidad’ de un organismo dado?**

La estructura de doble hélice del ADN proporcionó respuestas a muchas preguntas que se tenían sobre la herencia. Predijo la autorreplicación del material genético y la idea de que la información genética estaba contenida en la secuencia de las bases que conforman el ADN.

Básicamente ADN contiene las instrucciones que determinan la forma y características de un organismo y sus funciones.

**RETO II: Proponé una forma de expresar la información contenida en la estructura primaria de las proteínas usando tipos de datos de los lenguajes de programación que conocés.**

La estructura básica o primaria de las proteínas se podría expresar mediante una cadena de caracteres (string). Cada caracter del string representaría un residuo y serían únicos con el fin de identificarlos.

**RETO III: ¿ En qué tipo de datos podrías expresar la información de la estructura terciaria proteica?**

Ya que la estructura terciaria se caracteriza por ser una estructura tridimensional, se podría representar mediante el uso de grafos.

**RETO IV: Rosalind Franklin es una científica muy relevante, que tuvo menos reconocimiento del merecido.**

**-1.¿Cuáles fueron sus contribuciones en este campo?**

**-2.¿Qué nos cuenta su historia acerca del mundo de la ciencia?**

-1. Su contribución personal a los estudios relacionados con el ADN tuvo un profundo impacto en los avances científicos de la genética.

Aprendió la técnica de difracción de Rayos X en la que se convertiría en una experta a nivel mundial y aplicaría a la molécula del ADN.

Mejoró el aparato para obtener imágenes con ADN, cambió el método y obtuvo fotografías con una nitidez que nadie había conseguido antes. De esta forma pudo tomar la fotografía número 51.

Su carrera investigadora siguió adelante, con importantes trabajos sobre virus, en concreto, el del mosaico del tabaco y el de la polio que todavía citan los expertos.

-2. Que siempre hay "heroes o heroinas" anónimos o poco conocidos que dedican su vida a la investigación y no siempre son gratificados de la manera que deberían.

**RETO V: Proponé en pseudocódigo un programa que prediga la estructura secundaria que adoptará cada residuo de la secuencia proteica dada, especificandola como H (si es una hélice), B (si es una hoja beta plegada) y L (si es un bucle o loop).**

function prediccionEstructura(unString){

arregloAdoptado = unString.map(elemento -> this.imprimirValorAdoptado(elemento));

}

imprimirValorAdoptado(unString){

var val;

switch unString

"H" : val = getTablaEquivalencia("H");

"B" : val = getTablaEquivalencia("B");

"L" : val = getTablaEquivalencia("L");

retornar val

}

**PREGUNTAS DISPARADORAS: ¿Qué inputs tendría tu programa? ¿De qué modo se te ocurre configurar el output?**

-1. El input es un string con la letra significativa de los aminoácidos que componen la cadena.

-2. Devolvería un array con la estructura secundaria.

**RETO VI: ¿Qué hace distintos a dos individuos de una especie? Propone una forma de corroborar tu respuesta realizando un diagrama de un posible método computacional para dicho fin.**

-1. El ADN hace que dos individuos sean distintos. A nivel molecular cada individuo tiene combinaciones de nucleótidos (molécula orgánica compuesta por tres componentes) distintos que los hace diferentes los unos a los otros.

-2.

function comparadorADN(adnPersona1, adnPersona2){

var arrayAdnPersona1 = tranformarAdnAArray(adnPersona1);

var arrayAdnPersona2 = tranformarAdnAArray(adnPersona2);

return arrayAdnPersona1.every(elem => arrayAdnPersona2.contains(elem));

}

**PREGUNTAS DISPARADORAS: ¿Qué información deberías tener? ¿De qué modo**

**deberías expresar dicha información para el análisis?**

-1. Me deberían pasar por parámetro los adn de las dos personas.

-2. Lo transformo en cadenas de caracteres cortas para poder compararlas.