Bioinformática-UNQ

TP N°3

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Secuencia | Nombre taxonómico | Nombre común |
| NP\_061820.1 | Homo sapiens | Humano |
| NP\_001072946.1 | Gallus gallus | Gallo |
| NP\_001065289.1 | Pan troglodytes | Chimpancé |
| NP\_001157486.1 | Equus caballus | Caballo |
| NP\_001183974.1 | Canis lupus familiaris | Perro |
| AEP27192.1 | Gorilla gorilla | Gorila |
| XP\_024245566.1 | Oncorhynchus tshawytscha | Salmon real |
| NP\_001086101.1 | Xenopus laevis | Rana |
| NP\_477164.1 | Drosophila melanogaster | Mosca de la fruta |

**¿Cuán sencillo será alinear dos o más secuencias a mano? ¿Cuánto influirán el número de secuencias a alinear, su longitud, y la similitud entre ellas?**

Si queremos alinear mas de dos sencuencias a mano seria muy difícil por sus distintas longitudes ;En cuanto a dos sencuencias, resulta sencillo alinearlas porque son secuencias de aminoácidos cortas , alrededor de 100 caracteres presentando similitudes.