

TP3

Secuencia	Nombre taxonómico	Nombre común
NP_061820.1	Homo sapiens	Humano
NP_001072946.1	Gallus gallus	Gallina
NP_001065289.1	Pan troglodytes	Chimpance
NP_001157486.1	Equus caballus	Caballo
NP_001183974.1	Canis lupus familiaris	Perros
AEP27192.1	Gorilla gorilla	Gorila
XP_024245566.1	Oncorhynchus tshawytscha	Salmon
NP_001086101.1	Xenopus laevis	Rana de garras africana
NP_477164.1	Drosophila melanogaster	mosca de la fruta

- ¿Cuán sencillo será alinear dos o más secuencias a mano? ¿Cuánto influirán el número?

-Alinear dos secuencias sería relativamente sencillo ya que son secuencias de aminoácidos cortas que tienen, en promedio, un largo de 100 caracteres, los cuales presentan similitudes apreciables. Pero, llegado el caso de querer alinear a mano más de dos secuencias, se tornaría muy complejo, considerando las distintas longitudes o al menos, muy poco eficiente.

- ¿Son parecidos los citocromos c de humano y gallo?

- Es su mayoría son parecidos. Usando Clustal Omega podemos ver las diferencias.

Humano NP_061820.1

Gallo NP_001072946.1

NP_061820.1

MGDVEKGKKIFIMKCSQCHTVEKGGKHKTGPNLHGLFGRKTGQAPGYSYTAANKN
KGIIW 60

NP_001072946.1

MGDIEKGKKIFVQKCSQCHTVEKGGKHKTGPNLHGLFGRKTGQAEGFSYTDANKN
KGITW 60

.*. ***** : ***** *

NP_061820.1 GEDTLMEYLENPKKYIPGTKMIFVGIKKKEERADLIAYLKKATNE 105

NP_001072946.1 GEDTLMEYLENPKKYIPGTKMIFAGIKKSERVDLIAYLKDATSK
105

***** .. ***** ..

Los asteriscos (*), indican las coincidencias entre las dos secuencias. Tienen un 89% de coincidencias. 12 sobre 105.

- ¿Qué teorías subyacen a este análisis?

- Existen varias teorías que subyacen a este análisis. En función del número de secuencias que se comparan podemos distinguir:

- Alineamiento de dos secuencias: Se comparan dos secuencias utilizando diversos métodos como, por ejemplo, la matriz de puntos (dot-plot), algoritmos de programación dinámica (Needleman-Wunsch o Smith-Waterman) para determinar regiones similares entre dos secuencias de nucleótidos o proteínas. o algoritmos heurísticos (FASTA, BLAST)
- Alineamiento múltiple de secuencias: Se comparan más de dos secuencias. Para ello se pueden utilizar diversos programas basados en algoritmos heurísticos como, por ejemplo, CLUSTALW.

- ¿Cómo nos ayuda la evolución a explicar sus similitudes y diferencias?

- La teoría plantea que todos los organismos tenemos un ancestro en común. Las similitudes entre las secuencias provienen de dicho ancestro.

- Podemos elegir verlo en colores (Show Color). ¿Qué indican los colores?

- Los colores se utilizan para indicar propiedades de los aminoácidos para ayudar en la caracterización de conservación o en una sustitución aminoacídica dada. Cuando se introducen múltiples secuencias la última fila de cada columna suele representar la secuencia consenso determinada por el alineamiento. Independientemente, también suele representarse la secuencia consenso en un formato gráfico.

- ¿Qué indican el guión (-), los dos puntos (:) y el asterisco (*)?

El “-” significa un GAP, que es un corrimiento de la cadena que puede ser por una delección o una adición. El “*” implica que el residuo analizado se conserva en la posición analizada. El “:” implica que el residuo analizado en esa posición tiene una conservación fuerte. El “.” es una conservación débil

- A simple vista, ¿se conserva la secuencia del citocromo c en los organismos?

- No, ya que que cada secuencia FASTA varía al hacer el alineamiento.

- ¿Creeríamos que todos los organismos se asemejan por igual al resto, o se pueden identificar grupos de mayor similitud? Si es así, ¿tienen sentido?

- No, cada organismo se vincula más con algunos organismos que con otros. Esto se puede ver en el árbol filogenético. (Cabe agregar que un árbol filogenético es un esquema con forma arbórea que muestra las relaciones evolutivas entre varias especies u otras entidades que se cree que tienen una ascendencia común, el cual se determina gracias a la información proveniente de fósiles y de la comparación anatómica, fisiológica y molecular de los organismos actuales.)

- ¿Qué evidencias nos aportaría este análisis, a la luz de la evolución?

- Podríamos decir que a partir del árbol filogenético podemos ver cómo se agrupan los distintos organismos según sus similitudes. Si tomamos por ejemplo, el humano está en el mismo árbol que el chimpancé y este árbol viene está en otro compartido con el gorila. Entonces, esto nos indicaría que el chimpancé y el humano tienen la misma procedencia. Esta rama, a su vez, compartiría el origen con el gorila. Por lo tanto podríamos explicar cómo se dio la evolución de ciertos organismos a partir de sus similitudes en la secuencia de su ADN.

- A juzgar por los organismos participantes, ¿cuáles creería que deberían estar más agrupados en el árbol filogenético?

- A juzgar por los organismos, esperaríamos que el humano el gorila y el chimpancé esten agrupados dentro del árbol. Luego de la puesta en común en clase, vimos que

los ovíparos fueron agrupados en una de las ramas del árbol mientras que el chimpancé gorila y el humano fueron agrupados en otra de las ramas.

- Observemos el árbol filogenético. ¿Concuerda con lo esperado? ¿De qué organismos son los citocromos c más parecidos? ¿Cómo se explica?

Si concuerda con lo esperado. Se explica por dos motivos. El primero es que hay mas similitudes en la secuencias de un salmón y una rana, mucho mas que entre un salmon y un perro. El segundo puede ser la falta de mas información para tomar decisiones mas certeras en cuanto al agrupamiento. Con la información que le brindamos a Clustal Omega, la aplicación realizó la asociación entre organismo lo mas aproximada posible, aunque entre un gallo y un salmón no haya tanta similitud.