# Introducción a la Bioinformática

## Trabajo Práctico Nº 1

Ingrid Calderón

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

Dos ejemplos de macromoléculas que almacenan información genética son:

* **ADN**: ácido nucleico que contiene información genética de los seres vivos.
* **ARN**: ácido nucleico que contiene información genética de virus.

**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.**

Una forma de expresar la información de una proteína de estructura primaria sería un array donde cada elemento contenido en él sería un aminoácido.

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

Una estructura terciaria proteica la representaría mediante un objeto que contenga un array de aminoácidos (estructura primaria), puentes de hidrógeno (estructura secundaria) y los plegamientos propios de la estructura terciaria.

**Reto IV: Rosalind Franklin es una científica muy relevante, que tuvo menos reconocimiento del merecido. ¿Cuáles fueron sus contribuciones en este campo? ¿Qué nos cuenta su historia acerca del mundo de la ciencia?**

Rosalind Franklin aplicó sus conocimientos en rayos X para obtener imágenes de ADN logrando fotografías de mayor calidad y nitidez.

Esta mejora en la calidad de las imágenes fueron fundamentales para conocer la estructura del ADN.

Adicionalmente, también tuvo importantes trabajos en la investigación del ARN y virus.

Si bien sus imágenes fueron necesarias para la teoría de sus colegas, Watson y Crick, nunca recibió crédito por ello dejando al descubierto la subvaloración del trabajo femenino en el mundo científico.

**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)**

predecirEstructuraSecundaria(proteina)

tipoEstructura = recorrerSecuenciaYPredecir(proteina.aminoacidos);

return tipoEstructura;

fin

**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.**

Lo que diferencia a dos individuos de una misma especie es la secuencia de ADN que poseen.

Una forma de corroborar esto podría ser mediante un programa que reciba dos secuencias de ADN y que las compare. Si las secuencias son iguales, se determina que las muestran son del mismo individuo, sino son dos individuos diferentes.