

TP N° 1

Grupo: Cuoco Carlos , Markon Mariano y Verdecanna Mariano

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

Como vimos en clase , los ácidos nucleicos , particularmente el ADN es la macromolécula encargada de almacenar toda la información genética del organismo, necesaria para su desarrollo. Todas nuestras células (con excepción de los glóbulos rojos maduros) tienen almacenado en su núcleo, de manera muy compacta y organizada, el material genético.

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 sencilla de expresar la información contenida en la estructura primaria de las proteínas, sería utilizando “String” , que es una cadena de caracteres. Dado que cada carácter representa un aminoácido que forma parte de la estructura primaria. Además este tipo de dato lo podemos encontrar en cualquier lenguaje de programación.

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

Teniendo en cuenta que la estructura terciaria proteica tiene que ser representada en el espacio (3 dimensiones), se propone una estructura de datos de tupla siendo el primer valor el string que representa la estructura primaria y el segundo un array con las representaciones

físicas de las distintas estructuras secundarias (en orden de aparición debido a la combinación de aminoácidos)

Ej:

```
{ "MQIFVKTLT" , [representacionLaminaBetaPlegada(),representacionBucle() ] }
```

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?

👉 **Mirá el artículo “El Caso de Rosalind Franklin” de Mujeres con Ciencia.**

Rosalind Franklin después de la segunda guerra mundial , se especializó en la técnica de difracción de Rayos X , debido a que trabajó en Francia, en Laboratorio Central de Servicios Químicos del Estado, pionero en aceptar mujeres.

Luego de esto, la invitaron a sumarse al King's College, donde investigó la estructura del ADN. En este establecimiento depuró la técnica de difracción de Rayos X y pudo llevar a cabo la “Fotografía 51” , que sería la prueba fundamental para la estructura del ADN. Además, a través de su vida, hizo investigaciones muy importantes sobre el carbón, sobre el virus de la polio, el ARN y el virus del mosaico del tabaco (TMV, por sus siglas en inglés), un virus de ARN.

Con respecto al mundo de la ciencia, se refleja lo machista de la sociedad, lo que permitieron que algunos avances que hizo ella , sean publicados por otros científicos de sexo masculino. Además, las prácticas discriminatorias que le aplicaban solo por ser mujer.

RETO V: Proponé en pseudocódigo un programa que prediga la estructura secundaria que adoptará cada residuo (aminoácido) de la secuencia proteica dada, especificándola como H (si es una hélice), B (si es una hoja beta plegada) y L (si es un bucle o loop).

☑ **PREGUNTAS DISPARADORAS: ¿Qué inputs tendría tu programa? ¿De qué modo se te ocurre configurar el output?**

¡Guardate esta idea, la vamos a usar más adelante!

```
secuenciaPrimariaAminoacidos:= "ASDFGJJU"  
secuenciaARecorrer:=tail(secuenciaPrimariaAminoacidos)  
buffer:=head(secuenciaPrimariaAminoacidos)  
representacionFinal:=[ ]  
Foreach proximoAminoacido in secuenciaARecorrer {  
  buffer.add(proximoAminoacido)  
  choose:  
  ( chequearSiEsAlphaHelice(buffer) ) {
```

```

        representacionFinal.add(devolverRepresentacionAlphaHelice(buffer))
        buffer:=[ ]
    }
    ( chequearSiEsBetaPlegada(buffer) ){
        representacionFinal.add(devolverRepresentacionBetaPlegada(buffer))
        buffer:=[ ]

    }
    ( chequearSiEsLoop(buffer) {
        representacionFinal.add(devolverRepresentacionLoop(buffer))
        buffer:=[ ]
    }
}
return [ secuenciaPrimariaAminoacidos,representacionFinal ]

```

chequearSiEsAlphaHelice(cadenaDeAminoacidos):= funcion que chequea si esa cadena de aminoacidos forma una alpha helice

chequearSiEsBetaPlegada(cadenaDeAminoacidos):= funcion que chequea si esa cadena de aminoacidos forma una beta plegada

chequearSiEsLoop(cadenaDeAminoacidos) .:= funcion que chequea si esa cadena de aminoacidos no forma ni una alpha ni una betha plegada, forma un loop

devolverRepresentacionAlphaHelice(cadenaDeAminoacidos):= devuelve la representacion de esa cadena de aminoacidos como alpha helice

devolverRepresentacionBetaPlegada(cadenaDeAminoacidos):= devuelve la representacion de esa cadena de aminoacidos como beta plegada

devolverRepresentacionLoop(cadenaDeAminoacidos):= devuelve la representacion de esa cadena de aminoacidos como loop

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.

☑ PREGUNTAS DISPARADORAS: ¿Qué información deberías tener? ¿De qué modo deberías expresar dicha información para el análisis?

Lo que diferencia a dos individuos de la misma especie es la información genética, esta se encuentra almacenada en la secuencia ordenada de nucleótidos desde el extremo 5' al 3' de una molécula. La información genética está contenida en el orden exacto de los nucleótidos.

Propuesta de diagrama-programa:

Teniendo en cuenta que para los individuos sean iguales, este pseudo-código compara las cadena de adn de los dos individuos, para lo cual compara que estén los mismos nucleótidos en la misma posición.

```
pilaA:=conjuntoNucleotidosDesde5'a3'DelIndividuoA
pilaB:=listaDeAconjuntoNucleotidosDesde5'a3'DelIndividuoB

while( pilaA.first( ) == pilaB.first( ) && not ( isEmpty(pilaA) && isEmpty(pilaB) ) {
    pilaA.pop()
    pilaB.pop()
}
```