**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 + SH₂ + 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 por 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.

## Observemos el árbol filogenético. ¿Concuerda con lo esperado? ¿De qué organismos son los citocromos c más parecidos? ¿Cómo se explica?

A)

Si, concuerda bastante con lo que se podría esperar de antemano:

B)

*humano - chimpancé - gorila*

*caballo - perro*

*gallo - rana - salmón*

*mosca*

C)

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