

# UNIVERSIDAD NACIONAL DE INGENIERÍA

FACULTAD DE CIENCIAS



ESCUELA PROFESIONAL DE CIENCIAS DE LA COMPUTACIÓN

Reporte final - CC471: BIOLOGÍA COMPUTACIONAL

Alumnos: MINI HUAMBACHANO, Miguel Alessandro (20140417F); RUEGG YUPA, Josías (20154064C); ZEVALLOS LABARTHE, Enrique Martín (20130384H)

# Análisis de secuencias que codifican la queratina en distintas especies

18 de junio del 2019

## Visión general

El trabajo contempla una GUI donde se indica un directorio en el que se encontrarán las secuencias que deseamos analizar. Al procesar esta información, obtenemos un checklist con todas las secuencias disponibles dentro de la carpeta. Se escogen las que han de alinearse, y selecciona ALINEAR.

Este estudio en particular, se centra en comparar y describir las distintas secuencias que son capaces de codificar la queratina, en diversas especies del mundo animal (desde humanos hasta insectos).

## Objetivos

Se planea crear una aplicación hecha en python, con la funcionalidad básica de:

1. Indicar el directorio en el que se encuentran las secuencias con las que se ha de trabajar.
2. Seleccionar las secuencias de una lista de checkboxes, y presionar ALINEAR.
3. Realizar un alineamiento múltiple de las secuencias escogidas.
4. Desarrollar los árboles filogenéticos de estas especies y de los alineamiento realizados.

## Especies analizadas:

La queratina es una proteína que está presente en todos los vertebrados, y en varias otras especies.

Es el material primario que constituye el pelo, escamas, uñas, pezuñas, cuernos, exoesqueletos etc...

se analizará las secuencias de la proteína queratina en las siguientes especies :

### **Callorhinchus milii : Tiburón martillo**



### **Canis lupus familiaris : Perro doméstico**



**Gallus gallus : Gallina Doméstica**



**Loa loa : Mosca común**



**Micrurus fulvius : Serpiente Coral**



**Oryctolagus cuniculus : Conejo**



**Ovis aries : oveja**



**Paralichthys olivaceus : Lenguado**



**Procambarus clarkii : Cangrejo de río**



**Rana sylvatica : Rana**



**Rattus norvegicus : ratón**



**Xenopus tropicalis : Sapo**



Link al repositorio de **GitHub**: [https://github.com/ezevallos/BLASTgui\\_CC471.git](https://github.com/ezevallos/BLASTgui_CC471.git)

## Objetivos logrados:

- Código en python capaz de solicitar un directorio en el que se encuentren las secuencias para alinear
- Mostrar los archivos de un directorio para alinearlos
- Alinear las secuencias que el usuario indique
- Generar los árboles filogenéticos
- Exportar los alineamientos realizados

