# TP4

## Alumnos: Cuoco Carlos, Markon Mariano, Verdecanna Mariano

Trabajaremos con las secuencias del citocromo c de nueve organismos, listados en la tabla de abajo. Además de su denominación taxonómica, deberíamos conocer su nombre común: intentemos completar la tabla.

Secuencia	Nombre taxonómico	Nombre común
NP_061820.1	Homo sapiens	Humano
NP_001072946.1	Gallus gallus	Pollo
NP_001065289.1	Pan troglodytes	Chimpancé
NP_001157486.1	Equus caballus	Caballo
NP_001183974.1	Canis lupus familiaris	Perro
AEP27192.1	Gorilla gorilla	Gorila occidental
XP_024245566.1	Oncorhynchus tshawytscha	Salmón Chinook
NP_001086101.1	Xenopus laevis	Rana Africana
NP_477164.1	Drosophila melanogaster	Mosca de la fruta

Alinear 2 o más secuencias a mano se haría muy complicado

### Podemos elegir verlo en colores (Show Color). ¿Qué indican los colores?

OH= Grupo Hidroxilo SH = Grupo sulfhidrilo

Residuos	Color	Propiedades
AVFPMILW	Rojo	Pequeño + Hidrofóbico(Incluido Aromáticos)
DE	Azul	Ácidos
RK	Magenta	Básico - H
STYHCNGQ	Verde	OH + SH <sub>2</sub> + Amino + G
Otros	Gris	Aminoácidos inusuales

#### ¿Qué indican el guión (-), los dos puntos (:) y el asterisco (\*)?

(\*)Indica posiciones que tienen un solo residuo totalmente conservado

(:)indica la conservación entre grupos de propiedades muy similares a las siguientes: aproximadamente equivalente a una puntuación> 0.5 en la matriz Gonnet PAM 250

STA, NEQK, NHQK, NDEQ, QHRK, MILV, MILF, HY, FYW

(.)indica conservación entre grupos de propiedades débilmente similares a las siguientes, aproximadamente equivalente a una puntuación = <0.5 y> 0 en la matriz Gonnet PAM 250:

CSA, ATV, SAG, STNK, STPA, SGND, SNDEQK, NDEQHK, NEQHRK, FVLIM, HFY

#### A simple vista, ¿se conserva la secuencia del citocromo c en los organismos?

En una primera observación de las cadenas de aminoácidos, podremos suponer que hay una gran similitud entre las distintas secuencia del citocromo C, pero al analizar en detalle encontramos leves discrepancias en algunos aminoácidos

¿Creeriamos que todos los organismos se asemejan po	r igual al resto, o se
pueden identificar grupos de mayor similitud? Si es así,	¿tienen sentido?

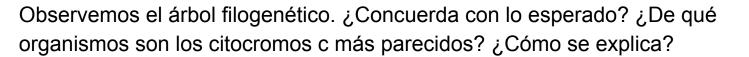
Intuitivamente creeriamos que los organismos son en una porción mayoritaria totalmente distintos entre sí, pero al hacer el análisis encontramos grupos con organismos bastante similares entre sí, estos casos se deben a que comparten ancestros/parentales. Claramente tiene sentido debido a que los cambios en la secuencia del citocromo C es menor entre los organismos pertenecientes a un mismo grupo.

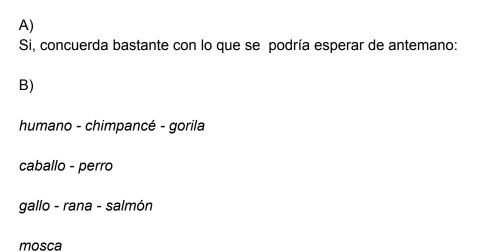
#### ¿Qué evidencias nos aportaría este análisis, a la luz de la evolución?

Al analizar y encontrar cadenas similares entre las distintas especies en la secuencia del citocromo C , nos permite verificar que la evolución se debe a la adaptación del más apto al entorno. Al tener la misma cadena para procesar ciertas proteínas en la gran mayoría de las muestras nos permite asumir que hay un ancestro en común entre todos esos organismos y que fueron evolucionando del mismo.

A juzgar por los organismos participantes, ¿cuáles creería que deberían estar más agrupados en el árbol filogenético?

Se podría esperar que los más agrupados en el árbol filogenético, de los organismos participantes, sean el humano, el chimpancé y el gorila.





C)
Esto se explica por los ancestros en común, evolutivamente más cercanos entre sí en las subramas del árbol filogenético.