

1. Teoría

- a) La dieta, hormonas y toxinas son señales externas que afectan al epigenoma. Son importantes en procesos como el crecimiento físico, el aprendizaje y la pubertad. Dirigen las actividades que son necesarias para el mantenimiento del cuerpo, como reponer las células sanguíneas, la piel, reparar los tejidos y órganos dañados.
- b) No sería ético utilizar a monos para tipos de experimentos de quimera, ya que desde la perspectiva de este animal no valdría la pena al no obtendría ningún tipo de beneficio para éste.
- No se podría justificar esto como una forma de avanzar en estudios sobre la evolución o el parentesco entre ambas especies, ya que las características que la evolución deposito en ambas especies sucedieron por una razón.
- No hay necesidad de forzar una evolución para mejorar ya sea una o ambas especies. Además, la hibridación puede que no funcione en el aspecto de que se tomen los mejores genes de ambas especies, sino todo lo contrario, resultando en un ser vivo con demasiadas complicaciones biológicas.
- Por parte, siempre y cuando se asegure el bienestar físico de ambas especies, podrían realizarse pruebas extrayendo un poco de su ADN, a modo de que no se perjudique la salud de ambos.

2. Predicción de dos proteínas

- 1) Hacer un **BLAST** con cada proteína por medio de su secuencia (formato FASTA) para identificar otras proteínas conocidas que pudiesen estar relacionadas.
- 2) Predecir la estructura (modelo tridimensional) de ambas proteínas por medio de su secuencia en un proceso de **homología**.
- 3) Si la homología ignora varias partes de las secuencias de las proteínas, entonces se hace un **threading**.
- 4) Si lo mismo ocurre con el threading, la opción definitiva para modelarlas es un proceso **de novo o in vitro**.
- 5) Finalmente, se realiza un **docking o acoplamiento** entre ambos modelos utilizando servidores especializados.
- 6) Adicionalmente, se pueden realizar pruebas reales entre las proteínas.

3. Alineamiento

S1 = ALLPSWSAFYVAV

S2 = LASWPSAYLFV

BLOSUM62

	A	L	L	P	S	W	S	A	F	Y	V	A	V	
	-	L	A	-	S	W	P	S	A	Y	L	F	V	
i)	0	4	-1	0	4	11	-1	1	-2	7	1	-2	4	= 26
ii)	-5	4	-1	-5	4	11	-1	1	-2	7	1	-2	4	= 16

	A	L	L	P	S	W	-	S	A	F	Y	V	A	V	
	-	L	A	-	S	W	P	S	A	-	Y	L	F	V	
i)	0	4	-1	0	4	11	0	4	4	0	7	1	-2	4	= 36
ii)	-5	4	-1	-5	4	11	-5	4	4	-5	7	1	-2	4	= 16

Para i) el segundo alineamiento es mejor.

Para ii) ambos alineamientos son iguales.

PAM70

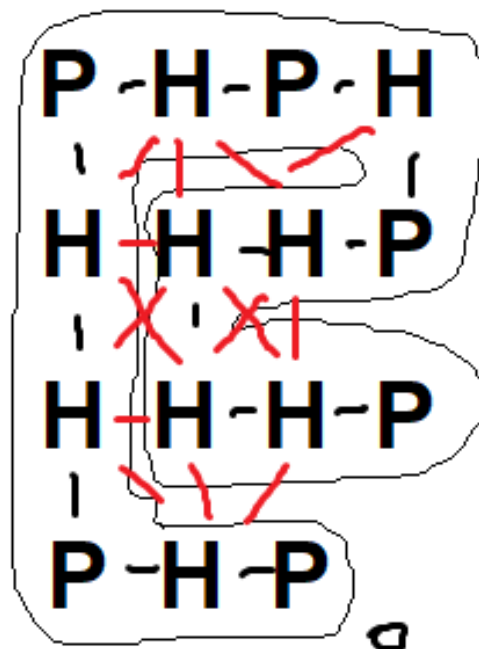
	A	L	L	P	S	W	S	A	F	Y	V	A	V	
	-	L	A	-	S	W	P	S	A	Y	L	F	V	
i)	0	6	-4	0	5	13	0	1	-6	9	0	-6	6	= 24
ii)	-5	6	-4	-5	5	13	0	1	-6	9	0	-6	6	= 14

	A	L	L	P	S	W	-	S	A	F	Y	V	A	V	
	-	L	A	-	S	W	P	S	A	-	Y	L	F	V	
i)	0	6	-4	0	5	13	0	5	5	0	9	0	-6	6	= 39
ii)	-5	6	-4	-5	5	13	-5	5	5	-5	9	0	-6	6	= 19

Para i) y ii) el segundo alineamiento es mejor.

4. Modelo HP

S3 = NAEPLDFSFTAVILR
PHPHHPHPHPHHHP



E=-14

5. Longitud mRNA

Longitud S4 = 19

s4=

gggagcaguaaaacaaauaggcucucauuguucuggggcuuguccuccuuucuguuacgguccagggcaagg
ucuuagaugggugauuguuggccagaacucucuaaaagauugggagugguuggcuacaggggaauaggccua
gcauaggaaggcucucauuguucuggggcuuguccuccuuucuguuacgguccagggcuaguccuccuuuc

En S5 hay dos proteínas:

a) Longitud S5-1 = 19

s5=

gggagcaguaaaacaaauaggcucucauuguucuggggcuuguccuccuuucuguuacgguccagggcaagg
ucuuagaugggugauuguuggccagaacucucuaaaagauugggagugguuggcuacaggggaauaggccua
gcaugggaaggcucucauuguucuggggcuuguccuccuuucuguuacgguccagggcuaguccuccuuuc

b) Longitud S5-2 = 23

s5=

gggagcaguaaaacaaauaggcucucauuguucuggggcuuguccuccuuucuguuacgguccagggcaagg
ucuuagaugggugauuguuggccagaacucucuaaaagauugggagugguuggcuacaggggaauaggccua
gcaugggaaggcucucauuguucuggggcuuguccuccuuucuguuacgguccagggcuaguccuccuuuc