



BENEMÉRITA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE PUEBLA

ESCUELA DE BIOLOGÍA

“INTERPRETACIÓN MUSICAL BASADA EN UNA
COMPOSICIÓN NATURAL DE LAS REDES GENÉTICAS
QUE REGULAN LA FLORACIÓN POR FOTOPERIODO
EN *Arabidopsis thaliana*”

Tesis presentada como requisito para obtener el título de:
Licenciatura en Biología

Presenta:
Aketzalli Rueda Flores

Director de tesis:
Biol. María Rosete Enríquez

Noviembre 2015



Dedicatoria: *A mi hermano Rolando*



*Agradecimientos: A mi padre, a mi madre, a mi
hermana, a mi hermano, a mis cochinollas, a mis amigos, a la
maestra Rosete, a mis maestros de violín y a los músicos
involucrados.*

INDICE

I.- INTRODUCCIÓN

I.I. La información.....	2
I.I.I. Teoría de la información.....	3
I.I.II. Los lenguajes como gestores de la información.....	4
I.II. Lenguaje genético y proteico.....	5
I.II.I. El lenguaje del ADN.....	6
I.II.II. El lenguaje proteico.....	9
I.II.III. Flujo de información genética.....	10
I.II.IV. Interacción gen-proteína (factor transcripcional y gen diana).11	
I.III. Características generales de la floración.....	12
I.III.I. Regulación de la floración por fotoperiodo.....	13
I.IV. Lenguaje musical.....	16
I.IV.I. La música y su lenguaje.....	16
I.IV.II. Elementos de la música.....	18
I.IV.III. Notación musical.....	19
I.V. Fusión ciencia y arte.....	21
II. Antecedentes.....	22
III. Justificación.....	26
IV. Hipótesis.....	27
V. Objetivos.....	28

V.I. General.....	28
V.II. Específicos.....	28
VI. Material y métodos.....	29
VI.I. Recuperación de secuencias.....	29
VI.II. Asignación de notas musicales (código de traducción).....	30
VI.III. Ensamblajes genéticos-proteicos/ musicales.....	34
VI.IV. Relación entre secuencias de información biológica, notas musicales y estructura secundaria de proteínas.....	34
VII. Resultados.....	35
VII.I. Ensamblajes musicales de las secuencias genéticas y proteicas.....	36
VII.II. TE ESCUCHO FLORACIÓN con música real.....	42
VII.III. Relación partituras proteicas y estructura secundaria.....	44
VIII. Discusión.....	45
IX. Conclusión.....	48
X. Bibliografía.....	49

Índice de figuras

Figura 1. Desoxirribonucleótidos del ADN.

Figura 2. El código genético o de codones (tripletes).

Figura 3. Modelo de la secuencia informativa bidimensional de un fragmento de ADN portador de un gen que codifica una proteína.

Figura 4. Pequeña parte de una proteína, mostrando cuatro aminoácidos.

Figura 5. Modelo de inducción de *Arabidopsis thaliana*.

Figura 6. Esquema general del control genético de la floración en *Arabidopsis thaliana*.

Figura 7. Ejemplo de la notación musical aplicada en una melodía de Schumann (Op. 15, n. 7).

Figura 8. Partituras de ensambles genético-proteico/musicales.

Figura 9. Partituras de ensambles genético-proteico/musicales.

Figura 10. Certificado de derecho de autor del disco “Te Escucho Floración”.

Figura 11. Partitura escrita en formato libre.

Figura 12. Partitura de secuencias proteicas integradas con estructura secundaria.

Índice de tablas

Tabla 1. Grados y funciones en la escala

Tabla 2. Cuadro informativo de la red genética que regula la floración.

Tabla 3. Ordenamiento descendente de codones o tripletes de acuerdo a su peso molecular.

Tabla 4. Asignación de notas musicales y duración a las secuencias de nucleótidos.

Tabla 5. Determinación de notas musicales a las secuencias proteicas.

Abreviaturas

A - Adenina

ADN – Ácido desoxirribonucleico

AG - Agamous

AGL24 - Agamous-LIKE24

AP1 – Apetala 1

AP2 – Apetala 2

AP3 – Apetala 3

ARN – Ácido ribonucleico

ARNm – Ácido ribonucleico mensajero

ARNt – Ácido ribonucleico de transferencia

Bit - Binary digit

C - Citosina

CCT – Dominio conservado fotosensible. Por (for CONSTANS, CONSTANS-LIKE, **TOC1**

CO - Constans

EREBP - Ethylene-responsive element binding proteins

FLY - Frondoso

FT – Locus T de la floración

G - Guanina

HPRT – Enzima fosforribosil-transferasa de la hipoxantina

MADS - procedente de *Saccharomyces cerevisiae*); **AGAMOUS** (de *Arabidopsis thaliana* e implicado en su desarrollo floral); **DEFICIENS** (de *Antirrhinum majus*, donde interviene también en el desarrollo floral), y **SRF** (de *Homo sapiens*)

MIDI - Musical Instrument Digital Interface

NCBI - National Center for Biotechnology Information

PI - Pistillata

PSIPRED - Psi-blast based secondary structure prediction

SAM – Shoot Apical Meristem

SOC1 – Similar a Constans

T - Timina

U – Uracilo

RESUMEN

Una de las características esenciales de los sistemas complejos y regulados es el almacenamiento y la transmisión de la información. Refiriéndonos específicamente a la transferencia de la información, es importante resaltar su extrema importancia ya que permite la comunicación entre los elementos de los sistemas y su relación con el ambiente pudiendo esto ser también la esencia de la vida. Esta comunicación se realiza por medio de lenguajes que materializan la información a través del ordenamiento de un conjunto de códigos o signos para formar un mensaje con un significado específico. Por lo tanto, para transmitir información que mantenga a los sistemas comunicados existen una gran variedad de lenguajes desde los químicos y biológicos hasta los sociales y culturales. Por otra parte, ya que los lenguajes son ordenamientos de códigos o signos se pueden hacer traducciones de un lenguaje a otro para transmitir información con el mismo o diferente significado. De esta manera se pueden hacer relaciones innovadoras entre distintos tipos de lenguajes para interpretar determinada información de maneras novedosas. Por tal razón, en el presente trabajo se realizó una vinculación entre el lenguaje genético-proteico y el lenguaje musical para fusionar ciencia y arte en un producto creativo que invita a la reflexión sobre la orquestación armoniosa del control de la expresión de la información genética. Para cumplir tal objetivo, en este trabajo se realizó la traducción musical de las secuencias codificantes de los genes homeóticos y de las secuencias de aminoácidos de los factores transcripcionales que regulan la floración al *Arabidopsis thaliana*. En esta traducción se correlacionó el peso molecular de los codones o de los aminoácidos con la altura y duración de las notas musicales de la escala cromática en clave de Sol o escala natural en la clave de Fa, respectivamente. Las partituras obtenidas de nueve genes homeóticos y sus respectivas proteínas fueron escritas utilizando el programa musical *Sibelius*, obteniéndose un disco en formato MIDI con ocho melodías atonales donde se relaciona de manera secuencial la actividad transcripcional de ésta red genética desde la captación de la luz, integración de señales, determinación de verticilos florales hasta la formación de la flor. A través de este disco llamado “*Te Escucho Floración*” podemos vincular dos tipos de lenguajes y transmitir información científica, artística y cultural para fusionar aspectos relevantes para el desarrollo de las sociedades actuales que buscan nuevas formas de expresión artística contemporánea. Además, “*Te Escucho Floración*” es un disco que sugiere nuevas estrategias de difusión de la ciencia e innovadoras formas de composición musical reunidas en una sola creación.



I. INTRODUCCIÓN

I.I. La información

“La información es la forma de liberar el conocimiento que genera el pensamiento humano”.

Anónimo

Una nueva civilización está emergiendo en nuestras vidas y con ella una conciencia diferente, en donde aparece una nueva sociedad que se está adentrando a la información. Haciendo frente a esta realidad, la primera pregunta que corresponde hacerse es ¿qué es la información? Este término advierte una diversidad muy amplia, ya que la definición de información ha estado sujeta al contexto social y cultural de una determinada época. Por ejemplo, en la Edad Media, se decía que la información vista como la palabra, daba forma e impregnaba de carácter a la materia y a la mente (Campbell, 1982).

De alguna manera, se manejó siempre la idea de información como un “agente activo” y un principio universal que mediante códigos especificaba el significado de las cosas moldeando el pensamiento humano. Este hecho condujo a pensar que la información estaba relacionada únicamente con los seres humanos. No obstante, algunos especialistas consideran que todos los seres vivos emplean información en forma de señales visuales, olfativas o táctiles, entre otros sistemas de comunicación para garantizar su supervivencia. Sin embargo, la diferencia entre los seres humanos y otros organismos radica en su capacidad de generar y perfeccionar códigos que materializan el pensamiento por medio del ordenamiento de símbolos que conforman lenguajes comunes y útiles para la convivencia en sociedad (Goñi, 2000).

En otro contexto, por ejemplo el de la era de la comunicación electrónica la definición de información dada por Jeremy Campbell se refiere a un conjunto de datos procesados para ser difundidos (Campbell, 1982). Aquí es donde la definición de este concepto diverge según el momento en que este sea utilizado, cambiando su conceptualización desde el punto de vista matemático o técnico hasta los enfoques tanto filosóficos como cibernéticos (Mchale, 1981). Es por esto

que hay un debate muy extenso respecto al tema de la definición de información, sin embargo, existen dos definiciones que se acercan más a lo que tratamos de explicar en este trabajo:

“La información puede entenderse como la significación que adquieren los datos como resultado de un proceso consciente e intencional de adecuación, de tres elementos: los datos del entorno, los propósitos y el contexto de aplicación, así como la estructura de conocimiento del sujeto” (Angulo, 1996).

“La información es un cúmulo de signos a los que alguien les imprime un significado al enunciarlo y al que un intérprete le imparte también un significado” H. Jungeleussen (Vizcaya, 2001).

Con estas definiciones nos damos cuenta de que la relación entre información y lenguaje comienza a ser más evidente y que además el conocimiento humano está compuesto por conceptos y vínculos entre estos, donde vamos a recalcar que la difusión y el intercambio de dicho conocimiento se va realizar a través de lenguajes.

I.I.I. Teoría de la información

“Sin un modelo, sin restricción, sin pensar, sin precisión, existe un sonido pero no música”.

Anónimo

El ingeniero Claude E. Shannon (1916, Michigan) publicó en 1948 algunos trabajos relacionados con el tratamiento de la información desde el punto de vista de la telecomunicación (Shannon, 1948). Este trabajo es un ensayo matemático donde a partir de teoremas y modelos se establece que la información es una medida de la entropía. Aunque los trabajos de Shannon estaban dirigidos fundamentalmente a las especialidades de la telefonía y la radio, los resultados de sus estudios demostraron que la expresión matemática para la cantidad de información (Bit) presentaba la misma forma de la ecuación del principio de entropía definido por la Física. Sin embargo, en esta ecuación la información es

igual a la fórmula de entropía pero con signo negativo. Por lo tanto se puede considerar a la información como una medida de organización y desorganización, la cual se alcanza gracias a la introducción de restricciones con el fin de reducir lo difuso y la aleatoriedad de un sistema (Johansen, 2001).

Con el establecimiento de la teoría de la información fundada por Claude E. Shannon y Warren Weaver, se inaugura una era en donde la información tiene un papel fundamental para explicar las propiedades y funciones de los sistemas complejos (Shannon y Weaver, 1949). De esta manera la teoría de la información junto con la teoría general de sistemas se han convertido en principios unificadores para comprender la esencia de los sistemas tanto artificiales como los naturales y los híbridos de ambos. Además, la teoría de la información ha ampliado sus horizontes más allá de la telecomunicación ya que también es utilizada para entender desde procesos moleculares y bioquímicos hasta aspectos psicológicos y sociales (Aladro, 2015).

I.I.II. Los lenguajes como gestores de la información

"El hombre tiene una tendencia instintiva a hablar, como puede observarse en el balbuceo de los bebés; sin embargo, ningún niño tiene una tendencia instintiva a hacer cerveza, a hacer pan o a escribir"

Charles Darwin

Un requisito indispensable para el funcionamiento de sistemas artificiales o biológicos es el surgimiento de un sistema de comunicación que permita la interrelación de los sistemas a través de un lenguaje común. Este sistema de comunicación se puede representar a través de la combinación de diversos signos, como por ejemplo en la lingüística se ocupan las letras, sílabas, palabras, y demás elementos que bajo las mismas reglas darán lugar a la escritura o el habla (Borregales, 2005). Para dar otro ejemplo de los sistemas de comunicación en sociedad tenemos a la música y su escritura (notación musical), la cual también posee sus reglas para poder generar un mensaje sonoro determinado. Del mismo

modo en biología molecular encontramos el lenguaje genético y proteico, donde sus diversos elementos (nucleótidos o aminoácidos) organizados de cierta manera según sus reglas biológicas darán origen a la estructura y función de los seres vivo (Salas, 2003).

Entonces para entender al lenguaje como un diseño universal y no como una característica restringida al pensamiento humano, debemos considerar como lenguaje a la información que esté estructurada dentro de un sistema, la cual se traduce en reglas previamente establecidas y cuyo fin sea el de crear significados que permitan la transmisión de algún mensaje inteligible (Borregales, 2005). Además, se debe considerar que el lenguaje se interpreta como un sistema compuesto de unidades (signos), que la adquisición y el uso del lenguaje facilita la relación entre los elementos de un sistema y que conlleva a la formulación de respuestas concretas que puedan ser interpretadas (Ríos, 2010).

Independientemente de los signos que se utilicen para codificar la información, ésta se transmite utilizando lenguajes como estructuras ordenadas de símbolos y códigos. Además, esta característica de codificación de lenguajes permite hacer traducciones de un lenguaje a otro para transmitir información con diferentes significados. Por lo tanto, para comprender la naturaleza de los dos tipos de lenguajes utilizados en este trabajo a continuación se explica las características del lenguaje genético-proteico y el lenguaje musical. De esta manera, se podrá hacer la vinculación entre estos dos lenguajes para transmitir una nueva información surgida de la traducción del lenguaje genético al musical.

I.II. Lenguaje genético y proteico

“Los hechos de la biología molecular tal y como se entienden hoy día no se dejan expresar fácilmente sin el recurso a la noción de información”.

Anónimo

I.II.I. El lenguaje del ADN

La información genética se encuentra almacenada en la molécula conocida como Ácido Desoxirribonucleico (ADN), la cual está estructurada por una serie de unidades discretas que codifican un lenguaje casi universal sobre el cual están diseñados todos los seres vivos (Avery, *et. al.*, 1944; Kornberg y Baker, 1992). La molécula de ADN fue descrita por James Watson y Francis Crick como un sistema de información a partir de una doble hélice (Watson y Crick, 1953). Químicamente el ADN está formado por cuatro nucleótidos denominados comúnmente como adenina, citosina, guanina y timina, que conforman un alfabeto finito de cuatro letras (*Véase figura 1*). Estos nucleótidos forman cadenas de polinucleótidos en un orden particular que origina un mensaje escrito en los genes. El código del ADN se lee por grupos de tres nucleótidos llamados como triplete o codón. La combinatoria de tres nucleótidos por codón a partir de cuatro nucleótidos da origen a la formación de 64 combinaciones que forman el código genético. De los cuales 61 codones codifican para aminoácidos de las proteínas y tres codones indican paro de la síntesis proteica (Nirenberg y Matthaei, 1961) (*Véase figura 2*). Este alfabeto básico constituido por los codones dará como resultado que los genes tengan una combinatoria específica de tripletes, de la cual su longitud está determinada por los codones de inicio (AUG) y de paro (UAA, UAG y UGA) quienes señalan el inicio y el final del gen (Etxeberria, 2004). De esta forma podemos decir que la vida está organizada sobre una base de nucleótidos capaces de combinarse para crear variedades cada vez más complejas y casi sin límite, tanto de especies como de organismos individuales (*Véase Figura 3*).

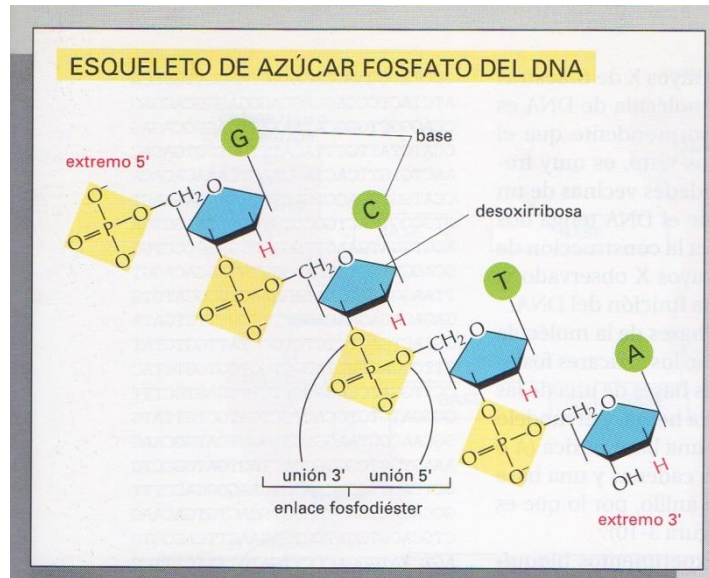


Figura 1.- Desoxirribonucleótidos del ADN. Las unidades básicas del ADN están formados por una desoxirribosa, un grupo fosfato y una base nitrogenada. Esquema tomado de Alberts, 1995.

		Second nucleotide					
		U	C	A	G		
U	UUU	Phe	UCU	Tyr	UGU	Cys	U
	UUC		Ser	UAC	UGC		C
	UUA	Leu	UCA	UAA STOP	UGA STOP		A
	UUG		UCG	UAG STOP	UGG	Trp	G
C	CUU		CCU	His	CGU		U
	CUC	Leu	CCC	Pro	CGC	Arg	C
	CUA		CCA	Gln	CGA		A
	CUG		CCG		CGG		G
A	AUU	Ile	ACU	Asn	AGU	Ser	U
	AUC		ACC	Thr	AGC		C
	AUA		ACA	Lys	AGA	Arg	A
	AUG	Met	ACG		AGG		G
G	GUU		GCU	Asp	GGU		U
	GUC	Val	GCC	Ala	GGC	Gly	C
	GUA		GCA		GGA		A
	GUG		GCG	Glu	GGG		G

Figura 2.- El código genético o de codones (tripletes). Se muestra todas las combinatorias existentes respecto a los 4 nucleótidos que constituyen la secuencia de ARN (A, G, U y C), transcrito del ADN (A, G, T y C). Estas combinatorias de tres cada como resultado la codificación de su respectivo aminoácido en el proceso de traducción. Esquema tomado de <https://snwalter.wordpress.com/page/2/>

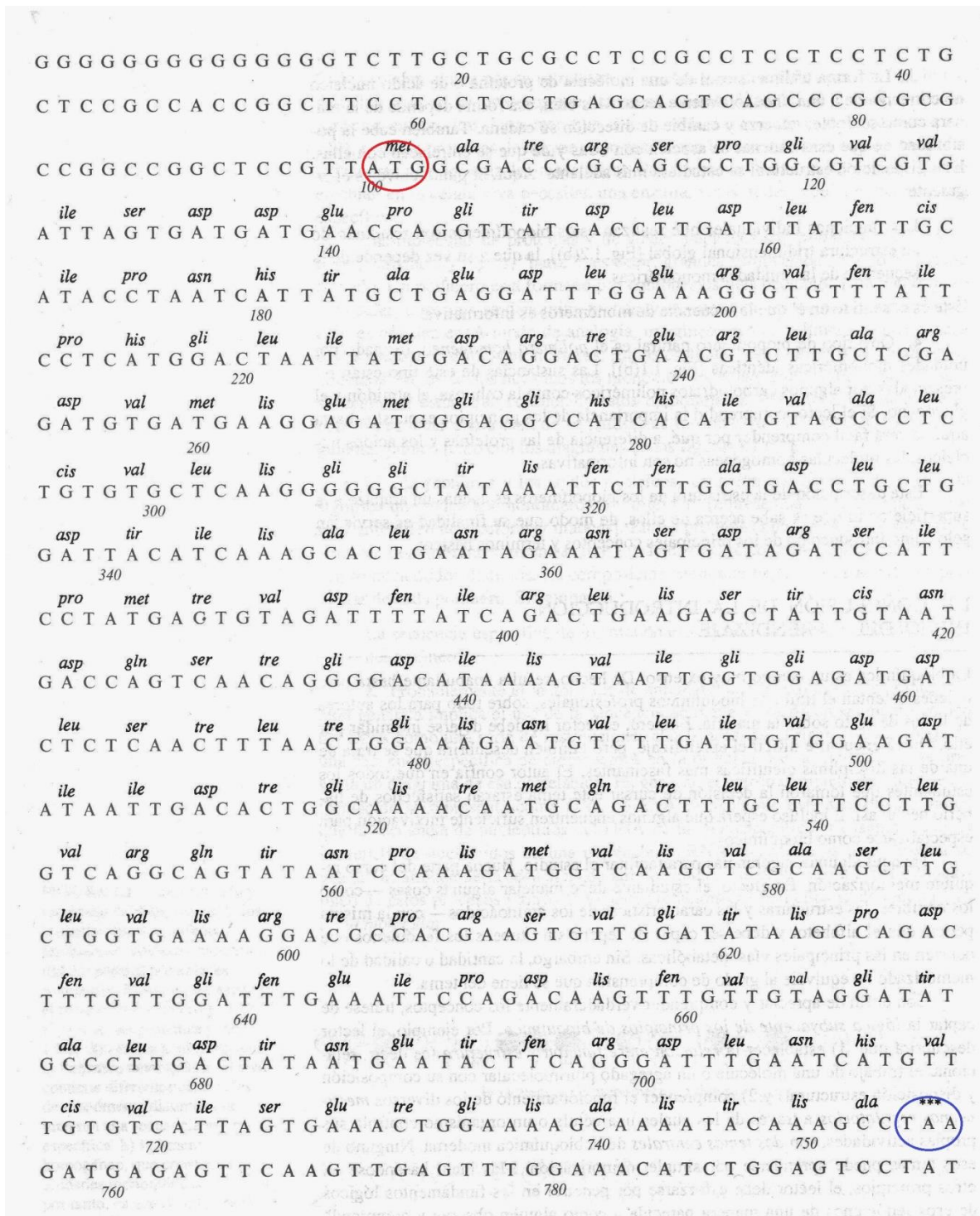


Figura 3.- Modelo de la secuencia informativa bidimensional de un fragmento de ADN portador de un gen que codifica una proteína. Se muestra encerrado en rojo el codón de inicio de este gen. La secuencia del codón encerrado en azul señala el fin del marco de codificación. El gen tomado como ejemplo codifica la enzima fosforribosil-transferasa de la hipoxantina (HPRT). Esquema tomado de Bohinski, 1991.

I.II.II. El Lenguaje Proteico

Además de la codificación del ADN, también existe un segundo lenguaje en nuestras células, el de las proteínas, escrito en el alfabeto propio de estas moléculas. Cada célula contiene miles de proteínas que realizan las reacciones químicas que se necesitan para la vida del organismo. La síntesis de cada proteína está dirigida por un ácido nucleico determinado. Así, el lenguaje de los ácidos nucleicos determina el lenguaje de las proteínas, siendo la clave genética el diccionario que nos da la traducción de un código al otro (Salas, 2003). Las proteínas codificadas en el ADN también poseen estructuras y funciones únicas que determinan los procesos que demarcan la individualidad de la célula y del organismo entero. Esta actividad individual de las proteínas está determinada por su secuencia de aminoácidos, la cual depende a su vez de la secuencia de nucleótidos en el gen (Bohinski, 1991) (Véase figura 2 y 3). En las proteínas solo existen 20 aminoácidos comunes, estos se presentan una y otra vez en todas las proteínas, sin importar de que organismo se esté hablando (Alberts, *et al.*, 1995) (véase figura 4). De esta manera las proteínas forman secuencias primarias de aminoácidos que se pliegan en estructuras tridimensionales complejas para que la proteína tenga una actividad biológica. El plegamiento de las proteínas es muy preciso y generalmente se adoptan básicamente las formas de alfa hélice y hoja beta (López de la Paz, *et al.*, 2001).

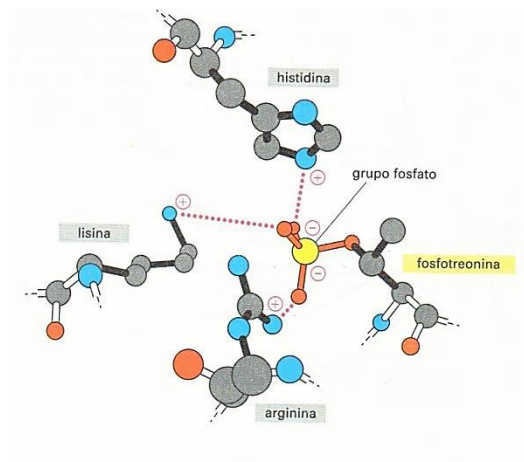


Figura 4.- Pequeña parte de una proteína, mostrando cuatro aminoácidos. Los aminoácidos son los monómeros que conforman a las proteínas. Esquema tomado de Alberts, 1996

I.II.III. Flujo de información genética

Por lo dicho anteriormente se puede establecer que en las células la información almacenada en el ADN codifica para las secuencias proteicas. Sin embargo, la molécula de ADN no es el molde directo para hacer la síntesis de una proteína y hacer la traducción de una información a otra. El mecanismo por el cual se explica el paso de información es través de un sistema de transcripción y traducción (Nishimura, *et al.*, 1965). La información del ADN es transcrita o copiada hacia el ácido ribonucleico mensajero (ARNm), el cual actúa como molécula emisaria que lleva la información del ADN hacia la traducción o síntesis de proteínas (Lengyel, *et al.*, 1961; Matthaei, *et al.*, 1962; Bohinski, 1991). En la traducción la biosíntesis de cadenas polipeptídicas con secuencias de aminoácidos específicas dependen de la secuencia de nucleótidos del ARNm, con la intervención auxiliar de los ARNt y los ribosomas. Este sistema de flujo de información esta conservado en todos los seres vivos y se ha establecido como un dogma central en la biología molecular:



Ambos tipos de lenguajes tienen un ordenamiento de los nucleótidos y los aminoácidos regidos por reglas biológicas para formular un mensaje integrado ya sea en el ADN o en las proteínas. Estas dos biomoléculas son muy importantes gracias al hecho de que ambos tipos de moléculas son informativas, es decir, almacenan en su estructura química las instrucciones que determinan la morfología y fisiología específica de cada célula (Bohinski, 1991).

I.II.IV. Interacción gen – proteína (factor transcripcional y gen diana)

En las secciones anteriores se ha hablado que el flujo de información del ADN al ARN y a las proteínas permite el control de todas las actividades celulares. Sin embargo, los mecanismos que determinan de manera temporal y espacial el momento en el cual la información genética fluye son extremadamente complejos. Pero, básicamente se podría resumir comprendiendo que la información escrita en el ADN se localiza en unidades discretas conocidas como genes. Así, estos genes se pueden transcribir hacia el ARNm y este ser traducido para sintetizar proteínas necesarias para las células en un lugar o momento específico. Por lo tanto, el control de la transcripción genética es muy importante para determinar qué proteínas se van a sintetizar en cada célula. En esencia, el control transcripcional de los genes se realiza por unas proteínas denominadas como factores transcripcionales (FT) que se ensamblan de manera coordinada en una región específica del gen denominada promotor, este evento desencadena la unión de otras proteínas para que el proceso “transferencia de información” siga su paso (Salazar, *et al.*, 2013). En otras palabras, los factores transcripcionales son los interruptores genéticos que se encargan de modular la activación o represión de una gran variedad de genes. Están presentes en casi todos los sistemas bioquímicos de las células eucariotas, creando “programas regulatorios” que definen los diversos estados de desarrollo de un organismo así como su adaptación a una gran variedad de ambientes diferentes (Yusuf, *et al.*, 2012).

Para comprender mejor el flujo de información y el uso de lenguajes genéticos y proteicos en los seres vivos, en este trabajo se utilizó el desarrollo floral de las plantas angiospermas como uno de los ejemplos más exquisitos de flujo de información genética y regulación de redes biológicas. Por lo anteriormente dicho a continuación se describe el modelo ABC que explica el control de la floración en *Arabidopsis thaliana*.

I.III. Características generales de la floración

“Las plantas nos pueden impresionar muy fácilmente, hasta esas pequeñas malezas que aparecen en un paseo son mucho más complejas de lo que nosotros creemos saber del mundo vivo”.

Anónimo

Las plantas se encuentran en un continuo proceso de desarrollo y diferenciación de órganos a partir de zonas especializadas llamadas meristemas, los cuales están conformados en general por células indiferenciadas que se localizan tanto en los extremos de los tallos en crecimiento como en las raíces (Berbel, 2005). Particularmente hablando del meristemo apical del tallo (SAM: Shoot Apical Meristem), se ha estudiado detalladamente los cambios que sufre este meristemo durante la organogénesis de donde emergerán algunos órganos importantes como son las hojas, tallos, ramas laterales y los meristemas florales (Hamant, *et al.*, 2008; Hernández, 2014).

Una de las estructuras generadas del meristemo apical del tallo es el meristemo floral, cuya aparición radica en la transición de un estado vegetativo a un estado reproductivo del cual se desarrollará la flor. El momento correcto de esta transición es básico para maximizar el éxito reproductivo (Uberti, 2013). La iniciación floral es un evento que incluye un cambio total en las características y el patrón de desarrollo del meristemo por medio de estímulos que inducen la floración de manera interna (programa genético) o externa (periodicidad de la luz, temperatura, etc.) (Simpson y Dean, 2002).

Una cuestión muy importante para encender el programa genético que controla la floración es la regulación del tiempo, ya que la flor es primordial en el ciclo reproductivo, no sería beneficioso para una planta florecer antes de haber desarrollado suficientes hojas y raíces, esto para garantizar el desarrollo nutricional de los frutos, y contrariamente sería dañino florecer tan tardíamente que no se alcanzara a completar el desarrollo de sus frutos y semillas antes de la llegada del invierno (Bidwell, 1979).

I.III.II. Regulación de la floración por fotoperiodo

Anteriormente se habló sobre la diferenciación del SAM hacia el meristemo floral, que comprende la transición del estado vegetativo al estado reproductivo. Este evento fisiológico ha sido ampliamente estudiado y en la actualidad se han obtenido grandes avances para comprender los mecanismos que controlan la transición, la iniciación y el desarrollo floral (Garner y Allard, 1920). De hecho, uno de los modelos más utilizados y conocidos es la inducción floral en *Arabidopsis thaliana*, la cual está regulada por un complejo circuito que integra múltiples señales ambientales (fotoperiodo, calidad y cantidad de luz, temperatura) y de desarrollo (edad de la planta, niveles de sacarosa o de distintas fitohormonas) (Valentim, *et al.*, 2015). Básicamente la inducción del desarrollo florar está controlada por cuatro rutas: la vernalización, la autónoma, por hormonas y por fotoperiodo (Véase figura 5). Sin embargo, aunque existen varias rutas para iniciar la floración uno de los factores más importantes en este proceso, es la luz, (ruta por fotoperiodo) que determina el tiempo de transición entre el desarrollo vegetativo y el reproductivo (Tofiño, *et al.*, 2007; Andres y Coupland, 2012).

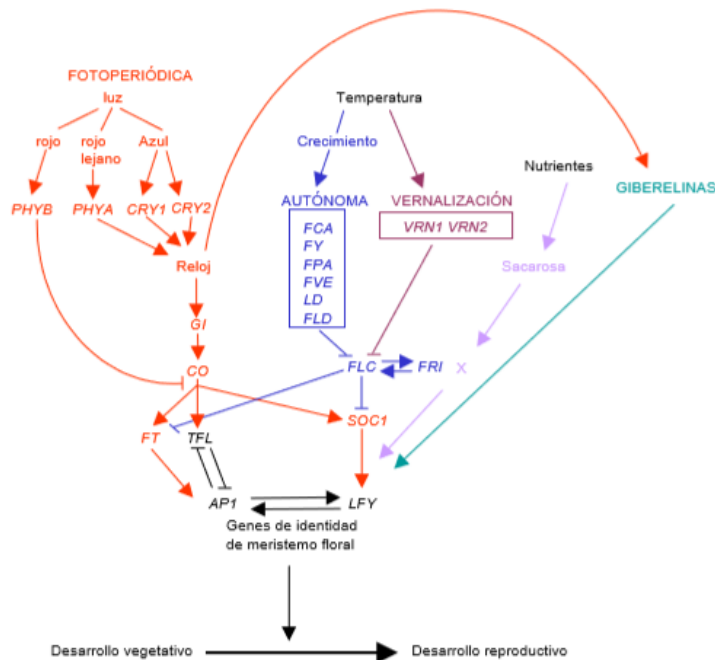


Figura 5.- Modelo de inducción de *Arabidopsis thaliana*. Se muestra en rojo la vía por fotoperiodo y la participación del reloj circadiano. Esquema tomado de Berbel, 2005.

La vía por fotoperiodo comienza por la percepción de la luz en regiones del espectro visible por fotoreceptores especializados y por la respuesta a la duración del día. Por ejemplo, en *Arabidopsis thaliana* la proteína Constans (CO) tiene un dominio fotosensible para registrar la intensidad y duración de luz. Una vez que CO se activa por la luz, esta se une a la región promotora del gen que codifica para el factor transcripcional Locus T de floración (FT) para activar su expresión en las hojas (Suárez-López, *et al.*, 2001). Algunos estudios sugieren que la inducción de la síntesis del ARNm de FT en una sola hoja es suficiente para que este ácido nucleico mensajero viaje por el sistema vascular hacia el ápice del tallo. Posteriormente, se hace la síntesis de la proteína del mismo nombre FT y esta a su vez activa a otros genes de la cascada de transducción de señal para inducir la floración (Golembeski, *et al.*, 2014). De acuerdo al modelo ABC de la floración, la proteína FT, SOC1 y LFY actúan como integradores de señales para iniciar la floración mediante la activación de la transcripción de genes homeóticos Caja MADS que dan la identidad a los cuatro verticilos florales. Según este modelo existen tres grupos de genes encasillados como clase A, B y C. Cuando estos genes son activados por los integradores florales FT o LFY estos genes determinan la identidad de los órganos florales. Así los sépalos están determinados por la expresión de los genes clase A (AP1 y AP2), los pétalos por los genes clase A y B (AP3 y PI), los estambres por los genes clase B y C (AG) y los carpelos por solamente los genes clase C (Coen y Meyerowitz, 1991; Mendoza y Álvarez-Buylla, 1998) (Véase figura 6).

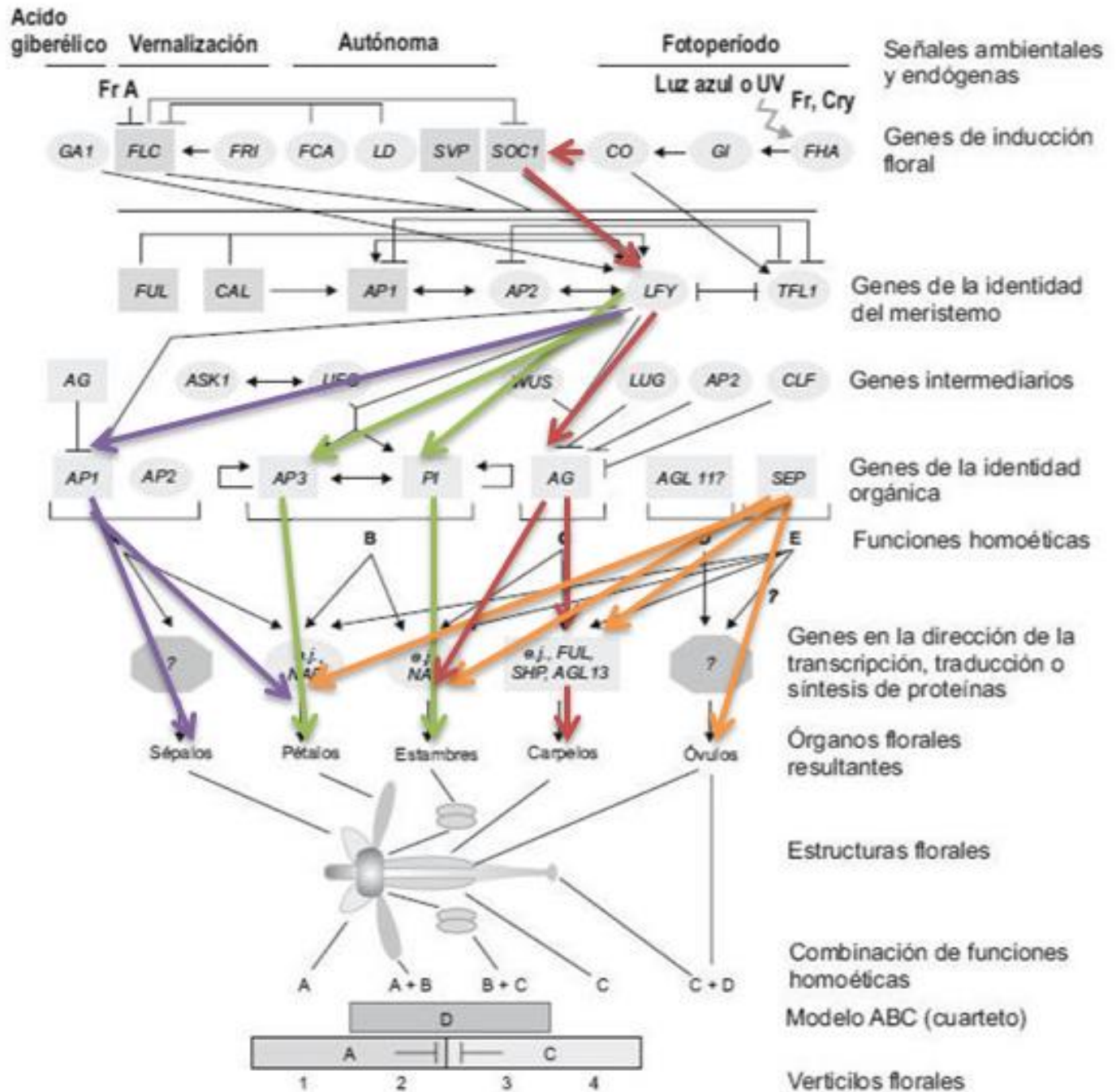


Figura 6.- Esquema general del control genético de la floración en *Arabidopsis thaliana*. La floración en *Arabidopsis* puede explicarse según el modelo ABC por la interacción entre genes en diferentes niveles. Algunos de ellos se expresan en las hojas para señalar el estímulo floral, otros en el meristemo del tallo para establecer la transición a yema floral, otros determinan la identidad de los órganos florales y los genes efectores determinan las características específicas de los verticilos. Las flechas resaltadas indican la ruta por fotoperiodo, enfatizando los genes que se utilizaron en este trabajo. En la parte inferior se muestra el Modelo ABC, el cual se ha demostrado que presenta un nivel elevado de conservación y sugiere antigüedad evolutiva de la red regulativa de la floración. Esquema tomado de Tofiño, et al., 2007.

I.IV. Lenguaje musical

“Quiero construir la música como está construido un árbol”.

Francisco Guerrero

I.IV.I. La música y su lenguaje

Antes de explicar en qué consiste el lenguaje musical, es importante referirnos a la definición de música. Al igual que la definición de información, comunicación y lenguaje, formar un concepto del término “música” es bastante complejo. Sin embargo, existen definiciones generalizadas como la de Moncada, quien en su libro *Teoría de la música*, nos dice que la música es el arte y la ciencia de los sonidos (Moncada, 1964). Otras definiciones como la de Johann Mattheson, describen a la música como la ciencia y el arte de poner con tino sonidos convenientes y placenteros, juntarlos unos con otros del modo justo y sacarlos afuera con gracia. Así mismo, Wolfgang Rihm dice que la música es una escritura de signos sonoros sobrepuesta al tiempo; una huella de una plenitud inconcebible de formas, coloración y modelación del tiempo, expresión sensible de la energía, imagen y hechizo de la vida. Pero, en contrastante a esta la opinión Anton Webern quien dice que la música es un “lenguaje donde la naturaleza está sometida a leyes” (Dahlhaus y Eggebrecht, 2012).

Tomando en cuenta la definición en donde se considera a la música como un tipo de lenguaje, podemos decir que desde el siglo XVII tradicionalmente la música está escrita en el lenguaje tonal basado esencialmente en siete notas musicales (do, re, mi, fa, sol, la, si). En el sistema tonal (sistema occidental), existen reglas de conducción melódica y armónica para componer. Este sistema de composición se fundamenta en estructuras organizadas jerárquicamente en grados de una escala; entendiendo esta como una sucesión de notas a partir de la nota base (Véase *Tabla 1*). También, existe a partir del siglo XX el sistema de composición atonal que tiene doce notas musicales (siete básicas y cinco semitonos). El sistema atonal a diferencia del tonal no usa una nota como base para hacer la

composición, más bien todas las notas tienen la misma jerarquía (Borregales, 2005).

La aparición del sistema atonal trajo como consecuencia el surgimiento de innovaciones tímbricas, como una necesidad de los compositores que aspiraban a tener estilos únicos de composición. Así por ejemplo, en Rusia aparecen compositores como Nikolay Roslavets, Alexander Mosolov, Sergei Prokofiev, Shostakovich y Khachaturian quienes basaron sus composiciones en el sistema atonal. Por otra parte se forma la segunda escuela de Viena que de la misma manera se desarrolla en un sistema atonal. El compositor Arnold Schönberg fue el primero en componer de acuerdo a este nuevo sistema y, que posteriormente evolucionará al sistema dodecafónico dejando su legado a sus discípulos Alban Berg y Anton Webern, entre otros como Pierre Boulez, Karlheinz Stockhausen, Olivier Messiaen y Krzysztof Penderecki. Éstos compositores contribuyen con su aportación de transformar enormemente el lenguaje tradicional y además de empezar a generalizar la postulación de sus métodos personales (Grout y Palisca, 2001). Finalmente en estos últimos años con la tecnología y digitalización de la información están surgiendo numerosas formas para hacer creaciones musicales totalmente innovadoras como se puede ver más adelante (antecedentes).

nota	Grado dentro de la escala	función
Do	1 ^{er} grado (I)	Tónica
Re	2 ^{do} grado (II)	supertónica
Mi	3 ^{er} grado (III)	Mediante
Fa	4 ^{to} grado (IV)	Subdominante
Sol	5 ^{to} grado (V)	Dominante
La	6 ^{to} grado (VI)	Submediante
Si	7 ^{mo} grado (VII)	Sensible
Do	8 ^{vo} grado (VIII)	Tónica

Tabla 1.- Grados y funciones en la escala. Las escalas indican una tonalidad, en donde la tónica desempeña la función de centro o polo hacia el que tienden los demás. Cualquiera de los sonidos es apto para desempeñar la función de tónica: todo estriba en disponer las notas restantes, constitutivas del sistema, en forma tal que permitan a la tónica elegida manifestarse plenamente. Esquema tomado de Borregales, 2005.

I.IV.II Elementos de la música

“El estilo es la forma característica en que un compositor organiza sus ideas y habla el lenguaje de su arte. Siendo este lenguaje musical el elemento común entre los compositores de una escuela o época determinada”.

Igor Stravinsky

Los elementos básicos de la música son la melodía, la armonía y el ritmo, los cuales se equilibran para conseguir los efectos adecuados en cada composición. La melodía es la sucesión de notas en diferentes alturas, organizadas de manera que tengan un sentido musical para el oyente. Sin embargo, la reacción que una melodía produce en cada individuo es muy personal. Aquello que para un oyente posee sentido musical, puede ser interpretado por otro como un montón de notas sin sentido alguno, esto se refiere a que una persona puede percibir una melodía con gran poder expresivo mientras que a otras no las conmueve en absoluto.

Ritmo es considerado desde la antigüedad un elemento fundamental del cosmos sonoro, que confiere a la música proporciones en el espacio y además establece las relaciones de duración, intensidad y altura. Básicamente, con el ritmo musical se pretende ordenar los sonidos en el tiempo y de manera proporcional. Cabe destacar que la organización rítmica de los sonidos se da dentro del compás, el cual “forma la estructura del movimiento melódico en el tiempo”. Éste puede estar formado por dos o más partes. Asimismo, es importante destacar que en el compás hay partes fuertes y débiles (Borregales, 2005).

La armonía se produce cuando dos o más notas diferentes suenan a la vez, formando un acorde. La palabra “armonía” se utiliza de dos maneras diferentes: para hacer referencia a las notas escogidas para formar un acorde y, en un sentido más amplio, para describir la sucesión o la progresión de los acordes a lo largo de una composición (Bennett, 2008). A éste elemento de la música se le conoce como un elemento estática, en contraste con los otros dos elementos esenciales. Esto se debe a que la armonía es de naturaleza puramente mental o

cerebral ya que esta no puede existir sin la inteligencia, mientras que el ritmo es de naturaleza fisiológica y la melodía es afectiva o emocional (Hernández, 1992).

I.IV.III. Notación musical

La notación musical se refiere al conjunto de signos gráficos que se emplean en la escritura musical, los principales signos son las claves, notas, silencios, alteraciones, signos de indicación del compás, líneas divisorias, líneas adicionales, barras de compás, barras de repetición, barra final, puntillos de aumentación, puntillos de disminución, ligadura de unión o prolongación, ligadura de fraseo, calderón y párrafo. Todos estos signos se escriben en el rayado especial que se denomina pentagrama (Moncada, 1964) (*Véase figura 7*).

Todas estas estructuras musicales de igual manera que el lenguaje bioquímico arreglado de diferentes combinatorias según el criterio que las rija para su composición finalizara en un mensaje auditivo que serán integradas en la mente del espectador. Así la creación musical se puede entender en dos facetas, primero la que concierne a la configuración del lenguaje y la segunda que refiere a la utilización efectiva de acuerdo a reglas y estrategias para la formulación del mensaje sonoro la cual involucra el concepto de originalidad, así como su correlato, la creatividad, porque sugiere que han de reconocerse dos clases de originalidad algo diferentes. La primera tiene que ver con la invención de reglas nuevas. La segunda clase involucrada en la estrategia, donde no solo implica cambiar las reglas sino discernir nuevas estrategias para realizar esas reglas (López, 2013). De estas dos facetas mencionadas anteriormente es de donde surgen nuevas formas compositivas alejadas de la forma tradicional. Sin embargo aun cambiando las reglas, puede afirmarse que gran parte de los compositores comparten al menos el sistema de notación musical, siendo este muy estable.

Träumerei

Reverie - Op.15, n.7

Piano Collection for Beginners - Grade 3
Revision: RICARDO BOPPRE

R. SCHUMANN
(1810-1856)

Figura 7.- Ejemplo de la notación musical aplicada en una melodía de Schumann (Op. 15, n. 7). Rodeado de amarillo encontramos las claves, las cuales se escriben al principio del pentagrama y sirven para determinar el nombre y la altura de las notas. Las notas, dando un ejemplo que está rodeado de color naranja, se encuentra una corchea seguida blancas, las cuales darán la duración a la nota según su lugar en el pentagrama. Rodeado de azul encontramos un silencio, en este caso un silencio de negra, estos símbolos indican una interrupción o negación del sonido. Existen al igual que las notas distintos silencios de acuerdo a su duración. De color verde encontramos notas alteradas que se refieren a signos escritos a la izquierda de la nota para modificar su entonación, en la primera nota rodeada encontramos un becuadro donde su función es destruir el efecto alterado y regresarlo a su sonido natural, como segunda nota rodeada se indica un sostenido el cual sube la entonación de la nota que se antepone medio tono. En color rosa ubicamos a las líneas divisorias o líneas de compás que como su nombre lo indica su función es separar los compases según la armadura indicada al inicio de la partitura. En color café se ubican pequeños fragmentos fuera del pentagrama que se denominan líneas adicionales, éstas son utilizadas para escribir notas que rebasan las 5 líneas preestablecidas del pentagrama. En rojo se encierran las barras de repetición, son estas las que indican que el fragmento musical debe repetirse. El círculo negro rodea la barra final, una línea divisoria que indica el fin de un fragmento musical. Encerrado en el cuadrado amarillo ubicamos un puntillo de aumentación, el cual se escribe a la derecha de la nota aumentando a ésta la mitad de su valor. En el recuadro morado un calderón, signo en forma de semicírculo que indica la prolongación de su duración más de lo que representa. Finalmente ubicamos los dos tipos de ligaduras, en el recuadro café una ligadura de fraseo la cual abarca dos o más notas de igual o diferente nombre y en el recuadro rosa la ligadura de unión que une en uno solo el valor de dos notas del mismo nombre, de la cual solo es articulada la primera de ellas (Moncada, 1966).

I.V. Fusión ciencia y arte

“...Percibir en la oscuridad del presente esa luz que trata de alcanzarnos y no puede: eso significa ser contemporáneos. Por eso los contemporáneos son raros; y por eso ser contemporáneos es, ante todo una cuestión de coraje: porque significa ser capaces, no solo de mantener la mirada fija en la oscuridad de la época, sino también de percibir en esa oscuridad una luz que, dirigida hacia nosotros, se nos aleja infinitamente. Es decir, una vez más: ser puntuales en una cita a la que solo es posible faltar...”.

Giorgio Agamben

En el siglo XX hubo un cambio social muy fuerte donde se volvió menester preguntar nuevamente sobre el mundo natural, justo ahora que parece que los últimos rincones del mundo natural desaparecen frenéticamente. Por ello, comienzan a surgir nuevas áreas de estudio como biopolíticas, bioéticas, biofilosofía, bioarte, mediaciones tecnológicas, artificiales y biológicas, entre otras. Llevándonos a pensar en el arte actual no sólo como objeto estético individualizado, sino como un modo de tratar con lo real, con el mundo sensible a partir de procedimientos y procesos marcados hoy por la hibridación. Donde los territorios del arte aparecen hoy más bien como procesos abiertos, la frontera entre arte, ciencia, y ecología, diseño, ingeniería, investigaciones teóricas, reflexión humanística son muy a menudo rebasadas en las propuestas artísticas contemporáneas (García, 2009; Gaytán, 1999).

Dentro de estas nuevas formas de expresión artística particularmente encontramos al bioarte, el cual surge como una forma novedosa de manifestación artística de la sociedad actual. El bioarte fusiona la biología con el arte creando obras que promuevan un debate en torno a los riesgos, incertidumbres y consecuencias del uso de las biotecnologías usadas en el mundo actual. Este nuevo movimiento artístico por lo tanto está retomando la vocación original del arte: la de explotar, explorar y criticar los desarrollos de la época y de la sociedad en la que se están creando (Piñon, 1999).

Sin embargo, existen diferentes posturas frente a la fusión de la ciencia con el arte. Hay quienes aseguran que los objetivos y los métodos son totalmente distintos entre la ciencia y el arte. Ya que la ciencia trata de hallar lo universal que unifica fenómenos aparentemente diferentes, mientras que el arte busca especímenes de valor único dentro de las diversas posibilidades de cada técnica o estética²⁹. A pesar de la aparente complejidad de esta cuestión, arte y ciencia comparten una misma naturaleza, inherente al ser humano, que está en la base de lo que llamamos inteligencia. Los científicos buscan los patrones que encierra el universo y formulan leyes que los predicen. Los artistas generan esos patrones (visuales, sonoros, temporales conceptuales, en un espacio bi-, tri- o multidimensional) para satisfacer nuestra necesidad innata de descubrirlos (Pérez, 2014).

Las nuevas artes exploran nuevos campos posibles y, para eso, se sirven de nuevos métodos y materias. Los que se atreven a incursionar en el bioarte aprovechan un lenguaje extraño al arte, ocupándose de los procedimientos laboratoriales como puede ser la biotecnología, para realizar obras en dominios hasta ahora nunca abordados, creando nuevos lenguajes y nuevas formas de expresión y, con ellas, procedimientos que manipulan una entidad hasta ahora prácticamente inexplorada para fines artísticos: la propia vida biológica (García, 2009).

II. ANTECEDENTES

“La semilla primera en la que todo lo que será más tarde la planta – raíces, tallo, hojas, frutos y la final pudrición – Vive ya con una vida no por futura menos presente”.

Anónimo

La relación íntima entre ciencia y arte ha sido evidenciada en numerosos trabajos donde se han obtenido desde la composición de piezas musicales basadas en algún tema científico como por ejemplo el compositor Erik Satie quien mencionaba: *“Mis trabajos son pura fonométrica”* o algo más actual como el grupo

Tool con su canción *Forty Six y 2*. También ésta relación (fusión entre ciencia, tecnología y arte) ha llegado hasta las pinturas y esculturas, surgiendo un movimiento conocido como *net.art* el cual está basado en la digitalización para “embellecer” las paginas web; si a escultura nos referimos, se ha empezado a manejar a lo vivo (células) como una materia prima para poder hacer además esculturas vivientes, modeladas según el deseo del autor, como es Charles Vacanti quien hace modificaciones a determinados organismos con fines médicos pero que en contraparte incita a artistas al uso de nuevas herramientas, los cuales se referían a sus trabajos de esta manera: “*un sueño surrealista convertido en realidad*” al observar una rata con una oreja implantada en la espalda (Torres, 2015). Un segundo ejemplo es el del célebre Kac con sus animales fluorescentes, y que aunado a eso fue quien acuñó el término *Bioarte* (García, 2009).

Refiriéndonos al primer tema que nos concierne (ciencia y música) tenemos el trabajo pionero de Susumu Ohno y Midori Ohno quienes en 1986, realizaron una traducción de las secuencias genéticas, proponiendo de manera natural identificar cada base nitrogenada con una nota musical y de esta manera ir produciendo una secuencia sonora (Ohno, 1986). No obstante, esta asignación propuesta por Susumu y Midori es arbitraria ya que sólo con cuatro notas que equivalen a las cuatro bases nitrogenadas, hacen que las composiciones no sean un resultado estricto de las secuencias genéticas. Sin embargo, el ADN al igual que cualquier sucesión de símbolos no contiene una música implícita y Ohno simplemente toma estas secuencias como moldes para sus composiciones musicales (Miramontes, 2010).

En otro trabajo, Takahashi y Miller en el 2007 realizaron una obra titulada *gene2music*, en la cual obtuvieron melodías a partir de secuencias genéticas y proteicas llamadas por los autores como “señal auditiva”. Estos investigadores ocuparon dos octavas y media para llevar a cabo su traducción, en donde de cada nota asignada a los distintos aminoácidos se formularon acordes de 3 notas para no perder la musicalidad. Este proyecto tenía como objetivo hacer más accesible

la biología molecular para el público en general, niños y científicos con problemas de visión (Takahashi y Miller, 2007).

Todas las composiciones musicales anteriores se centran en la traducción de secuencias genéticas individuales, pero algunos autores como los del proyecto COMPOSALING de manera más ambiciosa no sólo utilizaron una secuencia genética aislada sino que emplearon alineamientos de secuencias de ADN de *Drosophila* para realizar sus composiciones, quedando de esta manera sonificados los datos genómicos a gran escala. Además, las piezas musicales se tornan más “emocionantes” debido a la participación de varios personajes biológicos y matemáticos en una sola melodía, como lo indican los autores. La importancia de este tipo de partitura orquestal no es sólo artística sino también sirve como un transporte para el paso de información a través del sonido, preguntándose si es posible que sea más perceptible mayor número de información mediante un mensaje sonoro (Ingalls, *et al.*, 2009).

También se encuentran las composiciones del artista Thilo Krigar que en su obra “ADN en concierto” (2005), logra representar el flujo de información genética a través de lo que él denominó como las cuatro estaciones de la vida: transcripción, traducción, metabolismo y replicación. Este compositor utiliza como melodía básica las traducciones en donde convierte el número de electrones totales de hidrógeno, nitrógeno, oxígeno y fósforo en pasos de semitonos. Durante toda su obra Krigar realiza arreglos musicales y performance para que la obra suene estéticamente llamativa y se represente la realidad molecular de las células (Mössinger, 2005).

De manera similar, en el proyecto “*La música del genoma*” se realizó una traducción de información genética a musical en base a diferentes análisis como la frecuencia de patrones repetitivos de secuencias de nucleótidos y aminoácidos. También se utilizó la serie de Fibonacci para tener cambios progresivos en las melodías y se emplearon asignaciones de instrumentos de manera libre e intuitiva. En la música del genoma se asignaron notas musicales a cada nucleótido de genes aislados y de diferentes organismos. Sin embargo, con este trabajo se

intentó manifestar la complejidad y el ordenamiento extraordinario de la vida (Sánchez, *et al.*, 2005).

Por otra parte, existen trabajos que si bien no están basados en traducciones de secuencias genéticas o proteicas, si toman como fuente de inspiración a la genómica. Tal es el caso del proyecto del compositor Mexicano Enrico Chapela, quien en el 2010 compuso su obra denominada *Genómica mestiza* basándose en el genoma Mexicano para hacer su creación. Este gran compositor se basa en los estudios recientemente realizados sobre la diversidad genética de los mexicanos. En dicha investigación se analizaron genéticamente 300 individuos de diferentes regiones de México para posteriormente compararlos con individuos de todo el mundo (europeos, africanos y asiáticos) en busca de posibles variantes. En dicho estudio se encontraron 89 variaciones que resultan ser de origen americano. Así, Chapela hizo una correspondencia entre las 89 variantes con 89 series dodecafónicas distintas, definiendo con ello todas las notas de la obra, y estas variantes según en el cromosoma que se encontraran definieron 23 secciones de la obra musical, y las frecuencias de aparición en cada cromosoma definieron los valores y los quebrantos rítmicos (Miramontes, 2010).

Además de la traducción de la información genética a música, también se han obtenido composiciones musicales diferentes y novedosas como las del proyecto *GenoMus*. En este particular, se hizo uso de las ciencias de la información para generar melodías que se componen por si solas mediante la inteligencia artificial. En esta obra musical se concibe a la tecnología como una herramienta práctica para hacer composiciones reales de acuerdo al desarrollo futuro de la creatividad artificial. De esta manera, las creaciones musicales surgen de la fusión de las técnicas tradicionales con los lenguajes de programación característicos de nuestra sociedad actual (López, 2013).

Al contrario de los anteriores trabajos el Dr. César Pérez Córdoba en el 2011 con su investigación de la “*relación entre color y música a la luz de la ingeniería*”, relacionó los colores con la música. En este concepto se representó notas, acordes y obras musicales con colores, pudiéndose apreciar la música en una

gran gama de tonalidades. Por lo tanto, la música pasa a ser representada por un color específico según sea la nota musical, demostrando que los sonidos y los colores tienen funcionalidades similares en aspectos como consonancia y disonancia (Castillo, 2011).

Además de los proyectos de fusión entre la ciencia y la música, existen otros que de igual manera unen la ciencia, la tecnología y el arte. Entre los trabajos más destacados podemos mencionar a los realizados por el brasileño Eduardo Kac, que es considerado como fundador en la creación de instalaciones que combinan robótica, redes telemáticas y biotecnología, al servicio del arte. La unión entre hombre y máquina puede originar una tercera especie y es a partir de este presupuesto que Kac inicia un bioarte preliminar o su “arte transgénico”. Este artista innovador ha realizado procesos de “invención de cuerpo”, creando nuevos cuerpos y, con ellos, nuevas formas de presencia, externas a nuestro universo ordinario y que pretenden darnos a conocer nuevas experiencias (Dow, 2009).

También podemos mencionar a la portuguesa Marta de Meneses quien asocia la información contenida en moléculas de ADN y de los procedimientos científicos con el rediseño del metabolismo de seres vivos. La artista en su obra *Nature?* alteró el desarrollo espontáneo de las mariposas todavía en el capullo para crear patrones inexistentes en la naturaleza. Si, por un lado, sus propósitos son específicamente artísticos, por otro pretende incitar a la reflexión entre lo natural y lo manipulado, que llama “nuevo natural”, y que explica el signo de interrogación asociado al título atribuido a la obra. Marta de Meneses pretende explorar las posibilidades y restricciones del sistema biológico, y llevar a los laboratorios científicos nuevas cuestiones y nuevas experiencias (Menezes, 2003).

III. JUSTIFICACIÓN

“Así, el mensaje proporciona tanta más información cuanto más original sea, más inverosímil y menos esperado...”

Shannon

La información es un recurso que otorga significado o sentido a la realidad, ya que mediante códigos y conjuntos de datos, da origen a los modelos de pensamiento humano. Por lo tanto, el concepto de información tiene un uso muy variado y diferentes significados, ya que se emplea para explicar diferentes fenómenos desde el nivel atómico, molecular y biológico hasta el conductual y social. Sin embargo, a pesar de sus distintas interpretaciones la información se ha considerado como una característica esencial de los sistemas que se construye e interactúa de manera abierta con su medio en cualquier nivel de organización.

Aunado a esto, se sabe que la información se produce, transmite, percibe e interpreta mediante una serie de códigos y normas que forman lenguajes particulares para cada tipo de información. Sin embargo, la información y sus distintos tipos de lenguajes no son elementos aislados que sirvan solo para un tipo de comunicación entre los sistemas. De hecho, los lenguajes de un tipo de información pueden ser traducidos a otro lenguaje distinto para hacer interpretaciones novedosas de la información que generen mensajes y evoquen reacciones antes desconocidas. Por lo tanto, en este trabajo se realiza una traducción de la información almacenada en el material genético a una información sonora, utilizando un criterio lógico que permita transformar el lenguaje biológico a un lenguaje musical mediante la asignación de notas musicales a secuencias de genéticas (codones) o proteicas (aminoácidos) con una función biológica particular. La traducción del lenguaje genético al lenguaje musical pretende dar un aporte a la diversificación de formas de interpretación de la información genética y musical, con la finalidad de acercarnos generalmente o específicamente al conocimiento y difusión de ambos mundos de manera académica y cultural a través de las percepciones sensoriales, emotivas y cognitivas.

IV. HIPÓTESIS

Con la traducción del lenguaje genético-proteico al lenguaje musical se puede obtener un producto susceptible de la apreciación, creación y transmisión artística.

V. OBJETIVOS

V.I. General

Realizar una traducción del lenguaje genético y proteico a un lenguaje musical para interpretar de manera visual y auditiva la red de expresión de genes que controlan la floración en *Arabidopsis thaliana* mediante la ruta del fotoperiodo.

V.II. Específicos

1.- Recuperar en formato FASTA las secuencias de nucleótidos y aminoácidos en la base de datos del National Center for Biotechnology Information (NCBI) de los genes y factores transcripcionales que regulan la red de expresión genética de la floración por fotoperiodo en *Arabidopsis thaliana*.

2.- Realizar la traducción de la información genética y proteica a información musical mediante la asignación de notas musicales a las regiones codificantes de los genes y a los aminoácidos de las proteínas de acuerdo a su peso molecular.

3.- Generar ensambles musicales de acuerdo al control temporal y espacial de la regulación de la expresión genética de los genes MADS y la actividad en cascada de los factores de transcripción que regulan la red genética de la floración.

4.- Relacionar la secuencia de aminoácidos y las notas musicales asignadas con la estructura secundaria de los factores transcripcionales por medio de una partitura que represente gráficamente la relación entre peso molecular, alfas hélice y hojas beta con altura y duración de las notas musicales.

5.- Vincular dos grandes áreas como son la ciencia y la música, con el fin de dar a conocer a la ciencia de una manera llamativa y aportar a la música contemporánea un nuevo estilo de composición.

VI. MATERIAL Y MÉTODOS

VI.I. Recuperación de secuencias

Todas las secuencias tanto genéticas como proteicas implicadas en la regulación de la floración por la vía del fotoperiodo en *Arabidopsis thaliana*: CO, FT, SOC1, FT, LFY, AG, PI, AP3, AP2 y AP1 se obtuvieron de la base de datos del National Center for Biotechnology Information NCBI (www.ncbi.nlm.nih.gov). Estas secuencias fueron recuperadas en formato fasta y almacenadas en un archivo digital (Véase *Tabla 2*)

VI.II. Asignación de notas musicales (código de traducción)

Se realizaron dos traducciones una para las regiones codificantes de las secuencias de los genes homeóticos y otra para las secuencias de aminoácidos de los factores transcripcionales que regulan la floración por fotoperiodo. Respecto a la primera traducción el criterio que se utilizó se basó en la asignación de una nota musical específica a los codones o tripletes del ADN, ya que en el lenguaje biológico la información se interpreta mediante la lectura de estas tres bases nitrogenadas para hacer la traducción hacia la síntesis proteica. Para la asignación de notas musicales se empleó la escala cromática o dodecafónica temperada occidental de C a B en clave de Sol, la cual está conformada por doce notas musicales. La correspondencia entre codones y notas musicales se estableció considerando una relación lógica entre el peso molecular total del codón con la altura y duración de cada nota musical (redonda, blanca, negra y corchea). De esta manera, a los codones más pesados se les asignó la nota más grave y la duración más larga, mientras que los codones más livianos se les otorgó la nota más aguda y con menor duración (Véase *Tabla 3 y 4*). Para enriquecer estas melodías resultantes se consideraron silencios los cuales fueron asignados en los codones de inicio y de paro tomando en cuenta de igual manera el peso molecular para la duración.

Nombre	Sigla	GI de Nucleótidos y proteínas	Función en la Inducción floral
Constans	CO	79327898 NP_001031887.1	Inducción floral por el fotoperiodo, mediador circadiano
Similar a Constans	SOC1	145361030 NP_182090.1	Integradores de la ruta floral/ Previene la sobreexpresión de CO y activa LFY y AP1
Fronoso	LFY	5305279 AF056550_1	Promueve la identidad del meristemo floral y la expresión de AG
Locus T de la floración	FT	4903011 BAA77838.1	Ruta de la floración/ Activador de AP1, promueve la identidad del meristemo
Agamous	AG	22328781 NP_567569.3	Identidad orgánica de estambres y carpelos
Pistillata	PI	145358258 NP_197524.1	Desarrollo de pétalos y anteras
Apétala3	AP3	145339488 NP_191002.1	Desarrollo de pétalos y anteras
Apétala 2	AP2	334187225 NP_001190938.1	Se liga al elemento de respuesta al etileno, identidad floral del meristemo, desarrollo de óvulos/ Desarrollo de sépalos y pétalos
Apétala 1	AP1	145337310 NP_177074.1	Desarrollo de sépalos y pétalos

Tabla 2. Cuadro informativo de la red genética que regula la floración. Descripción del nombre, número de identificación (GI) y función de los genes y proteínas implicadas en la regulación de la floración por fotoperiodo en *Arabidopsis thaliana*.

Codón	Peso molecular g/mol	Codón	Peso molecular g/mol	Codón	Peso molecular g/mol	Codón	Peso molecular g/mol
CCC (Pro) 1	333.3	CAU (His)17	358.31	ACA (Thr)33	381.36	CGG (Arg)49	413.36
CUC (Leu)2	334.28	UUA (Leu)18	359.29	CAA (Gln)34	381.36	GGC (Gly)50	413.36
UCC (Ser)3	334.28	AUU (Ile)19	359.29	AAC (Asn)35	381.36	GUG (Val)51	414.34
CCU (Pro)4	334.28	UAU (Try)20	359.29	AUA (Ile)36	382.34	UGG (Trp)52	414.34
UUC (Phe)5	335.26	CCG (Pro)21	373.33	AAU (Asn)37	382.34	GGU (Gly)53	414.34
CUU (Leu)6	335.26	GCC (Ala)22	373.33	ACG (Thr)38	397.36	AAG (Lys)54	421.39
UCU (Ser)7	335.26	CGC (Arg)23	373.33	GCA (Ala)39	397.36	GAA (Glu)55	421.39
UUU (Phe)8	336.24	CUG (Leu)24	374.31	CAG (Gln)40	397.36	AGA (Arg)56	421.39
CCA (Pro) 9	357.33	GUC (Val)25	374.31	GAC (Asp)41	397.36	GAG (Glu)57	437.39
ACC (Thr)10	357.33	UCG (Ser)26	374.31	CGA (Arg)42	397.36	AGG (Arg)58	437.39
CAC (His)11	357.33	GCU (Ala)27	374.31	AGC (Ser)43	397.36	GGA (Gly)59	437.39
CUA (Leu)12	358.31	UGC (Cys)28	374.31	GUA (Val)44	398.34	GGG (Gly)60	453.39
AUC (Ile)13	358.31	CGU (Arg)29	374.31	GAU (Asp)45	398.34	UAA (Stop)61	382.34
UCA (Ser)14	358.31	UUG (Leu)30	375.29	AGU (Ser)46	398.34	UAG (Stop)62	398.34
ACU (Thr)15	358.31	GUU (Val)31	375.29	AAA (lys)47	405.39	UGA (Stop)63	398.34
UAC (Tyr)16	358.31	UGU (Cys)32	375.29	GCG (Ala)48	413.36	AUG (Met)64	398.34

Tabla 3. Ordenamiento descendente de codones o triplete de acuerdo a su peso molecular.
 Se calculó el peso molecular de cada uno de los 64 codones del código génico mediante la sumatoria del peso de sus tres bases nitrogenadas.

	Redonda	Blanca	Negra	Corchea
C	GGG AGA	GGA	AGG	GAG
C#	GAA GUG	AAG	GGU	UGG
D	GGC AGU	CGG	GCG	AAA
D#	GAU	GUA GAC	AGC	CGA
E	CAG	GCA AUA	ACG	AAU
F	AAC	CAA GUU	ACA	UGU
F#	UUG	CGU	UGC UCG	GCU
G	GUC	CUG	CGC CCG	GCC
G#	UAU	AUU	UUA UAC	CAU
A	ACU	UCA	AUC	CUA CAC
A#	ACC	CCA	UUU	UCU CUU
B	UUC	CCU	UCC	CUC CCC
Silencio	AUG	UGA	UAG	UAA

Tabla 4. Asignación de notas musicales y duración a las secuencias de nucleótidos. De acuerdo a su peso molecular se otorgó notas musicales de la calve de Sol a cada codón, recibiendo las notas musicales más graves y con mayor duración los codones más pesados, Mientras que las notas más agudas y con menor duración para los codones menos pesados.

Respecto al segundo código de traducción correspondiente a la secuencia de aminoácidos de las proteínas reguladoras se siguió el mismo criterio para relacionar peso molecular con altura y duración de cada nota musical. En este caso para enriquecer el uso de notas musicales se utilizó una escala natural de C a C de dos octavas en clave de Fa. Por lo tanto, similarmente a los codones los aminoácidos más pesados tuvieron las notas más graves y mayor duración. Mientras, que los aminoácidos menos pesados quedaron con las notas agudas y con poca duración. Sin embargo, para el caso de las secuencias proteicas para la asignación de los silencios se consideró a la serina, prolina, treonina y cisteína ya que son aminoácidos de importancia biológica para el plegamiento y modificación

postraduccional de las proteínas. Por lo tanto, el silencio en la línea melódica de las proteínas indica un momento en donde la proteína hace un giro o puede adquirir una modificación que regule su actividad. En este caso, también se utilizó la misma regla del peso molecular y la duración de la nota musical (Véase *Tabla 5*).

Aminoácido	Peso Molecular	Nota	Duración
Glicina	75.0669	C	corchea
Alanina	89.0935	D	corchea
Serina	105.093	Silencio	corchea
Prolina	115.131	Silencio	negra
Valina	117.1469	E	corchea
Treonina	119.1197	Silencio	blanca
Cisteína	121.159	Silencio	redonda
Leucina	131.1736	F	corchea
Isoleucina	131.1736	G	negra
Asparagina	132.1184	A	negra
Aspartato	133.1032	B	negra
Glutamina	146.1451	C	negra
Lisina	146.1882	C	blanca
Glutamato	147.1299	D	blanca
Metionina	149.2124	E	blanca
Histidina	155.1552	F	blanca
Fenilalanina	165.19	G	redonda
Arginina	174.2017	A	redonda
Tirosina	181.1894	B	redonda
Triptófano	204.2262	C	redonda

Tabla 5. Determinación de notas musicales a las secuencias proteicas. Se utilizó la clave de Fa para otorgar a cada aminoácido su correspondiente nota musical y duración de acuerdo a su peso molecular.

VI.III. Ensamblés genético-proteico/musicales

Una vez que se determinó el código de traducción tanto para las secuencias genéticas codificantes como para las secuencias de aminoácidos de los factores transcripcionales, se procedió a escribir las partituras de las melodías genético-proteicas utilizando el programa *Sibelius*. Cada partitura genético-proteica fue escrita siguiendo la regla de cuarteto (compás 4/4) y contiene dos líneas melódicas correspondientes al factor transcripcional y su gen diana. De esta manera, se realizaron ensambles que representan la actividad de la proteína reguladora con la activación de su gen homeótico diana dentro de la vía molecular que controla la floración por fotoperiodo. Por lo tanto, se realizó una traducción genético-proteica/musical de toda una red seriada de actividad genética y bioquímica desde el registro de la duración e intensidad de la luz, la integración de señales, la determinación de identidad floral y la aparición de la flor. Las partituras genéticas fueron exportadas en formato MIDI para escuchar su reproducción y fueron grabadas en formato digital para obtener un certificado de los derechos ante el Registro Público del Derecho de Autor.

Posteriormente, para facilitar la ejecución instrumental de los ensambles genético-proteico/musicales se procedió a escribir la partitura en formato libre para ser interpretados con música real. La grabación de las melodías genéticas-proteicas se efectuó en el estudio portátil el Cuarto Ruido y participaron instrumentos de cuerda (violín y violoncelo), de aliento (oboe, clarinete, flauta dulce y trompetas) y piano MIDI.

VI.IV. Relación entre secuencias de información biológica, notas musicales y estructura secundaria de proteínas.

Para fortalecer las interacciones entre los distintos tipos de información y lenguajes, se procedió a escribir las partituras en formato libre sin la regla de los cuartetos. Para tal efecto, usando el programa *corel draw* se procedió a

esquematisar la nota musical con su correspondiente aminoácido y la estructura secundaria precedida del factor transcripcional completo obtenida del programa bioinformático PSIPRED. Estas partituras proteicas representan ordenadamente la traducción de las secuencias de aminoácidos a notas musicales en clave de Fa y su correspondiente estructura secundaria ilustrando a las alfa Hélice con un cilindro y a las hojas beta con una flecha. Además, se resalta la presencia de dominios conservados de los factores transcripcionales implicados en encender el interruptor de la floración de acuerdo al modelo ABC en *Arabidopsis thaliana*. Estas partituras nos permiten observar gráficamente la relación entre las notas musicales y la formación de alfas hélices y hojas betas plegadas. Logrando estimular la imaginación en el momento de escuchar la melodía mediante el seguimiento con el sonido grave y duradero o agudo y breve descrito en las partituras (Véase Anexo 1).

VII. RESULTADOS

VII.I. Ensamblajes Musicales de las Secuencias Genéticas y Proteicas

La traducción de los codones y aminoácidos a notas musicales en clave de Sol o Fa se realizó de acuerdo al peso molecular, asignándose notas graves y de mayor duración a los codones o aminoácidos de alto peso molecular. Mientras, que las notas agudas y de menor duración fueron otorgadas a los codones o aminoácidos de bajo peso molecular. Todas las traducciones se realizaron utilizando la secuencia codificante de los genes que regulan la floración por fotoperiodo en *Arabidopsis thaliana*. La partitura de la traducción de nueve genes y sus respectivas proteínas reguladoras se escribió en el programa *Sibelius*, de acuerdo al compás de cuatro notas. Los primeros siete ensambles musicales quedaron con dos líneas melódicas, una correspondiente a la secuencias de la proteína reguladora y otra para el gen homeótico diana (Véase figura 8).

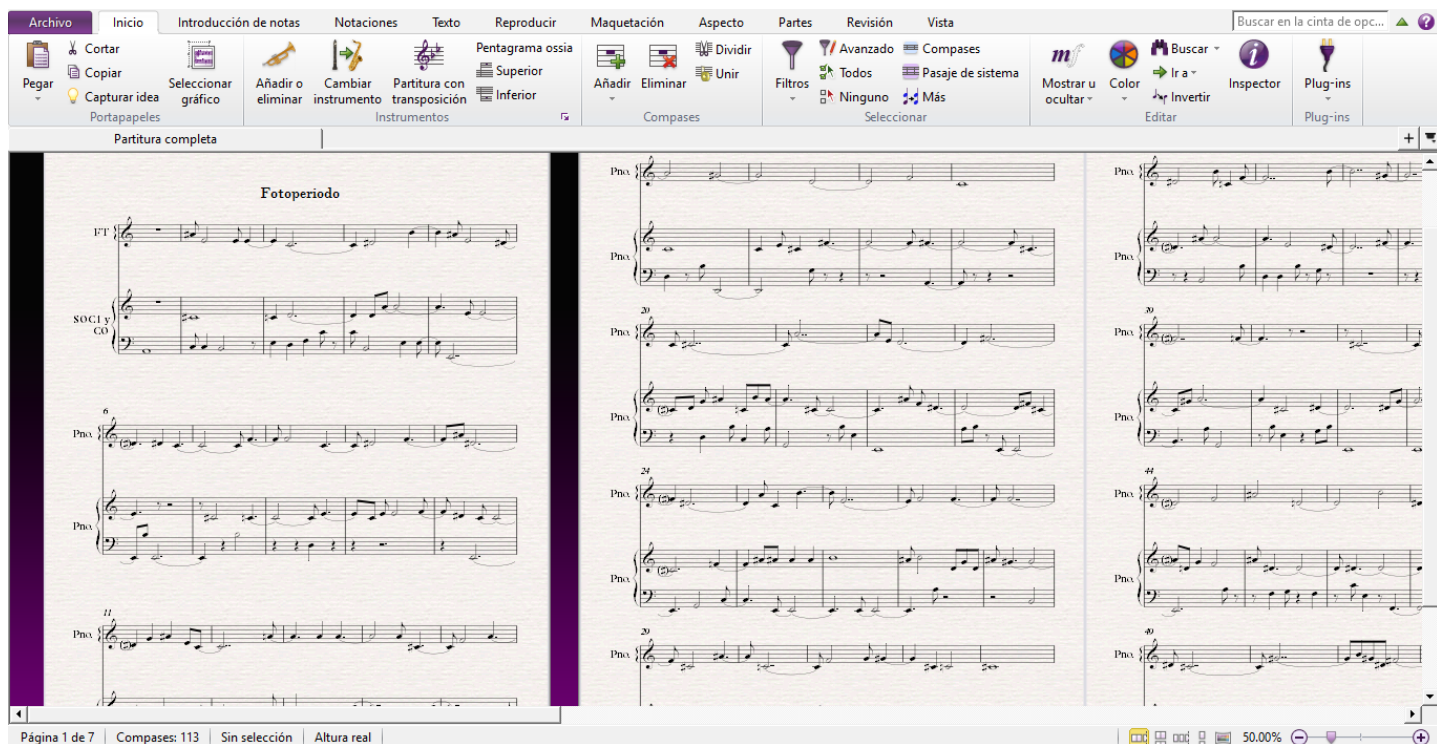


Figura 8.- Partituras de ensambles genético-proteico/musicales. La escritura de las partituras se realizó en el programa Sibelius de acuerdo a la regla de cuartetos. Partituras de un ensamble correspondiente a la secuencia de aminoácidos del factor transcripcional y a la secuencia de nucleótidos de un gen diana.

Mientras, que la última partitura genética contiene las melodías obtenidas de la traducción de cinco genes homeóticos AP1, AP2, AP3, PI y AG que participan en la determinación de la identidad floral (Véase figura 9).

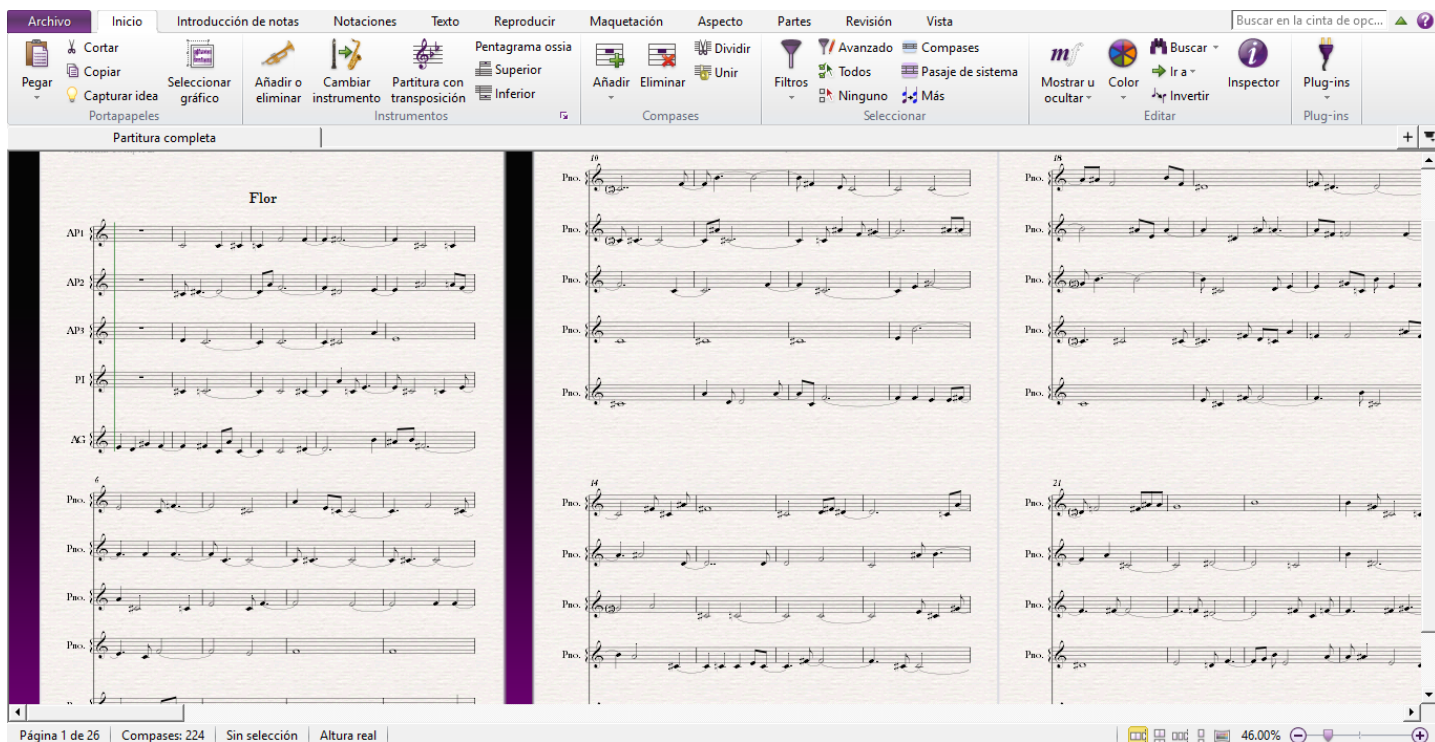


Figura 9.- Partituras de ensambles genético-proteico/musicales. La escritura de las partituras se realizó en el programa Sibelius de acuerdo a la regla de cuartetos. Partitura que contiene la secuencia de nucleótidos de la melodía Flor.

Con las partículas genético-proteico/musicales se generó un disco grabado en formato MIDI denominado como “TE ESCUHO FLORACIÓN”, el cual tiene ocho interpretaciones musicales de la red genética y proteica que regula la floración por el modelo ABC y fotoperiodo. Este disco fue inscrito ante el Registro Público del Derecho de Autor y se obtuvo el certificado con el número 03-2015-021913185800-14 (Véase figura 10). A continuación se describe el contenido del disco y la explicación de cada melodía genética-proteica.

Melodía 1.- Fotoperiodo (Proteína CO – gen SOC1 y FT)

El control del tiempo adecuado para iniciar la floración es regulado por numerosos estímulos ambientales (luz, temperatura, nutrientes y sequía) y factores endógenos (programa genético). Por lo tanto, se ha determinado que existen diferentes vías que coordinan el encendido o apagado de los interruptores que

controlan la transición del desarrollo vegetativo al reproductivo. Dentro de estas vías, está la ruta por fotoperiodo que inicia con la detección y transducción de la intensidad de la luz para vincularla con un reloj circadiano interno que mide la duración del día y la noche. Estos dos parámetros intensidad y duración de la luz se relacionan por medio de Constans (CO), un factor transcripcional con dos dedos de zinc tipo caja B. Debido a que CO tiene un dominio fotosensible (CCT), este factor se activa para controlar el tiempo adecuado para la floración dependiendo de la calidad de la luz y la longitud del día. Cuando las condiciones son adecuadas CO se activa y regula la expresión de genes de integración floral que codifican para los factores transcripcionales SOC1 y FT.

Melodía 2.- Meristema Floral (proteína SOC1 – gen LFY)

Dos genes diana de CO son los integradores florales SOC1 y FT que interpretan diferentes señales para establecer el tiempo de floración. Por su parte SOC1 es regulado hacia la baja por la unión de CO durante los periodos de días largos. Sin embargo, el factor transcripcional SOC1 es considerado como integrador de señales no solo de la vía por fotoperiodo sino también de las de vernalización y autónoma. El Factor transcripcional SOC1 pertenece a la familia de genes caja MADS y junto con el factor AGL24 regula positivamente la floración en condiciones de día corto. Además, activa la expresión del gen que codifica para el factor transcripcional LFY que determina la identidad del meristemo apical.

Melodía 3.- Viaje por el Floema (proteína FT – gen AP1 y AP2)

Otro gen diana de CO es el gen que codifica para el FT, que es regulado positivamente en las hojas por la proteína CO durante los días largos. Después de la activación de la transcripción del gen, el ARNm de FT es traducido y la proteína resultante es translocada por el floema hacia el meristemo apical en donde despierta la transición de la identidad del meristemo vegetativo a reproductivo. Ya en el meristemo apical FT induce la expresión de genes homeóticos como AP1 y AP2 que participan en proporcionar la identidad de los órganos florales.

Medlodía 4.- Sépalos (proteína LFY – gen AP1 y AP2)

El integrador floral SOC1 se une directamente a las regiones reguladoras del gen que codifica para el factor transcripcional LFY que determina la identidad floral en los meristemas vegetativos. El gen LFY juega un papel importante para promover la formación de flores mediante el control del tiempo de floración, la transición floral, el desarrollo de órganos y la inflorescencia floral. El factor transcripcional LFY está posicionado en un lugar central de la red de reguladores que controlan positiva o negativamente la expresión de genes que determinan la identidad de los órganos florales. Por lo tanto, LFY activa la expresión de genes como AP1 que determinan la identidad de los verticilos que se diferenciarán hacia los sépalos. Además de AP1, el factor transcripcional AP2 también está involucrado tanto en la diferenciación de los sépalos como en la cubierta de la semilla y el desarrollo del ovulo y en la cantidad de semillas.

Melodía 5.- Pétalos (proteína LFY – gen AP2 y AP3)

Al igual que AP1 el factor transcripcional AP3 pertenecen a la familia de factores transcripcionales caja MADS, mientras que AP2 es miembro de la familia AP2/EREBP. La actividad de AP2 y AP3 controla el desarrollo del meristemo floral hacia la diferenciación a pétalos.

Melodía 6.- Estambres (proteína LFY –gen PI y AG)

PI y AG son genes clasificados como de identidad de órganos florales y codifican para los factores transcripcionales del mismo nombre, los cuales también tienen el dominio Caja MADS. El regulador maestro LFY induce la expresión del gen AG, quien establece junto con PI la especificación de las identidades de los pétalos y los estambres.

Melodía 7.- Carpelos (proteína LFY – gen AG)

AG forma parte de los genes homeóticos florales está involucrado en la especificación del meristemo floral y la identidad de los carpelos y estambres. Está relacionado además con otros genes homeóticos para la especificación de la flor.

Se cree que este factor participa en el control de la identidad de la flor durante el desarrollo temprano.

Melodía 8.- Flor (genes AP1, 2 y 3, PI y AG)

De acuerdo al modelo ABC los genes homeóticos que controlan la floración se han clasificado en tres grupos: genes A (AP 1 y 2), genes clase B (AP3 y PI) y genes clase C (AG). La actividad de estos genes determina la identidad de los órganos florales de la siguiente manera: los sépalos son determinados por la actividad de los genes clase A, los pétalos por los genes clase A y B, los estambres por los genes clase B y C, y finalmente los carpelos por los genes clase C. El proceso de la floración involucra una red intrincada y altamente específica de grupos de genes asociados con rutas específicas que se relacionan de manera sinérgica o antagónica para determinar el tiempo de floración y el éxito reproductivo de las plantas con flores.

CERTIFICADO

Registro Público del Derecho de Autor

Para los efectos de los artículos 13, 162, 163 fracción I, 164 fracción I, 168, 169, 209 fracción III y demás relativos de la Ley Federal del Derecho de Autor, se hace constar que la **COLECCIÓN** cuyas especificaciones aparecen a continuación, ha quedado inscrita en el Registro Público del Derecho de Autor, con los siguientes datos:

AUTORES DE MUSICA: ROSETE ENRIQUEZ MARIA
RUEDA FLORES AKETZALLI

TITULO: TE ESCUCHO FLORACION

RAMA: MUSICAL SIN LETRA

TITULARES: ROSETE ENRIQUEZ MARIA
RUEDA FLORES AKETZALLI

Con fundamento en lo establecido por el artículo 168 de la Ley Federal del Derecho de Autor, las inscripciones en el registro establecen la presunción de ser ciertos los hechos y actos que en ellas consten, salvo prueba en contrario. Toda inscripción deja a salvo los derechos de terceros. Si surge controversia, los efectos de la inscripción quedarán suspendidos en tanto se pronuncie resolución firme por autoridad competente.

Con fundamento en los artículos 2, 208, 209 fracción III y 211 de la Ley Federal del Derecho de Autor; artículos 64, 103 fracción IV y 104 del Reglamento de la Ley Federal del Derecho de Autor; artículos 1, 3 fracción I, 4, 8 fracción I y 9 del Reglamento Interior del Instituto Nacional del Derecho de Autor, se expide el presente certificado.

Número de Registro: 03-2015-021913185800-14

México D.F., a 6 de marzo de 2015

EL DIRECTOR DEL REGISTRO PÚBLICO DEL DERECHO DE AUTOR

JESUS PARETS GOMEZ



Figura 10.- Certificado de derecho de autor del disco TE ESCUCHO FLORACIÓN. Las ocho melodías obtenidas de la traducción genética-proteica a notas musicales fueron grabadas en formato MIDI y fueron inscritas ante el Registro Público del Derecho de Autor.

El disco obtenido muestra ocho melodías atonales donde se escucha la interpretación musical natural de las regiones codificantes de los genes y de las proteínas de la red de información que controla la floración por el fotoperiodo de acuerdo al modelo ABC. Por lo tanto, este disco inicia con la melodía del gen que codifica para el factor transcripcional CO que recibe la luz para encender el interruptor que ponga en marcha la floración. Posteriormente, las melodías van en orden secuencial de activación genética para dar identidad a los cuatro carpelos que formaran la flor. El disco “TE ESCUCHO FLORACIÓN” es una alegoría para entender una red de información en sistemas biológicos a través de información musical que nos transmite no sólo conocimiento sino una experiencia cognitiva placentera, sensible y artística que fusiona ciencia y arte en información novedosa que aporte nuevas reflexiones, pensamientos y sensaciones. Finalmente, este disco trata de expresar el lenguaje científico de una forma creativa para entender un proceso característico de las plantas angiospermas, que es la aparición de Flor o Inflorescencia. Además, en este disco se vinculan lenguajes biológicos y musicales que podrían formar un circuito de información en el pensamiento humano que asocie la información genética con nuestro ambiente social y cultural a través de las flores que son símbolos de belleza, alegría e inspiración (CD 1 Formato MIDI).

VII.II. TE ESCUCHO FLORACIÓN con música real

Con la finalidad de interpretar con música real las melodías genético/proteicas se escribió las partituras musicales del CD 1 en formato libre para facilitar su ejecución. En la grabación de las melodías participaron instrumentos de cuerda (violín y violoncelo), de aliento (oboe, clarinete, flauta dulce y trompetas) y piano MIDI. “*Te Escucho Floración*” grabado con música real es la esencia de la formación de la flor en muchas plantas angiospermas, así de este modo podemos escuchar y “*Ver con los Oídos*” la activación de esta vía genética regulada por interruptores moleculares sensibles a la luz o fotoperiodos. Al escuchar todo el

disco viajaremos desde el momento en que la intensidad y duración de la luz es censada e interpretada en las hojas, pasando por la orquestación de la formación armoniosa de los verticilos (Véase figura 11) (CD 2 música real). Esta nueva forma de composición musical nos comparte la composición fisiológica de las plantas angiospermas, y de esta manera dando pie al surgimiento del disco “Te escucho Floración” que logra construir un vínculo entre la ciencia y la música, musicalmente haciendo una representación sonora del proceso bioquímico y genético de la floración.

5

SECUENCIA GENÉTICA AP 3

The image displays a musical score titled "SECUENCIA GENÉTICA AP 3". It consists of two columns of musical notation, each with ten staves. Below each note in the musical notation, a three-letter genetic codon is written. The notes are primarily quarter and eighth notes, with some rests. The codons are arranged in a way that suggests a specific sequence or pattern, likely related to the biological process of flowering mentioned in the text.

Figura 11. Partitura escrita en formato libre. Se realizó una representación gráfica utilizando en programa CorelDraw para ilustrar las partituras de siete melodías del Disco “Te Escucho Floración” en formato libre.

VII.III. Relación Partituras Proteicas y Estructura Secundaria

Para evidenciar la relación entre el peso molecular de los aminoácidos de la secuencia proteica con la altura y duración de las notas musicales, utilizando el programa *CorelDraw* se realizó una representación gráfica que contiene las notas musicales, la secuencia de aminoácidos y la estructura secundaria proteica predecida (Véase figura 12). Estas partituras escritas en formato libre representan un ensayo para que al momento de escuchar las melodías el oyente pueda interconectar los cambios en el tono y la duración de las notas musicales con la estructura secundaria de las proteínas. De esta manera, las melodías del disco junto con sus partituras pueden ser usadas como un ejercicio para que a través de los cambios en la intensidad del sonido se pueda conocer la estructura primaria, las modificaciones postraduccionales y plegamientos (silencios), dominios conservados y la estructura secundaria (alfa hélice y hola beta) (Véase anexo 1).

The image displays a musical score for 'PROTEÍNA AG' on two pages. The score is written in bass clef with a 7/8 time signature. The amino acid sequences are written below the notes, with some amino acids marked with a circled 'R' or 'Y'. Colored bars and arrows indicate secondary structure elements: a pink arrow points to the right above the sequence 'K I E I K R I E N T', and several green bars are placed below the sequences on both pages, representing alpha-helices and beta-strands. The sequences are as follows:

Page 1:
T A Ẏ Q S E L G G D
S S P L Ṙ K S G Ṙ G
K I E I K Ṙ I E N T
T N Ṙ Q V T F C K Ṙ
Ṙ N G L L K K A Ẏ E
L S V L C D A E V A

Page 2:
I V F S S Ṙ G Ṙ L Ẏ
E Ẏ S N N S V K G T
I E Ṙ Ẏ K K A I S D
N S N T G S V A E I
N A Q Ẏ Ẏ Q Q E S A
K L Ṙ Q Q I I S I Q

Figura 12. Partitura de secuencias proteicas integradas con estructura secundaria. Se efectuó un análisis bioinformático usando el programa PSIPRED para obtener la estructura secundaria de los factores transcripcionales que regulan la floración en *Arabidopsis thaliana*. Se escribió la partitura en formato libre para relacionar notas musicales, aminoácidos, alfas hélices, hojas beta y dominios conservados.

VIII. DISCUSIÓN

“Ver con los oídos, sentir con el pensamiento, combinar y usar hasta el límite nuestros poderes, para conocer un poco más de nosotros mismos y descubrir realidades incógnitas”

O. Paz

Las traducciones de la información genética o proteica a notas musicales han sido exploradas en varios trabajos, en donde utilizando diversos criterios de asignación de notas musicales se han obtenido obras que tratan de expresar la complejidad, el ordenamiento, la conservación y la maravillosa armonía de la información genética que regula todos los procesos realizados en los seres vivos.

En estos trabajos para la asignación de notas musicales se han utilizado desde métodos intuitivos hasta estrategias de análisis de conservación de secuencias y estudios matemáticos (Sánchez, *et al.*, 2005). Sin embargo, en la mayoría de ellos se han empleado secuencias de genes y proteínas que no tienen relación estructural y fisiológica en los organismos (Sánchez, *et al.*, 2005; Takahashi y Miller, 2007). Otros trabajos, le han dado importancia a la conservación o variación genética de ciertas secciones de los genomas de algunas especies (Ingalls, *et al.*, 2009). Finalmente, el único trabajo en donde se trata de representar el flujo de información genética en cualquier ser vivo solamente se toma cierta información de la molécula del ADN (Mössinger, 2005). Además, en todos estos trabajos las melodías finales resultan de arreglos musicales para que se escuchen estéticamente agradables (Mössinger, 2005; López, 2013).

A diferencia de los estudios anteriormente mencionados, en el presente trabajo se realizó una traducción de toda una red genética y proteica que regula un proceso fisiológico de importancia relevante para la supervivencia de muchos organismos. Además, nuestro código de traducción conserva el significado biológico del

lenguaje genético y proteico, ya que la asignación de notas musicales se realizó solamente para los codones que codifican para la síntesis proteica. También, las melodías que se obtuvieron no tienen arreglos musicales y lo que se escucha son melodías atonales producto de la “composición” solamente de las secuencias de nucleótidos o aminoácidos sin interferencia de información musical subjetiva proveniente de un compositor. Así mismo, en este trabajo cada melodía no es un producto aislado, ya que en el disco *“Te Escucho Floración”* las melodías están relacionadas desde el inicio hasta el fin como una serie de eventos concatenados e interconectados iniciando con la captación de un estímulo, pasando por la transmisión e interpretación de la información y finalizando con una respuesta biológica. Cada melodía fue nombrada por la seriación de la actividad genética y evento fisiológico. Finalmente, cada melodía expresa una relación íntima de regulación transcripcional ya que contienen dos líneas melódicas una para el factor transcripcional y otra para su gen diana. Por todo lo anteriormente dicho, en este trabajo se realizó una vinculación entre el lenguaje genético y el musical para poder hacer más tangible por medio de sonidos la información que por lo general no podemos ver o sentir.

Por otra parte, el disco *“Te Escucho Floración”* puede ser utilizado como material o estrategia para hacer difusión de la ciencia de manera llamativa y creativa, dando a conocer el proceso de floración a través de una expresión artística que favorezca la fijación del conocimiento por medio de experiencias emotivas. Al mismo tiempo, visto desde el punto de vista artístico este disco es una propuesta alternativa de formas de composición musical, ya que no se utilizaron las normas clásicas de arreglos musicales. Entonces, con este disco se puede acercar ciencia y arte a la sociedad en un solo producto, que incluye como aspecto fundamental el uso de lenguajes para transmitir información en los seres vivos.

Así mismo, con este trabajo se obtuvo un producto derivado de la fusión de la ciencia y el arte, que en la actualidad es conocido como el bioarte. Al respecto, podemos mencionar que hay científicos y artistas totalmente en contra de hacer este tipo de asociaciones ya que no es objetivo de la ciencia hacer obras de arte ni

buscar fenómenos únicos, exclusivos e irrepetibles. Tampoco lo es por parte del arte hacer obras con métodos mecánicos/matemáticos que constaten hipótesis mediante la repetición y la reproducibilidad. Sin embargo, para defender la vinculación de estas dos áreas que a simple vista parecen irreconciliables, podemos decir que la ciencia y el arte han nacido juntas con el hombre reflejando ambas las ideologías de las sociedades a lo largo de las diferentes civilizaciones desde sus inicios hasta la fecha. También, podemos argumentar que ciencia y arte son productos de la imaginación, la intuición y la creatividad del ser humano siendo por lo tanto ambas creaciones ideológicas e históricas. Además, ciencia y arte son actividades humanas que llevan al bienestar social de cada cultura en tiempo y espacios determinados. En conclusión, científico y artista buscan incansablemente inmiscuirse en la naturaleza dejando en ella un rayo de luz, una nueva interpretación, un sello único, propio y eterno.

Tomando lo anterior en consideración podemos darnos cuenta que nuestra sociedad está inundada de nuevas tecnologías, también éste reflejando en su ciencia y su arte nuevas formas de expresión en donde se tomen las herramientas biológicas, informáticas y tecnológicas para hacer productos científicos, artísticos o fusiones de ambos. Entonces, estas melodías genético-proteico/musicales puede ser consideradas como una obra de bioarte, el cual es clasificado como arte contemporáneo ya que es una práctica artística que propone nuevas ideas, conceptos y otros conocimientos para el individuo y la sociedad. En donde los artistas contemporáneos, a través de su obra pretenden crear conciencia, responsabilidad social y educativa e invitar a la reflexión de la realidad. Y precisamente en la música, existe una gran influencia de la ciencia para proponer música contemporánea (García, 2009). Ejemplo de esto son las composiciones musicales utilizando herramientas matemáticas y la computación. Dentro de este dominio de nuevas tendencias de composición musical pueden rastrearse diferentes modas ligadas a técnicas como el análisis estocástico, las cadenas de Markov, la teoría de juegos, la geometría fractal, la creación de gramáticas, las diferentes vertientes de la teoría del caos, los autómatas celulares, las redes neuronales, las redes bayesianas, etc. (López, 2013). En estos estilos de

composición, el músico contemporáneo dispone de un arsenal de herramientas que le permiten la organización del material sonoro, sin descartar que todas estas técnicas impliquen grandes volúmenes de cálculo, por lo que la asistencia de la computadora se hace esencial.

Aunque se discute del verdadero valor estético de estas obras, por el hecho de que el oyente debe recibir antes una “asesoría” para que pueda entender a lo que refiere esta música no podemos desmeritar el valor de estas músicas que no se sigue de una supuesta musicalidad intrínseca de los algoritmos, sino que depende exclusivamente del talento del compositor para transformarlos en texturas sonoras significativas.

Finalmente, de esta tesis surge la propuesta para comprender el flujo de información y el uso de los lenguajes haciendo un puente entre los doctos resultados de los científicos al arte, de una investigación formal a algo más subjetivo, donde se comunique un hecho histórico de la biología molecular, a partir del uso de una herramienta imprescindible para el ser humano: la música. Una música que no sólo exprese, sino que estos símbolos musicales se encuentren cargados de significancia sonora, que comuniquen la objetividad de la investigación a manera de melodías, alcanzando de esta manera, abrir una puerta a la explotación, a la exploración y a la crítica de acuerdo a las alternativas emergentes que surgen en la medida como se produce una nueva realidad social, si bien dentro de la sociedad científica la música vuelve su realidad un poco más afable. Es por ello que surge esta propuesta para que sea utilizada como un instrumento para conocer ambos tipos de lenguaje con un significado no sólo emotivo sino también una expresión artística y social.

IX. CONCLUSIÓN

Las traducciones están realizadas para formar melodías utilizando la información codificante escrita en el ADN y en las secuencias primarias de las proteínas. Ambas traducciones se basaron en las características propias del lenguaje

genético o bioquímico, así de esta manera, se asignó a los codones y a los aminoácidos una nota musical con una duración específica de acuerdo a su peso molecular. Para las traducciones del ADN se consideró una escala cromática escrita en clave de Sol, mientras que para las traducciones de las secuencias proteicas se utilizó una escala natural de do a do de dos octavas escrita en clave de Fa. Además, para el enriquecimiento de estas melodías genéticas se introdujeron silencios para indicar momentos de importancia estructural y funcional en las proteínas. La novedosa fuente y estilo de composición musical que resulto en este disco representa la interacción de las proteínas reguladoras con sus genes dianas para controlar la compleja red bioquímica de la floración.

X. BIBLIOGRAFÍA

- Aladro, E. (2015). Las diez leyes de la teoría de la información. Madrid: Síntesis.
- Alberts, B., Bray, D., Lewis, J., Raff, M., Roberts, K., & Watson, J. D. (1995) Molecular Biology of the Cell 3rd Ed. Garland Publishing, New York.
- Andres, F, Coupland, G. (2012). The genetic basis of flowering responses to seasonal cues. *Nat Rev Genet.* 13: 627–639.
- Angulo, N. (1996). Información: una nueva propuesta conceptual. *Cienc de la Inform;* 27(4):190- 5.
- Avery, D.; MacLeod, C., & McCarthy, M. (1944). "Studies on the chemical nature of the substance inducing transformation of pneumococcal types. Induction of transformation by a deoxyribonucleic acid fraction isolated from pneumococcus type III". *J. Exp.Med.* 79:137-157.
- Bennett, R. (2008). Investigando los estilos musicales. Madrid: Akal/ Entorno musical.
- Berbel, A. (2005). Análisis funcional de genes reguladores del desarrollo floral de gisante (*Pisum sativum L.*) en sistemas heterólogos. (Tesis doctoral). Universitat de Valencia. España.
- Bidwell, R. (1979). Fisiología vegetal. México: AGT EDITOR.

Bohinski, R. (1991). *Bioquímica*. Addison-Wesley Iberoamericana, S.A., Wilmington, USA.

Borregales, C. (2005). *La música y el lenguaje como sistemas de comunicación comparables bajo la óptica del análisis del discurso*. (Tesis de pregrado). Universidad Metropolitana. Caracas – Venezuela.

Campbell, J. (1982). *El hombre gramatical*. Nueva York: Fondo de cultura económica.

Castillo, J. (2011). *Encuentra la relación de música con colores*. Intolerancia diario. Disponible en: http://intoleranciadiario.com/detalle_noticia/86763/educacion/encuentran-la-relacion-de-musica-con-colores

Coen, E. & Meyerowitz, E. (1991). The war of the whorls: genetic interactions controlling flower development. *Nature*. 353: 31-37.

Dahlhaus, C. & Eggebrecht, H. (2012). *¿Qué es la música?* Barcelona – Madrid. Acantilado.

Dow, R. (2009). *Arte y tecnología: los retos éticos y políticos del arte transgénico*. Revista Colombiana de Bioética. 4: 129-152.

Etxeberria, A. & Garcia Azkonobieta, T. (2004) *Sobre la noción de información genética: semántica y excepcionalidad*. *Theoria* 50: 209-230.

García, J. (2009). *El arte de crear nuevas artes. El bioarte como arquetipo de la ascensión de las infoartes*. *Sociologia*. 24(71), 233-249.

Garner, W. & Allard, H. (1920). Effect of the relative length of day/night and other factors of the environment on growth and reproduction in plants. *J. Agricul. Res.* 18: 533-606.

Golembeski, S., Kinmonth-Schultz, A., Song, H. & Imaizumi, T. (2014). *Photoperiodic flowering regulation in Arabidopsis thaliana*. *Adv Bot Res.* 72: 1-28.

Goñi, I. (2000). *Algunas reflexiones sobre el concepto de información y sus implicaciones para el desarrollo de las ciencias de la información*. *ACIMED*, 8(3), 201-7.

Grout DJ., & Palisca CV(2001). *História da música occidental*. Madrid: Alianza musical.

Hamant, O., Heisler, M.G., Jonsson, H., Krupinski, P., Uyttewaal, M., Bokov, P., Corson, F., Sahlin, P., Boudaoud, A., Meyerowitz, E.M., Couder, Y., and Traas, J. (2008). Developmental patterning by mechanical signals in *Arabidopsis*. *Science* 322: 1650–1655.

Hernández, H. (1992). *Teoría y práctica de la armonía*. México

Hernández, M. (2014). Identificación de genes implicados en el desarrollo de meristemas inducidos por benciladenina en tejidos de *Pinus spp.* (Tesis de máster). Universidad de Oviedo. España.

Ingalls, T., Martius, G., Hellmuth, M., Marz, M., & Prohaska, J. (2009). Converting DNA to Music: COMPOSALING. In: German Conference on Bioinformatics, 93-104.

Johansen, O. (2001). *Introducción a la teoría general de sistemas*. México. Limusa.

Kornberg, A., & Baker, T. (1992). *DNA replication*, 2nd ed. W.H. Freeman and Company. New York.

Lengyel, P.; Speyer, J., & Ochoa, S. (1961). "Synthetic polynucleotides and the amino acid code". *Proc.Natl.Acad.Sci.* 47:1936-1949.

López de la Paz, M.; Lacroix, E.; Ramírez-Alvarado, M., & Serrano, L. (2001). "Computer-aided design of beta-sheet peptides". *J.Mol.Biol.* 312:229-246.

López, J. (2013). GenoMus, prospección de técnicas de creatividad asistida por computadora mediante la metaprogramación de genotipos musicales. Disponible en: <http://www.lopezmontes.es/genomus.html>

Matthaei, J.; Jones, O.; Martin, R., & Nirenberg, M. (1962). "Characteristics and composition of RNA coding units". *Proc.Natl.Acad.Sci.* 48: 666-677.

McHale, J. (1981). *El entorno cambiante de la información*. Madrid: Tecnos, Hermes.

Mendoza, L. & Álvarez-Buylla, E. (1998). Dynamics of the genetic regulatory network for *Arabidopsis thaliana* flower morphogenesis. *J. Theor. Biol.* 193: 307-319.

Marta de Menezes. (2000). Nature?. <http://martademenezes.com/>

Miramontes, P. (2010). La música de la vida. *Ciencias* 100, octubre-diciembre, 44-53. Disponible en: www.revistaciencias.unam.mx

- Moncada, F. (1964). Teoría de la música. México. Ediciones Framong.
- Mössinger J. (2005). The music of life. Science in culture. 435: 280.
- Nirenberg, M., & Matthaei, J. (1961). "The dependence of cellfree protein synthesis in *E. coli* upon naturally occurring or synthetic polyribonucleotides". *Proc.Natl.Acad.Sci.* 47:1588-1602.
- Nishimura, S.; Jones, D., & Khorana, H. (1965). "The *in vitro* synthesis of a copolypeptide containing two amino acids in alternating sequence dependent upon a DNA-like polymer containing two nucleotides in alternating sequence". *J.Mol.Biol.* 13:302-324.
- Ohno, S., Ohno, M. (1986). The All Pervasive Principle of Repetitious Recurrence Governs Not Only Coding Sequence Construction But Also Human Endeavor in Musical Composition. *Immunogenetics* 24: 71-78.
- Pérez, A. (2014). Arte y ciencia, ¿dos mundos diferentes?. Disponible en: <http://ababol.laverdad.es/ciencia-y-salud/5535-arte-y-cienciadosmundos-diferentes>
- Piñon, F. (1999). Ciencia y Arte (Una reflexión histórico-filosófica). *Signos filosóficos.* 1.2: 57-79.
- Ríos, I. (2010). El lenguaje: Herramienta de reconstrucción del pensamiento. Razón y Palabra; 15 (72). Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=199514906041>
- Salas, M. (2003). Genética y Lenguaje Discurso leído el día 4 de junio en su recepción pública, Madrid – España.
- Salazar, A., Liu, B., Doughty, P., Lewis, RA., Ghosh, S., Parsy, ML., Simpson, PJ., O'Dwyer, K., Matthews, SJ. & Paget MS. (2013) The actinobacterial transcription factor RbpA binds to the principal sigma subunit of RNA polymerase. *Nucleic Acids Res.* 41: 5679–5691.
- Sánchez, S., Baquero, F., & Nombela, C. (2005). The making of the Genoma Music. *Rev Iberoam Micol.* 22: 242-248.
- Shannon, C. (1948). A Mathematical Theory of Communication. *The Bell System Technical Journal.* 27: 379 – 423, 623-656.
- Shannon, C., & Weaver, W. (1949). *The Mathematical theory of Communication.* University of Illinois Press, Urbana.

Simpson, G. & Dean, C. (2002). *Arabidopsis*, the Rosetta Stone of Flowering Time?. *Science*. 296: 285-289.

Suárez-López, P., Wheatley, K., Robson, F., Onouchi, H., Valverde, F., Coupland, G. (2001). *CONSTANS* mediates between the circadian clock and the control of flowering in *Arabidopsis*. *Nature*; 410:1116–1120.

Takahashi, R. & Miller, J. (2007). Conversion of amino-acid sequence in proteins to classical music: search for auditory patterns. *Genome Biology*. 8: 405. Disponible en: <http://genomebiology.com/2007/8/5/405>

Tofiño, A., Mauricio, H., & Cabal, D. (2007). Aspectos moleculares de la inducción y el desarrollo floral. *Fitotécnica Colombiana*. 7(2), 1-20.

Torres, J. (2015). La transgénesis bajo una perspectiva artística. *Barcelona, Research, Art, Creation*. 3(2); 100-121.

Uberti, N. (2013). Estudios funcionales de factores de transcripción vegetales de la familia TCP. Análisis de su participación en el desarrollo vegetal (tesis de doctorado). Universidad Nacional del Litoral. Santa Fe – Argentina.

Valentim, FL., van Mourik, S., Posé, D., Kim, MC., Schmid, M., van Ham, RCHJ., Busscher, M., Sanchez-Perez, GF., Molenaar, J., Angenent, GC., Immink, RGH., & van Dijk, ADJ. (2015). A quantitative and dynamic model of the *Arabidopsis* flowering time gene regulatory network. *PLoS ONE*, in press.

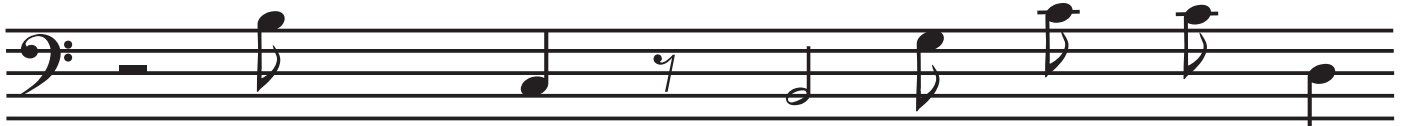
Vizcaya, D. (2001). Lenguaje e información. *DataGramZero*. *Revista de Ciência da Informação*; 2(4). Disponible en: http://www.dzg.org.br/ago01/Art_02.htm

Watson, J., & Crick, F. (1953). "Molecular structure of nucleic acids: a structure of deoxyribonucleic acid". *Nature*.171: 737-738.

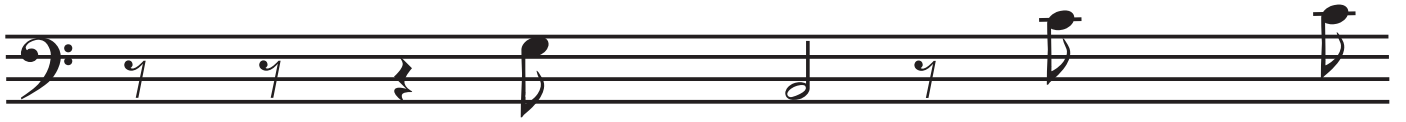
Yusuf, D., Butland, S., Swanson, MI., Bolotin, E., Ticoll, A., Cheung, WA., Zhang, XY., Dickman, CT., Fulton, DL., Lim, JS., et al. (2012). The transcription factor encyclopedia. *Genome Biol.*; 13:R24.

Anexo 1

PROTEÍNA AG



T A Y Q S E L G G D



S S P L R K S G R G



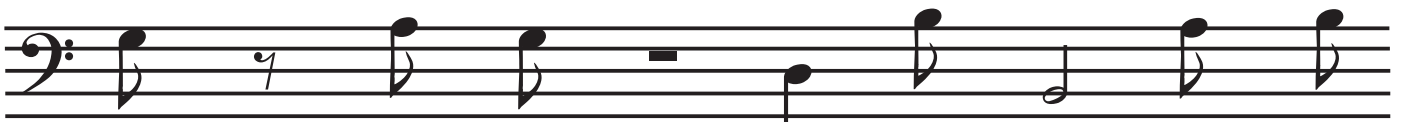
K I E I K R I E N T



T N R Q V T F C K R



R N G L L K K A Y E



L S V L C D A E V A



I V F S S R G R L Y



E Y S N N S V K G T



I E R Y K K A I S D



N S N T G S V A E I



N A Q Y Y Q Q E S A



K L R Q Q I I S I Q

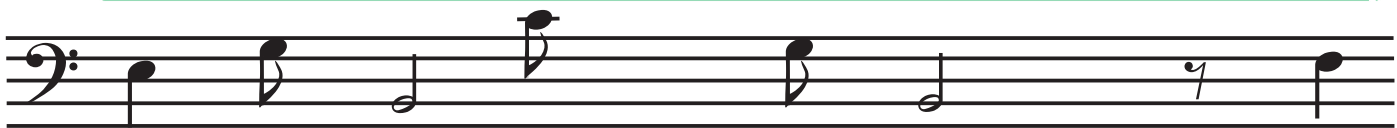




N S N R Q L M G E T



I G S M S P K E L R



N L E G R L E R S I



T R I R S K K N E L



L F S E I D Y M Q K



R E V D L H N D N Q

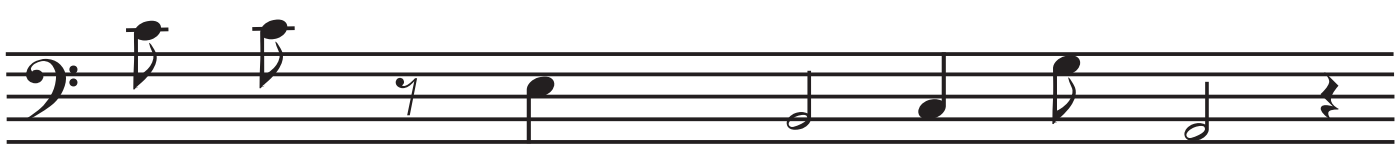




I L R A K I A E N E



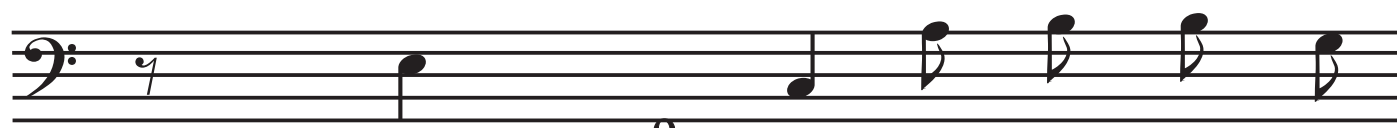
R N N P S I S L M P



G G S N Y E Q L M P



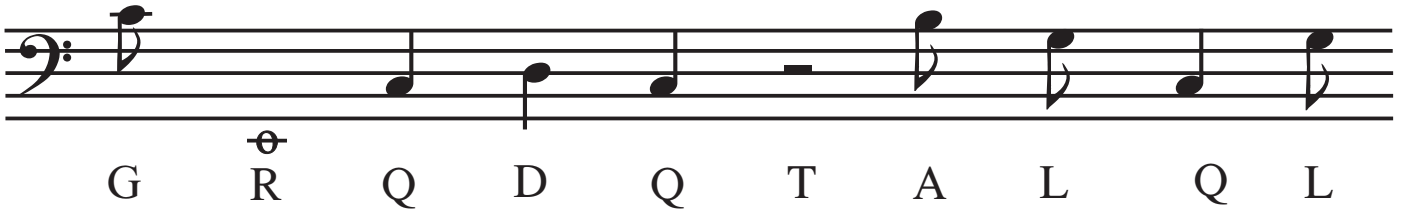
P P Q T Q S Q P F D



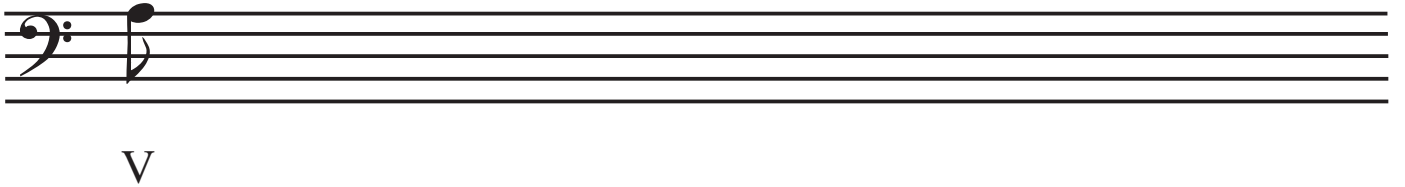
S R N Y F Q V A A L



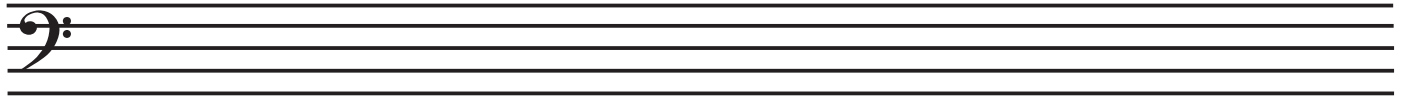
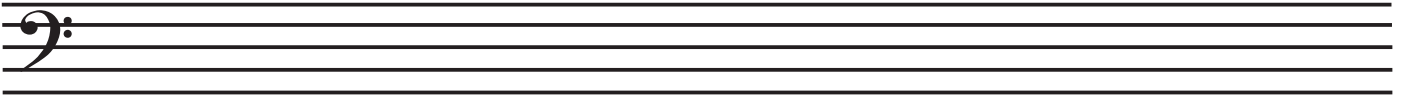

Q P N N H H Y S S A



G R Q D Q T A L Q L



V



SECUENCIA GENÉTICA AG

ACG GCG UAC CAA UCG GAG CUA GGA GGA GAU

UCC UCU CCC UUG AGG AAA UCU GGG AGA GGA

AAG AUC GAA AUC AAA CGG AUC GAG AAC ACA

ACG AAU CGU CAA GUC ACU UUU UGC AAA CGU

AGA AAU GGU UUG CUC AAG AAA GCU UAC GAG

CUC UCU GUU CUU UGU GAU GCU GAA GUC GCA

CUC AUC GUC UUC UCU AGC CGU GGU CGU CUC

UAU GAG UAC UCU AAC AAC AGU GUA AAA GGG

ACU AUU GAG AGG UAC AAG AAG GCA AUA UCG

GAC AAU UCU AAC ACC GGA UCG GUG GCA GAA

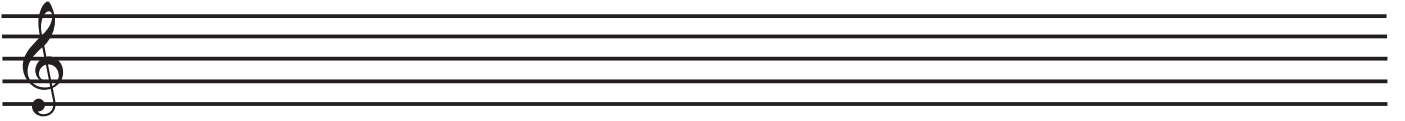
A musical score consisting of ten staves. Each staff contains a sequence of notes (quarter, eighth, and half notes) with a treble clef and a key signature of one sharp (F#). Below each note is a three-letter amino acid code. The codes are: AUU, AAU, GCA, CAG, UAU, UAU, CAA, CAA, #GAA, UCA; GCC, AAA, UUG, CGU, CAA, CAA, AUA, AUC, AGC, AUA; CAA, AAC, UCC, AAC, AGG, CAA, UUG, AUG, #GGU, GAG; ACG, AUA, GGG, UCA, AUG, UCU, CCC, AAA, GAG, CUC; AGG, AAC, UUG, #GAA, GGC, AGA, UUA, GAG, AGA, AGU; AUU, ACC, #CGA, AUC, #CGA, UCC, #AAG, #AAG, AAU, GAG; CUC, UUA, UUU, UCU, #GAA, AUC, #GAC, UAC, AUG, CAG; AAA, AGA, #GAA, GUU, GAU, UUG, CAU, AAC, #GAU, AAC; CAG, AUU, CUU, CGU, GCA, #AAG, AUA, GCU, #GAA, AAU; GAG, AGG, AAC, AAU, CCG, AGU, AUA, AGU, CUA, AUG.

AUU AAU GCA CAG UAU UAU CAA CAA #GAA UCA
GCC AAA UUG CGU CAA CAA AUA AUC AGC AUA
CAA AAC UCC AAC AGG CAA UUG AUG #GGU GAG
ACG AUA GGG UCA AUG UCU CCC AAA GAG CUC
AGG AAC UUG #GAA GGC AGA UUA GAG AGA AGU
AUU ACC #CGA AUC #CGA UCC #AAG #AAG AAU GAG
CUC UUA UUU UCU #GAA AUC #GAC UAC AUG CAG
AAA AGA #GAA GUU GAU UUG CAU AAC #GAU AAC
CAG AUU CUU CGU GCA #AAG AUA GCU #GAA AAU
GAG AGG AAC AAU CCG AGU AUA AGU CUA AUG

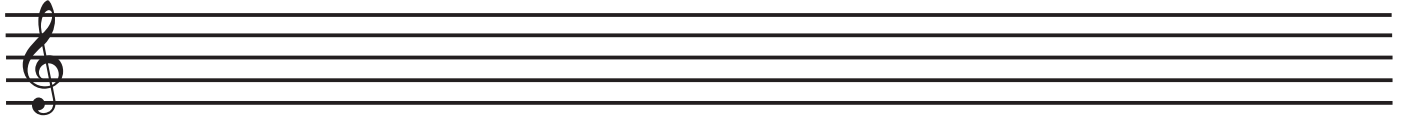


A musical staff in treble clef containing three notes: a quarter note with a sharp sign (F#), a quarter note with a sharp sign (C#), and a quarter note with a sharp sign (G#).

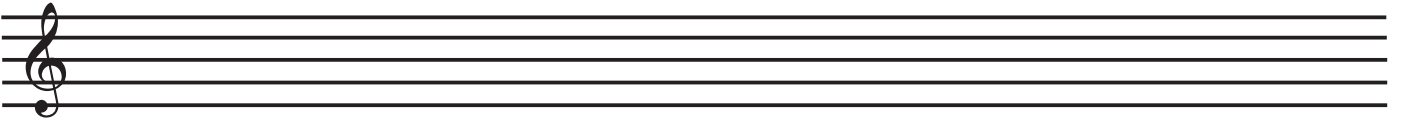
CCA GGA UCU



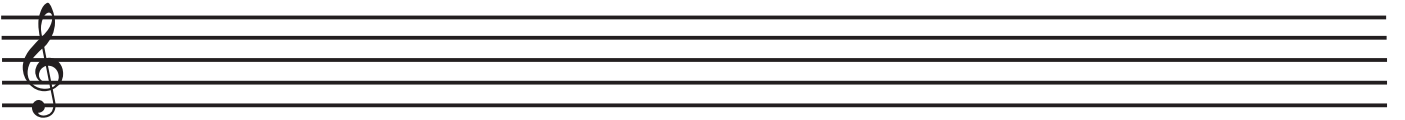
An empty musical staff in treble clef.



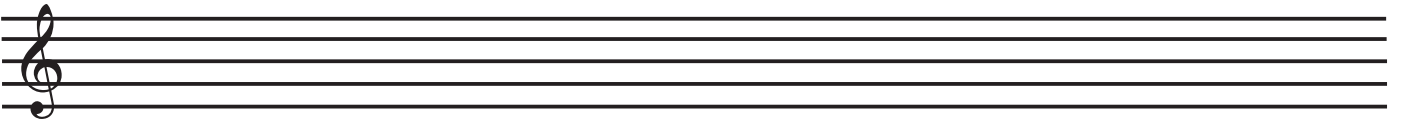
An empty musical staff in treble clef.



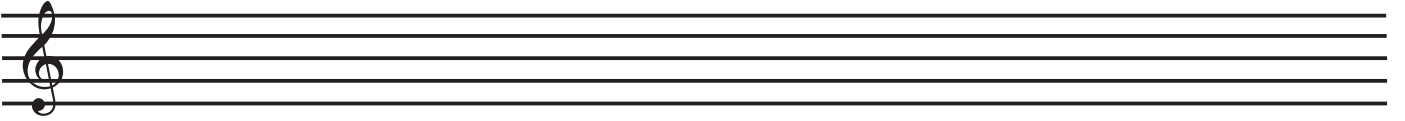
An empty musical staff in treble clef.



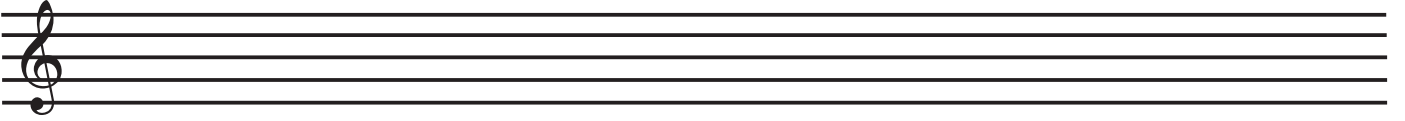
An empty musical staff in treble clef.



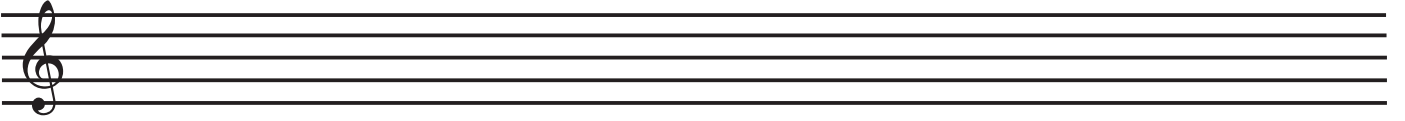
An empty musical staff in treble clef.



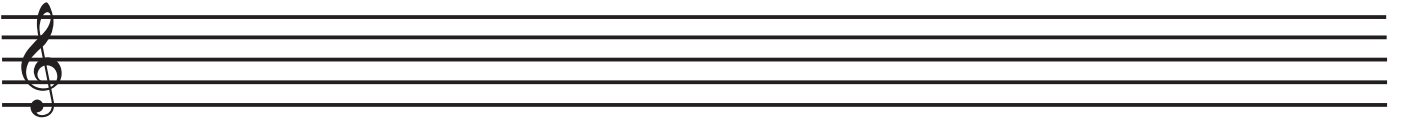
An empty musical staff in treble clef.



An empty musical staff in treble clef.

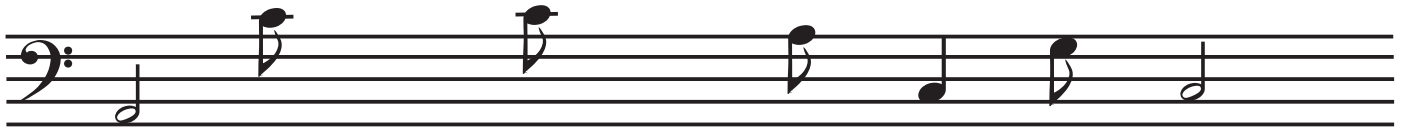


An empty musical staff in treble clef.



An empty musical staff in treble clef.

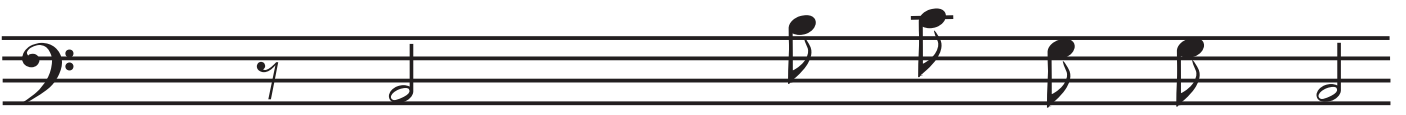
PROTEÍNA AP 1



M G R G R V Q L K R



I E N K I N R Q V T



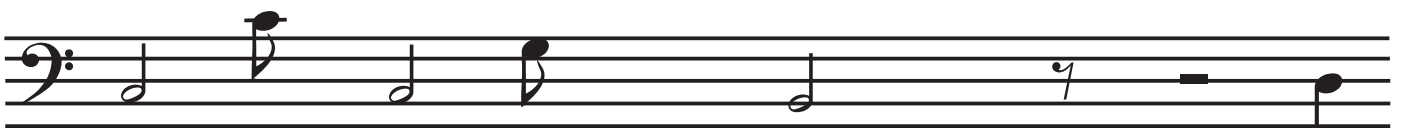
F S K R R A G L L K



K A H E I S V L C D



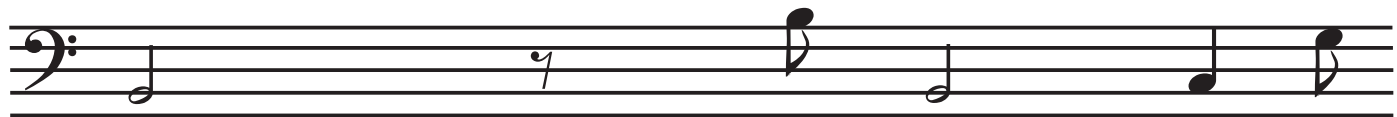
A E V A L V V F S H



K G K L F E Y S T D



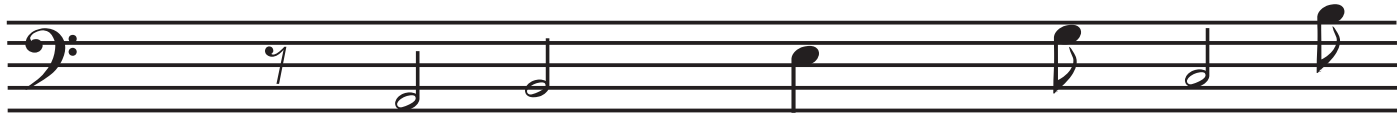
S C M E K I L E R Y



E R Y S Y A E R Q L



I A P E S D V N T N



W S M E Y N R L K A



K I E L L E R N Q R



H Y L G E D L Q A M





S P K E L Q N L E Q



Q L D T A L K H I R



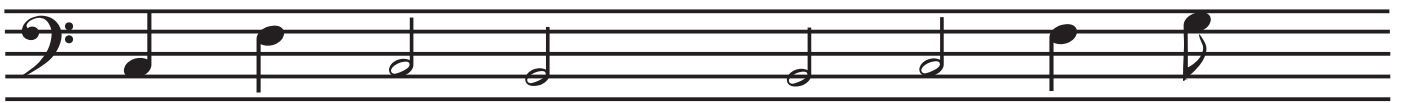
T R K N Q L M Y E S



I N E L Q K K E K A



I Q E Q N S M L S K



Q I K E R E K I L R



A Q Q E Q ^oW D Q Q N



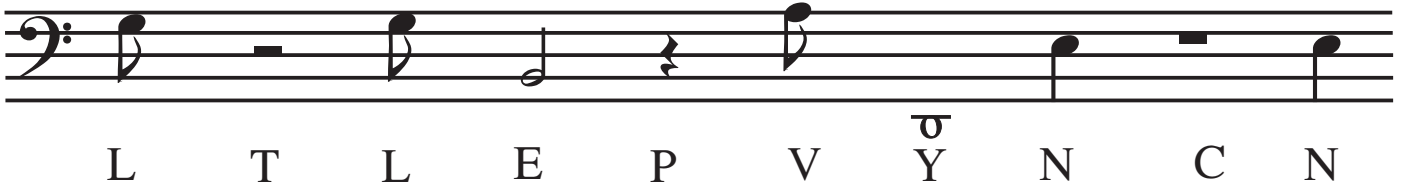
Q G H N M P P P L P

P Q Q H Q I Q H P ^oY

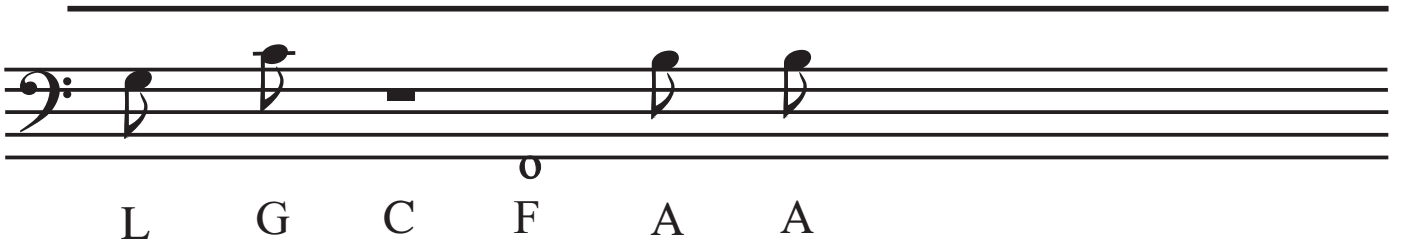
M L S H Q P S P F L

N M G G L ^oY Q E D D

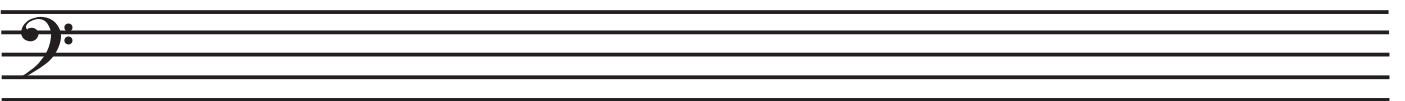
P M A M ^oR ^oR N D L E



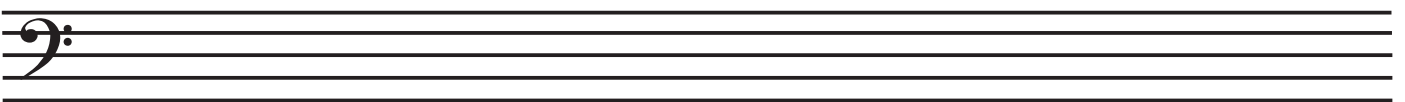
Musical staff with a bass clef. The notes are: quarter note G2, quarter rest, quarter note G2, quarter note E2, quarter rest, quarter note G2, quarter note D2, quarter rest, quarter note G2. The lyrics below are: L T L E P V Y N C N. The letter 'Y' has a small 'o' above it.



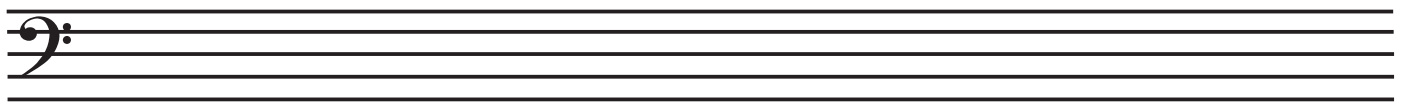
Musical staff with a bass clef. The notes are: quarter note G2, quarter note G2, quarter rest, quarter note G2, quarter note G2. The lyrics below are: L G C F A A. The letter 'F' has a small 'o' above it.



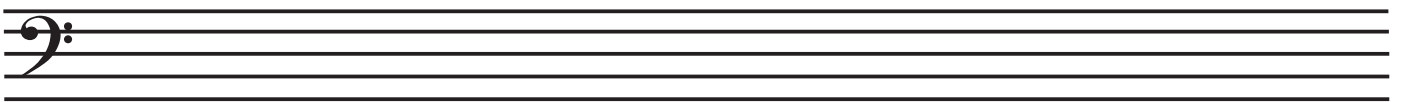
Empty musical staff with a bass clef.



Empty musical staff with a bass clef.



Empty musical staff with a bass clef.



Empty musical staff with a bass clef.

SECUENCIA GENÉTICA AP 1

AUG GGA AGG #GGU AGG GUU CAA UUG #AAG AGG
AUA GAG AAC #AAG AUC AAU AGA CAA #GUG ACA
UUC UCG AAA AGA AGA GCU #GGU CUU UUG #AAG
AAA GCU CAU GAG AUC UCU GUU CUC UGU #GAU
GCU #GAA GUU GCU CUU GUU GUC UUC UCC CAU
#AAG GGA AAA CUC UUC #GAA UAC UCC ACU #GAU
UCU UGU AUG GAG #AAG AUA CUU #GAA CGC UAU
GAG AGG UAC UCU UAC GCC #GAA AGA CAG CUU
AUU #GAC CCU GAG UCC #GAC GUC AAU ACA AAC
#UGG UCG AUG GAG UAU AAC AGG CUU #AAG GCU

A musical score consisting of 10 staves of music. Each staff contains a sequence of notes, and below each note is a three-letter codon. The notes are primarily quarter notes, with some half notes and rests. The key signature has one sharp (F#). The codons are arranged in a 10x10 grid.

AAG	AUU	GAG	CUU	UUG	GAG	AGA	AAC	CAG	AGG
CAU	UAU	CUU	GGG	GAA	GAC	UUG	CAA	GCA	AUG
AGC	CCU	AAA	GAG	CUU	CAG	AAU	CUG	GAG	CAG
CAG	CUU	GAC	CAU	GCU	CUU	AAG	CAC	AUC	CGC
ACU	AGA	AAA	AAC	CAA	CUU	AUG	UAC	GAG	UCC
AUC	AAU	GAG	CUC	CAA	AAA	AAG	GAG	AAG	GCC
AUA	CAG	GAG	CAA	AAC	AGC	AUG	CUU	UCU	AAA
CAG	AUC	AAG	GAG	AGG	GAA	AAA	AUU	CUU	AGG
GCU	CAA	CAG	GAG	CAG	UGG	GAU	CAG	CAG	AAC
CAA	GGC	CAC	AAU	AUG	CCU	CCC	CCU	CUG	CCA

CCG CAG CAG CAC CAA AUC CAG CAU CCU UAC

AUG CUC UCU CAU CAG CCA UCU CCU UUU CUC

AAC AUG #GGU #GGU CUG UAU CAA #GAA #GAU #GAU

CCU AUG GCA AUG AGG AGG AAU #GAU CUC #GAA

CUG ACU CUU #GAA CCC GUU UAC AAC UGC AAC

CUU GGC UGC UUC GCC GCA UGA

PROTEÍNA AP 2

M $\bar{\text{W}}$ D L N D A P H Q

T Q $\bar{\text{R}}$ E E E S E E F

C $\bar{\text{Y}}$ S S P S K $\bar{\text{R}}$ V G

S $\bar{\text{F}}$ S N S S S S A V

V I E D G S D D D E

L N $\bar{\text{R}}$ V $\bar{\text{R}}$ P N N P L

V T H Q F F P E M D

S N G G G V A S G F


P R A H W F G V K F


C Q S D L A T G S S


A G K A T N V A A A


V V E P A Q P L K K


APETALA²



S R R G P R S R S S


Q Y R G V T F Y R R



T G R W E S H I W D


C G K Q V Y L G G F



D T A H A A A R A Y


D R A A I K F R G V

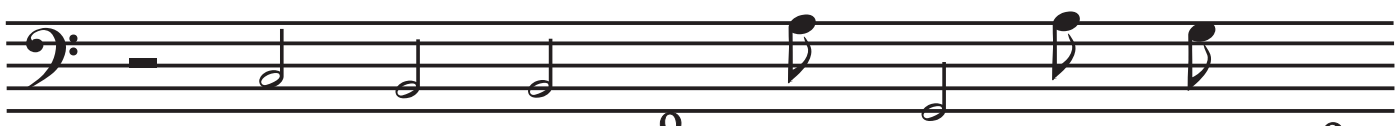
APETALA²




E A D I N F N I D D




Y D D D L K Q M T N



T K E E F V H V L R



R Q S T G F P R G S

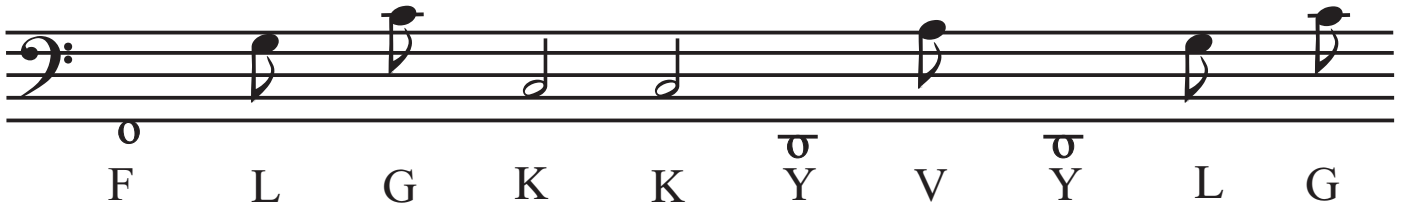


S K Y R G V T L H K

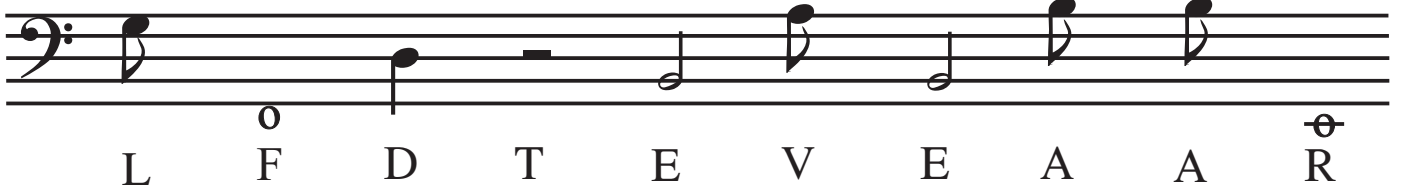


C G R W E A R M G Q

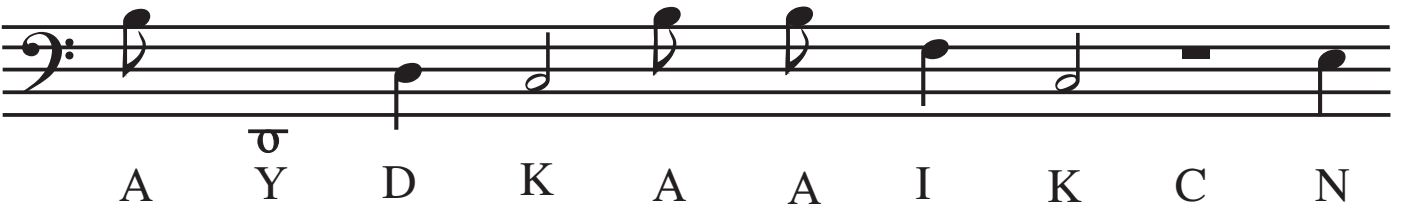
APETALA²



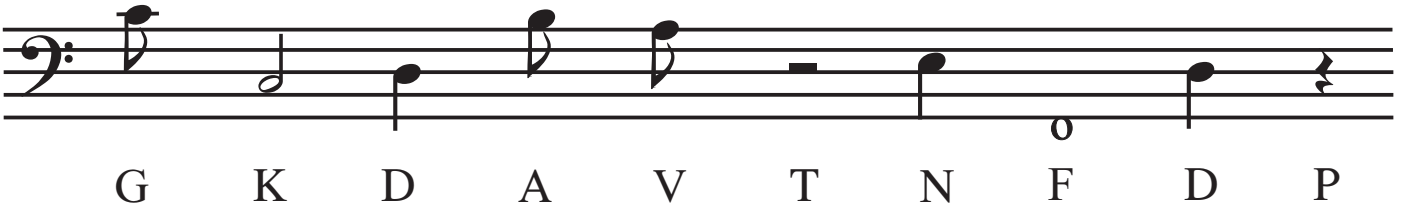
F L G K K Y V Y L G



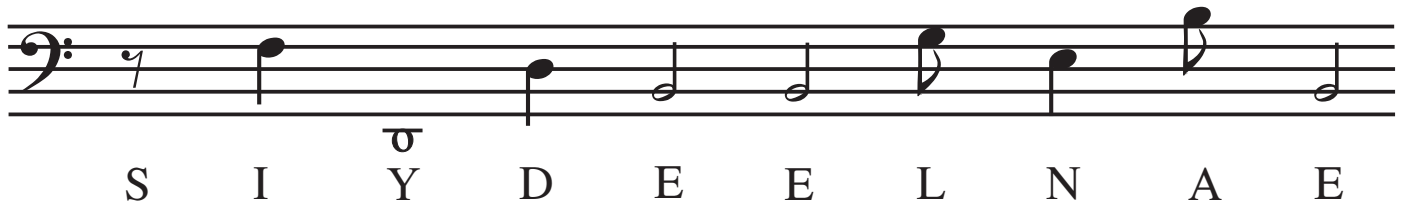
L F D T E V E A A R



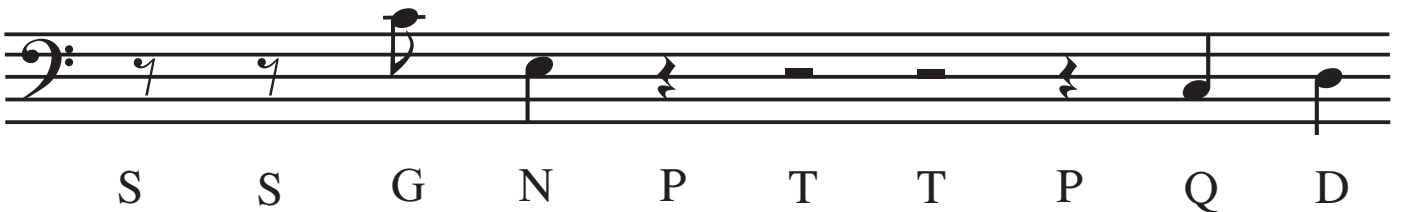
A Y D K A A I K C N



G K D A V T N F D P



S I Y D E E L N A E



S S G N P T T P Q D



APETALA²



H N L D L S L G N S



A N S K H K S Q D M



R L R M N Q Q Q Q D



S L H S N E V L G L



G Q T G M L N H T P



N S N H Q F P G S S

APETALA²



N I G S G G G



F P A A E N H R F D



G R A S T N Q V L T



N A A A S S G F S P

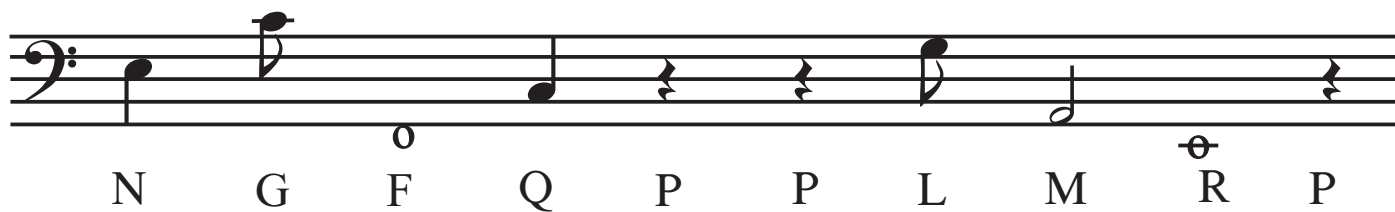


H H H N Q I F N S T

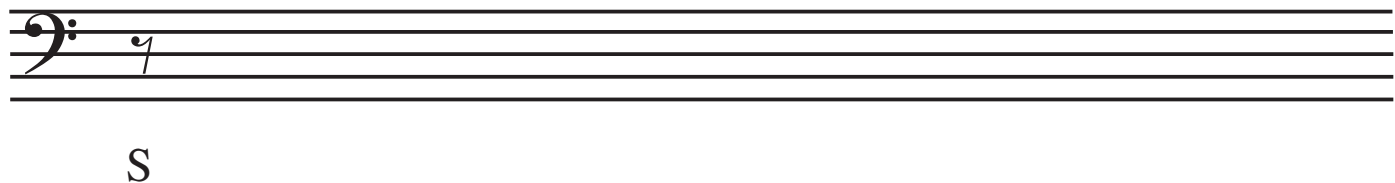


S T P H Q N W L Q T

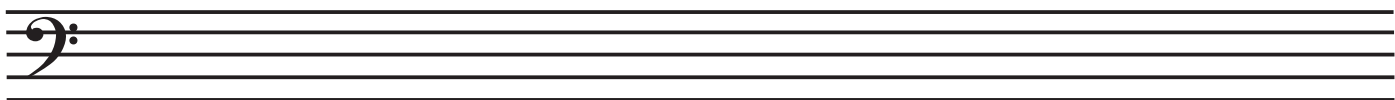
APETALA²



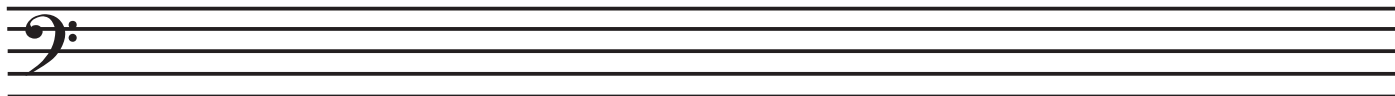
Musical staff with notes and lyrics: N G F Q P P L M R P



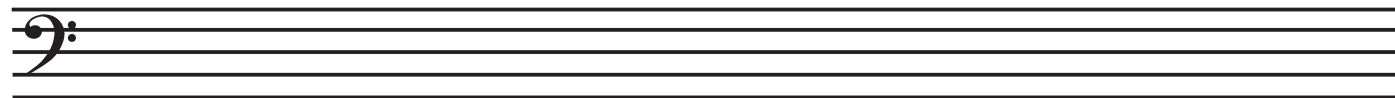
Musical staff with a fermata and the letter S



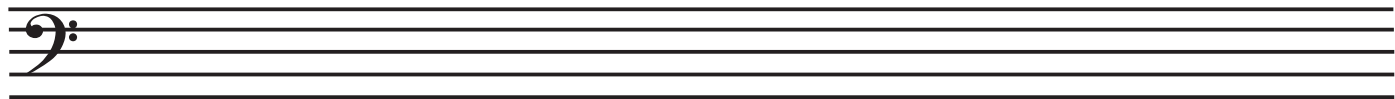
Empty musical staff



Empty musical staff



Empty musical staff



Empty musical staff

SECUENCIA PROTEÍCA AP 2

AUG UGG GAU CUA AAC GAC GCA CCA CAC CAA
ACA CAA AGA GAA GAA GAA UCU GAA GAG UUU
UGU UAU UCU UCA CCA AGU AAA CGG GUU GGA
UCU UUC UCU AAU UCA AGC UCU UCA GCU GUU
GUU AUC GAA GAU GGA UCC GAU GAC GAU GAA
CUU AAC CGG GUC AGA CCC AAU AAC CCA CUU
GUC ACC CAU CAG UUC UUC CCU GAG AUG GAU
UCU AAC GGC GGU GGU GUU GCU UCU GGC UUU
CCU CGG GCU CAC UGG UUU GGU GUU AAG UUU
UGU CAG UCG GAU CUA GCC ACC GGA UCG UCC

GCG GGU AAA GCU ACC AAC GUU GCC GCU GCC
GUA GUG GAG CCG GCA CAG CCG UUG AAA AAG
AGU CGG CGU GGA CCA AGA UCA AGA AGU UCU
CAG UAU AGA GGU GUU ACG UUU UAC CGG CGU
ACC GGA AGA UGG GAA UCU CAU AUU UGG GAC
UGU GGG AAA CAA GUU UAC UUA GGU GGA UUU
GAC ACU GCU CAU GCA GCA GCU CGA GCA UAU
GAU AGA GCU GCU AUU AAA UUC CGU GGA GUA
GAA GCG GAU AUC AAU UUC AAC AUC GAC GAU
UAU GAU GAU GAC UUG AAA CAG AUG ACU AAU

UUA ACC #AAG #GAA GAG UUC #GUA CAC #GUA CUU
CGC #CGA CAA #AGC ACA GGC UUC CCU #CGA GGA
AGU UCG #AAG UAU AGA #GGU GUC ACU UUG CAU
#AAG UGU #GGU CGU UGG #GAA GCU #CGA AUG #GGU
CAA UUC UUA GGC AAA #AAG UAU GUU UAU UUG
#GGU UUG UUC #GAC ACC GAG GUC #GAA GCU GCU
AGA GCU UAC #GAU AAA GCU GCA AUC AAA UGU
AAC GGC AAA #GAC GCC #GUG ACC AAC UUU #GAU
CCG AGU AUU UAC #GAU GAG #GAA CUC AAU GCC
GAG UCA UCA GGG AAU CCU ACU ACU CCA CAA

GAU CAC AAC CUC GAU UUG AGC UUG GGA AAU
UCG GCU AAU UCG AAG CAU AAA AGU CAA GAU
AUG CGG CUC AGG AUG AAC CAA CAA CAA CAA
GAU UCU CUC CAC UCU AAU GAA GUU CUU GGA
UUA GGU CAA ACC GGA AUG CUU AAC CAU ACU
CCC AAU UCA AAC CAC CAA UUU CCG GGC AGC
AGC AAC AUU GGU AGC GGA GGC GGA UUC UCA
CUG UUU CCG CGC GCU GAG AAC CAC CGG UUU
GAU GGU CGG GCC UCG ACG AAC CAA GUG UUG
ACA AAU GCU GCA GCA UCA UCA GGA UUC UCU

CCU CAU CAU CAC AAU CAG AUU UUU AAU UCU

ACU UCU ACU CCU CAU CAA AAU UGG CUG CAG

ACA AAU GGC UUC CAA CCU CCU CUC AUG AGA

CCU UCU UGA

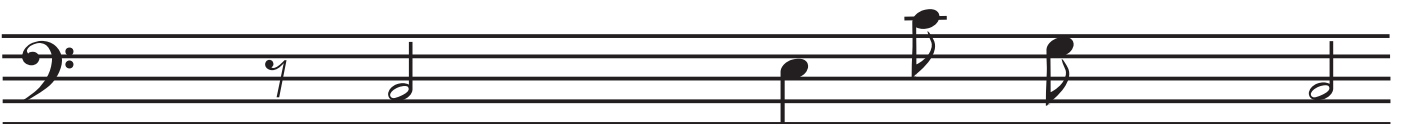
PROTEÍNA AP 3



M A R G K I Q I K R



I E N Q T N R Q V T



Y S K R R N G L F K



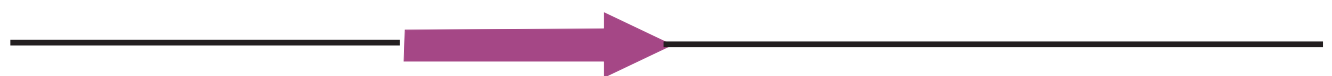
K A H E L T V L C D



A R V S I I M F S S



S N K L H E Y I S P





N T T T K E I V D L



Y Q T I S D V D V W



A T Q Y E R M Q E T



K R K L L E T N R N




L R T Q I K Q R L G




E C L D E L D I Q E






L R R L E D E M E N




T F K L V R E R K F




K S L G N Q I E T T



K K K N K S Q Q D I



Q K N L I H E L E L



R A E D P H Y G L V



D N G G D ^σY D S V L

G ^σY Q I E G S ^ϕR A ^σY

A L ^ϕR F H Q N H H H

^σY ^σY P N H G L H A P

S A S D I I T F H L

L E

SECUENCIA GENÉTICA AP 3

AUG GCG AGA GGG AAG AUC CAG AUC AAG AGG

AUA GAG AAC CAG ACA AAC AGA CAA GUG ACG

UAU UCA AAG AGA AGA AAU GGU UUA UUC AAG

AAA GCA CAU GAG CUC ACG GUU UUG UGU GAU

GCU AGG GUU UGC AUU AUC AUG UUC UCU AGC

UCC AAC AAG CUU CAU GAG UAU AUC AGC CCU

AAC ACC ACA ACG AAG GAG AUC GUA GAU CUG

UAC CAA ACU AUU UCU GAU GUC GAU GUU UGG

GCC ACU CAA UAU GAG CGA AUG CAA GAA ACC

AAG AGG AAA CUG UUG GAG ACA AAU AGA AAU

CUC CGG ACU CAG AUC #AAG CAG AGG CUA #GGU
GAG UGU UUG #GAC GAG CUU #GAC AUU CAG GAG
CUG CGU CGU CUU GAG #GAU #GAA AUG #GAA AAC
ACU UUC AAA CUC GUU CGC GAG CGC #AAG UUC
AAA UCU CUU GGG AAU CAG AUC GAG ACC ACC
#AAG AAA #AAG AAC AAA AGU CAA CAA #GAC AUA
CAA #AAG AAU CUC AUA CAU GAG CUG #GAA CUA
AGA GCU #GAA #GAU CCU CAC UAU GGA CUA #GUA
#GAC AAU GGA GGA #GAU UAC #GAC UCA GUU CUU
GGA UAC CAA AUC #GAA GGG UCA CGU GCU UAC

GCU CUU CGU UUC CAC CAG AAC CAU CAC CAC

UAU UAC CCC AAC CAU GGC CUU CAU GCA CCC

UCU GCC UCU GAC AUC AUU ACC UUC CAU CUU

CUU GAA UAA

PROTEÍNA CONSTANS



M L K Q E S N D I G



S G E N N R A R P C



D T C R S N A C T V



Y C H A D S A Y L C



M S C D A Q V H S A



N R V A S R H K R R

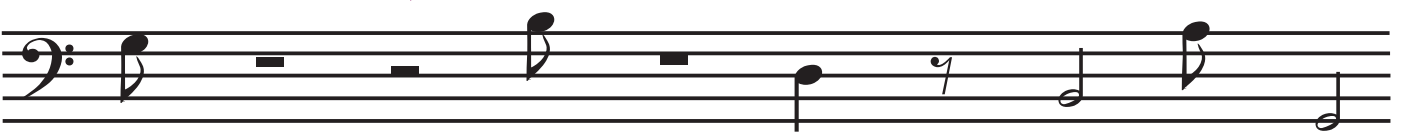
CONSTANS



V C E S C E R A P A



A F L C E A D D A S



L C T A C D S E V H



S A N P L A R R H Q



R V P I L P I S G N



S F S S M T T T H H

CONSTANS



Q S E K T M T D P E



K R L V V D Q E E G



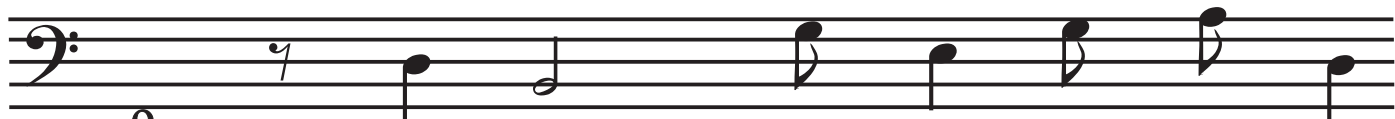
E E G D K D A K E V



A S W L F P N S D K




N N N N Q N N G L L




F S D E Y L N L V D


CONSTANS




Y N S S M D Y K F T




G E Y S Q H Q Q N C




S V P Q T S Y G G D



R V V P L K L E E S



R G H Q C H N Q Q N



F Q F N I K Y G S S

CONSTANS

G T H ^oY N D N G S I

N H N V ^oR L L ^oY I C

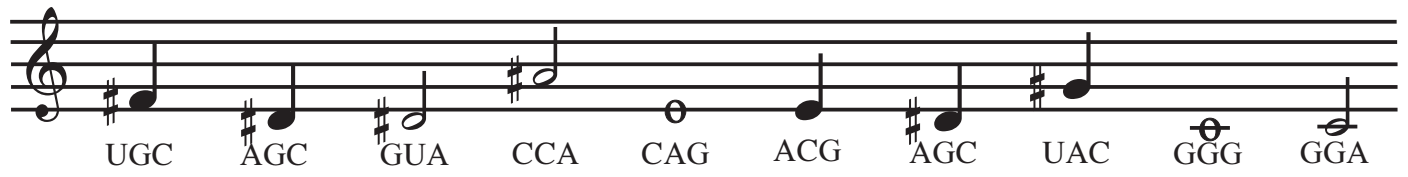
^oY P F N L A S S H N

A A G

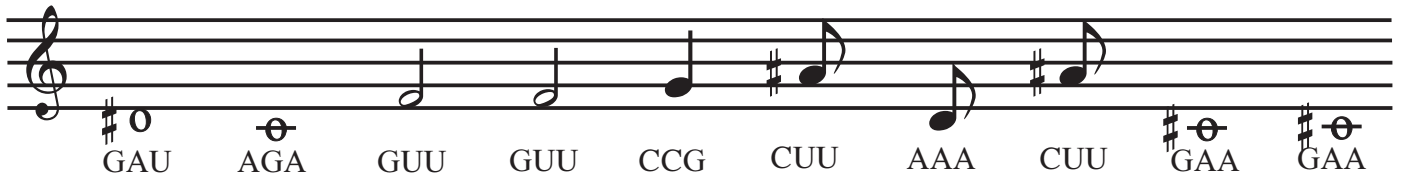
SECUENCIA GENÉTICA CONSTANS

AUG UUG AAA CAA GAG AGU AAC GAC AUA GGU
AGU GGA GAG AAC AAC AGG GCA CGA CCC UGU
GAC ACA UGC CGG UCA AAC GCC UGC ACC GUG
UAU UGC CAU GCA GAU UCU GCC UAC UUG UGC
AUG AGC UGU GAU GCU CAA GUU CAC UCU GCC
AAU CGC GUU GCU UCC CGC CAU AAA CGU GUC
CGG GUC UGC GAG UCA UGU GAG CGU GCU CCG
GCU GCU UUU UUG UGU GAG GCA GAU GAU GCC
UCU CUA UGC ACA GCC UGU GAU UCA GAG GUU
CAU UCU GCA AAC CCA CUU GCU AGA CGC CAU

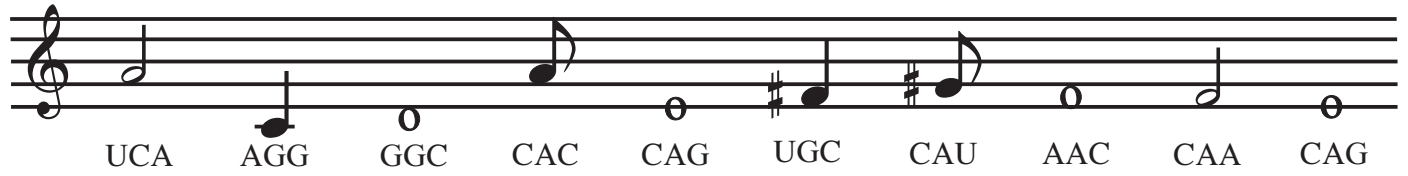
CAG CGA GUU CCA AUU CUA CCA AUU UCU GGA
AAC UCU UUC AGC UCC AUG ACC ACU ACU CAC
CAC CAA AGC GAG AAA ACA AUG ACC GAU CCA
GAG AAG AGA CUG GUG GUG GAU CAA GAG GAA
GGU GAA GAA GGU GAU AAG GAU GCC AAG GAG
GUU GCU UCG UGG CUG UUC CCU AAU UCA GAC
AAA AAU AAC AAU AAC CAA AAC AAU GGG UUA
UUG UUU AGU GAU GAG UAU CUA AAC CUU GUG
GAU UAC AAC UCG AGU AUG GAC UAC AAA UUC
ACA GGU GAA UAC AGU CAA CAC CAA CAA AAC



UGC AGC GUA CCA CAG ACG AGC UAC GGG GGA



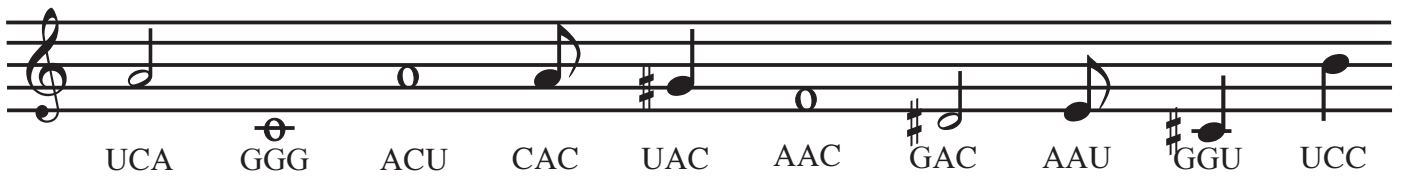
GAU AGA GUU GUU CCG CUU AAA CUU GAA GAA



UCA AGG GGC CAC CAG UGC CAU AAC CAA CAG



AAU UUU CAG UUC AAU AUC AAA UAU GGC UCC



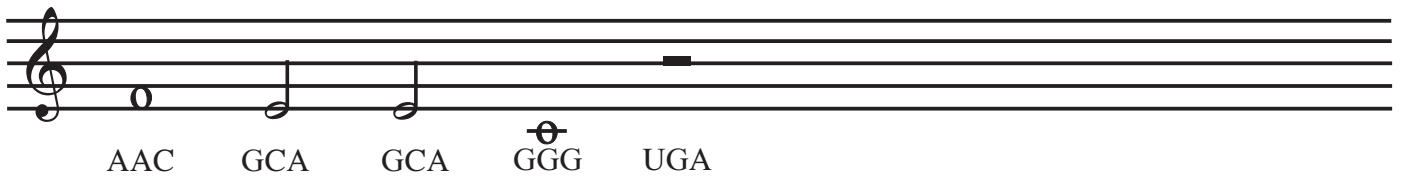
UCA GGG ACU CAC UAC AAC GAC AAU GGU UCC



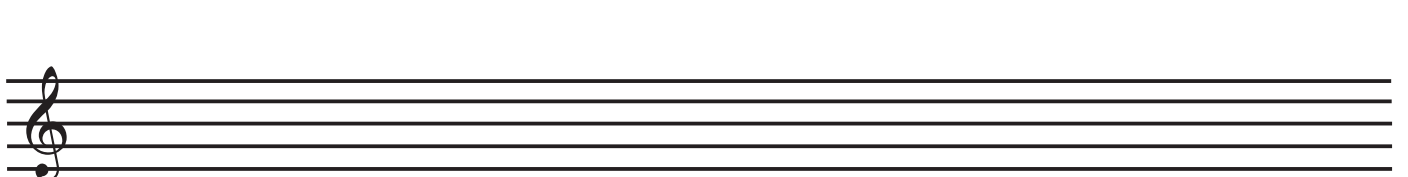
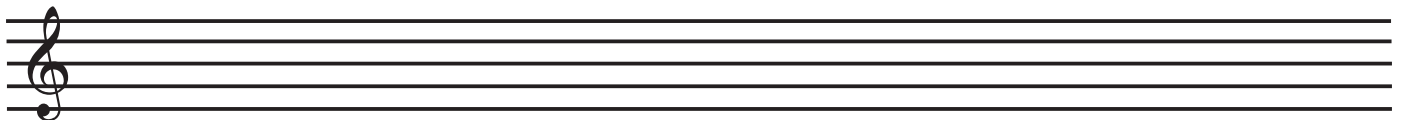
AUU AAC CAU AAC GUA AGG CUU UUG UAU AUU



UGU UAC CCC UUC AAU UUA GCA UCU UCC CAU



AAC GCA GCA GGG UGA



PROTEÍNA FT

M S I N I R D P L I

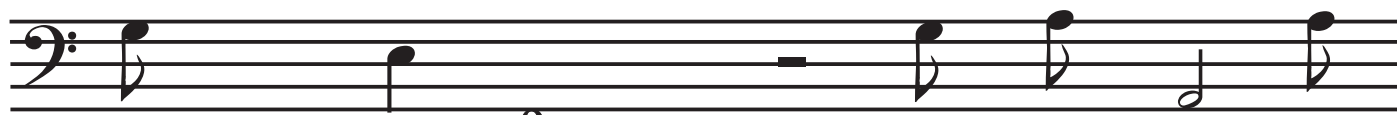
V S R V V G D V L D

P F N R S I T L K V


T Y G Q R E V T N G

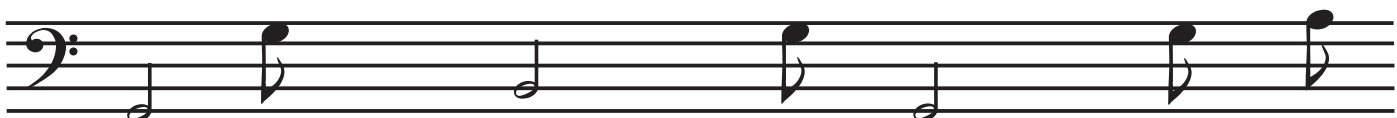
L D L R P S Q V Q N

K P R V E I G G E D



L R N F Y T L V M V





D P D V P S P S N P


H L R E Y L H W L V





T D I P A T T G T T



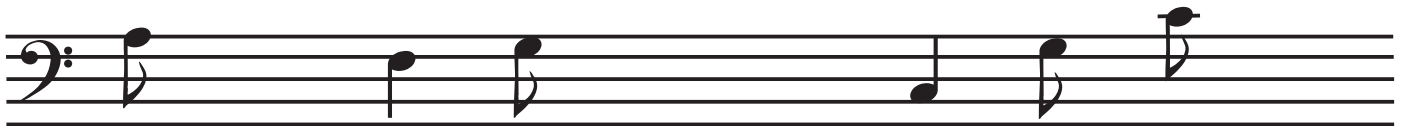

F G N E I V C Y E N




P S P T A G I H R V



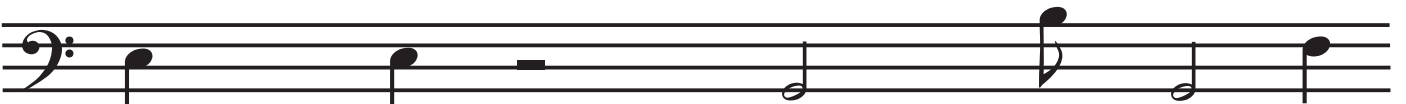
FT



V O F I L F R Q L G R



Q T V Y A P G W R Q



N F N T R E F A E I



Y N L G L P V A A V



F Y N C Q R E S G C



G G R R L



SECUENCIA GENÉTICA FT

AUG UCU AUA AAU AUA AGA CAG CCU CUU AUA
GUA AGC AGA GUU GUU GGA GAC GUU CUU GAU
CCG UUU AAU AGA UCA AUC ACU CUA AAG GUU
ACU UAU GGC CAA AGA GAG GUG ACU AAU GGC
UUG GAU CUA AGG CCU UCU CAG GUU CAA AAC
AAG CCA AGA GUU GAG AUU GGU GGA GAA GAC
CUC AGG AAC UUC UAU ACU UUG GUU AUG GUG
GAU CCA GAU GUU CCA AGU CCU AGC AAC CCU
CAC CUC CGA GAA UAU CUC CAU UGG UUG GUG
ACU GAU AUC CCU GCU ACA ACU GGA ACA ACC

UUU GGC AAU GAG AUU #GUG UGU UAC #GAA AAU

CCA AGU CCC ACU GCA GGA AUU CAU CGU GUC

#GUG UUU AUA UUG UUU #CGA CAG CUU GGC AGG

CAA ACA #GUG UAU GCA CCA GGG #UGG CGC CAG

AAC UUC AAC ACU CGC GAG UUU GCU GAG AUC

UAC AAU CUC GGC CUU CCC #GUG GCC GCA GUU

UUC UAC AAU UGU CAG AGG GAG AGU GGC UGC

GGA GGA AGA AGA CUU UAG

PROTEÍNA LFY

R R H L L L S A A G

D S G T H H A L D A

L S Q E D D W T G L

S E E P V Q Q Q D Q

T D A A G N N G G G

G S G Y W D A G Q G





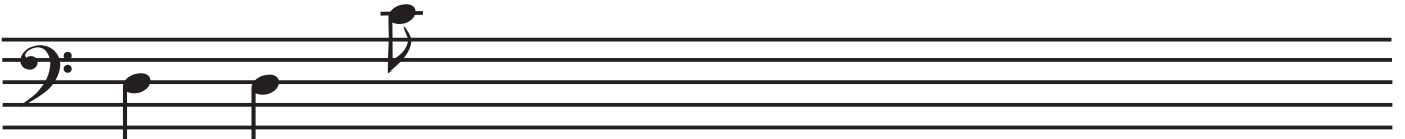
K M K K Q Q Q Q R R



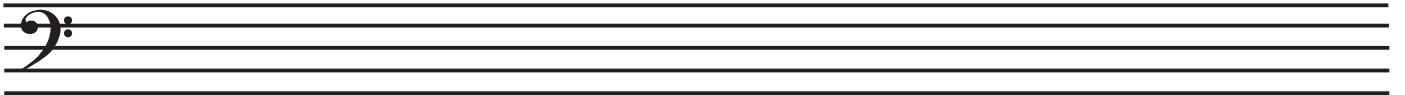
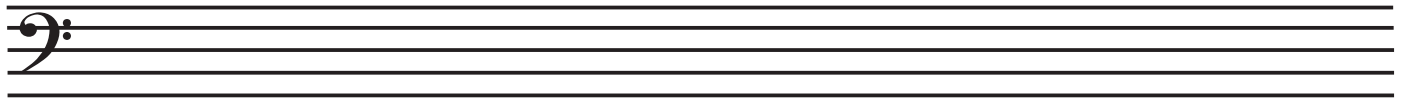
R K K P M L T S V E



T D E D V N E G E D



D D G



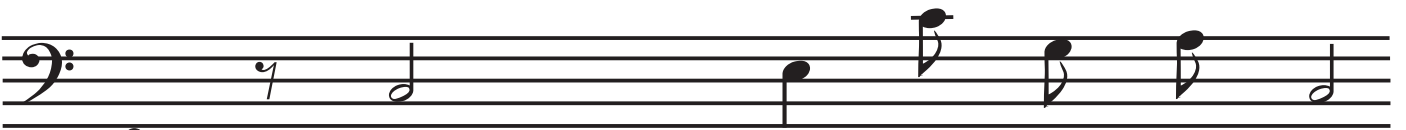
PROTEÍNA PI



M G R G K I E I K R



I E N A N N R V V T



F S K R R N G L V K



K A K E I T V L C D



A K V A L I I F A S



N G K M I D Y C C P



S M D L G A M L D Q



Y Q K L S G K K L W



D A K H E N L S N E



I D R I K K E N D S




L Q L E L R H L K G




E D I Q S L N L K N






L M A V E H A I E H




G L D K V R D H Q M




E I L I S K R R N E



K M M A E E Q R Q L



T F Q L Q Q Q E M A



I A S N A R G M M M



R D H D G Q F G Y R

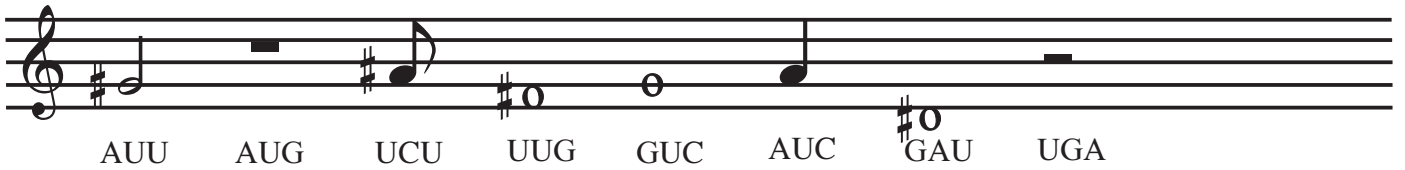
V Q P I Q P N L Q E

K I M S L V I D

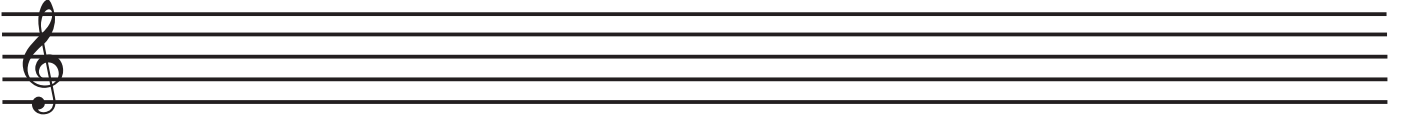
SECUENCIA GENÉTICA PI

AUG GGU AGA GGA AAG AUC GAG AUA AAG AGG
AUA GAG AAC GCA AAC AAC AGA GUG GUG ACG
UUC UCA AAG AGG AGG AAU GGA UUG GUG AAG
AAG GCU AAA GAG AUC ACA GUU CUU UGU GAU
GCA AAA GUU GCC AUA AUC UUU GCA AGU AAU
GGU AAG AUG AUU GAU UAC UGU UGU CCU UCC
AUG GAU CUU GGU GCU AUG UUG GAC CAA UAC
CAG AAG UUA UCU GGC AAG AAA CUA UGG GAU
GCU AAG CAU GAG AAC CUU AGC AAU GAG AUU
GAU AGG AUC AAG AAA GAG AAU GAU AGC UUA

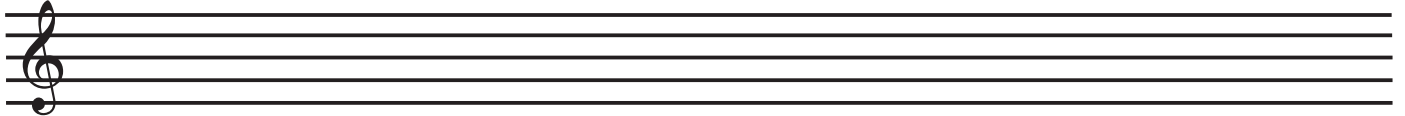
CAA CUG GAG CUC AGG CAU UUG #AAG GGA #GAA
GAU AUA CAG UCU CUC AAC UUG AAA AAU CUG
AUG GCU GUC GAG CAC GCC AUU #GAA CAU GGC
CUC #GAC AAA GUC #CGA #GAC CAC CAG AUG GAG
AUC CUU AUA UCA #AAG AGG AGA AAU GAG #AAG
AUG AUG GCG GAG GAG CAA CGG CAA CUC ACU
UUC CAG CUG CAA CAA CAG GAG AUG GCU AUA
GCA AGC AAC GCA AGA GGA AUG AUG AUG AGA
#GAU CAU #GAU GGG CAG UUU GGA UAU AGA #GUG
CAA CCG AUU CAG CCA AAU CUU CAG #GAA #AAG



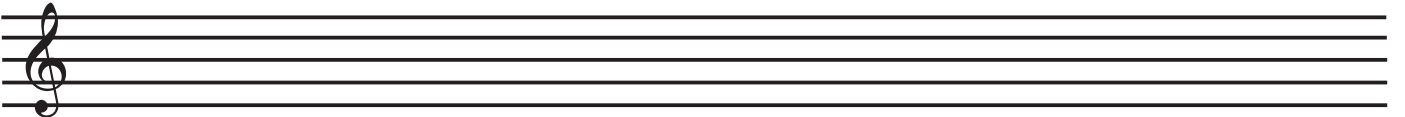
A musical staff in treble clef with a key signature of one sharp (F#). The notes are: F#4 (quarter), G4 (quarter), A4 (quarter), B4 (quarter), C5 (quarter), D5 (quarter), E5 (quarter), F#5 (quarter), G5 (quarter). Below the staff are the codons: AUU, AUG, UCU, UUG, GUC, AUC, GAU, UGA.



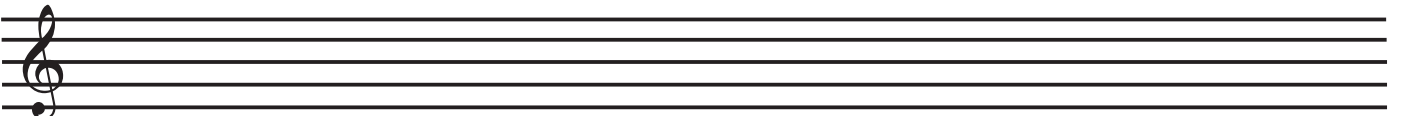
An empty musical staff in treble clef.



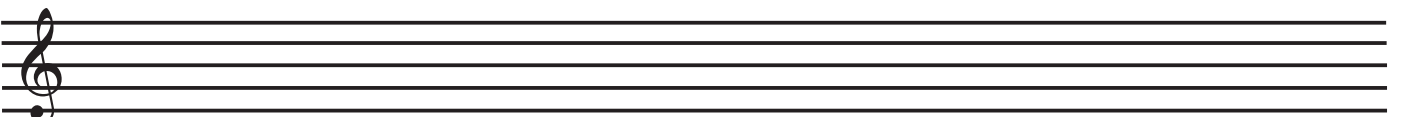
An empty musical staff in treble clef.



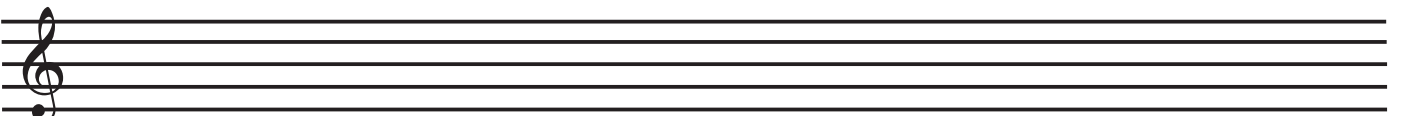
An empty musical staff in treble clef.



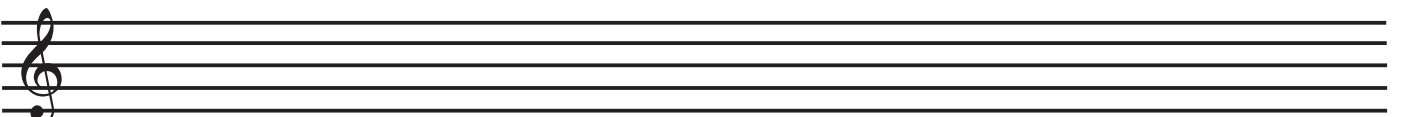
An empty musical staff in treble clef.



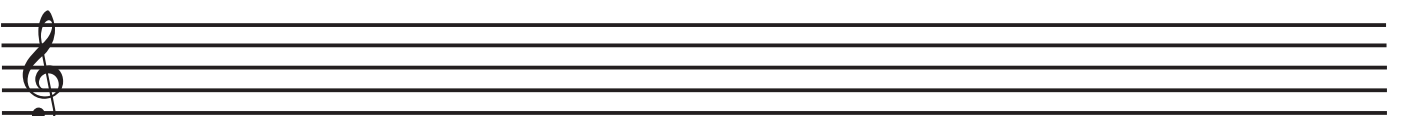
An empty musical staff in treble clef.



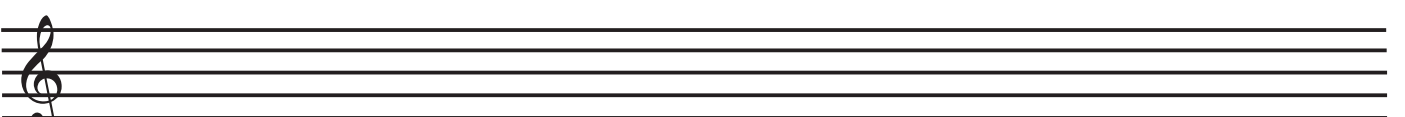
An empty musical staff in treble clef.



An empty musical staff in treble clef.



An empty musical staff in treble clef.

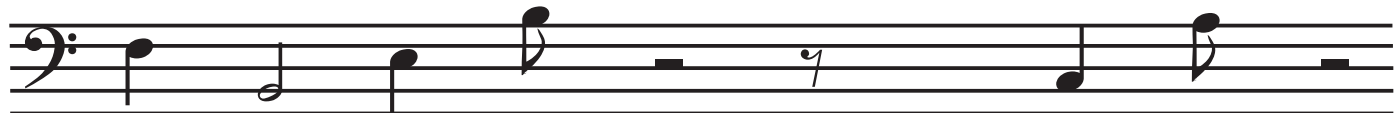


An empty musical staff in treble clef.

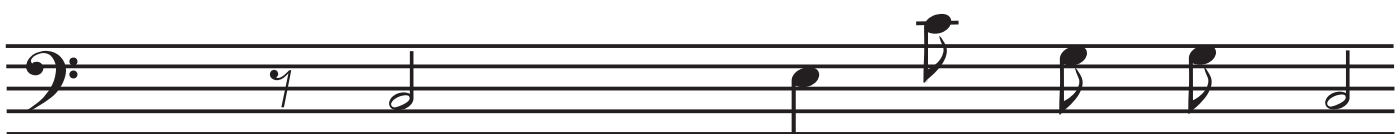
PROTEÍNA SOC1



M V R G K T Q M K R



I E N A T S R Q V T



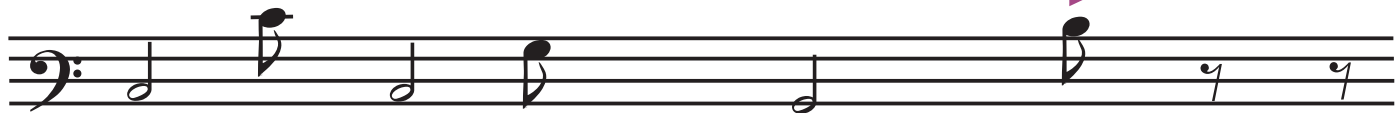
F S K R R N G L L K



K A F E L S V L C D



A E V S L I I F S P



K G K L Y E F A S S

N M Q D T I D R Y L


R H T K D R V S T K

P V S E E N M Q H L

K Y E A A N M M K K

I E Q L E A S K R K


L L G E G I G T C S




I E E L Q Q I E Q Q




L E K S V K C I R̄ A




R̄ K T Q V F̄ K E Q I



E Q L K Q K E K A L



A A E N E K L S E K

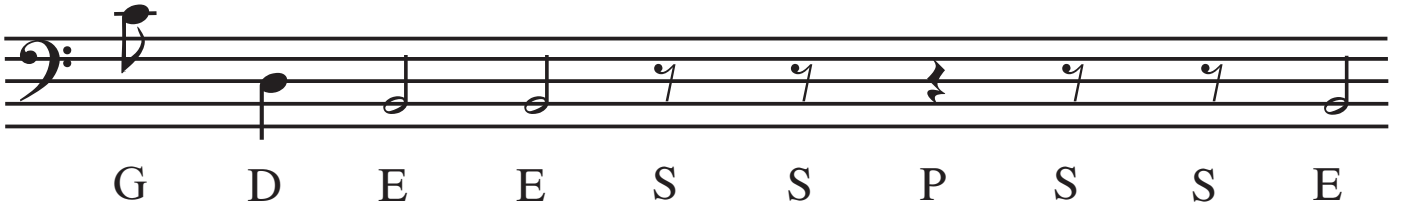


W̄ G G S H E S E V W̄

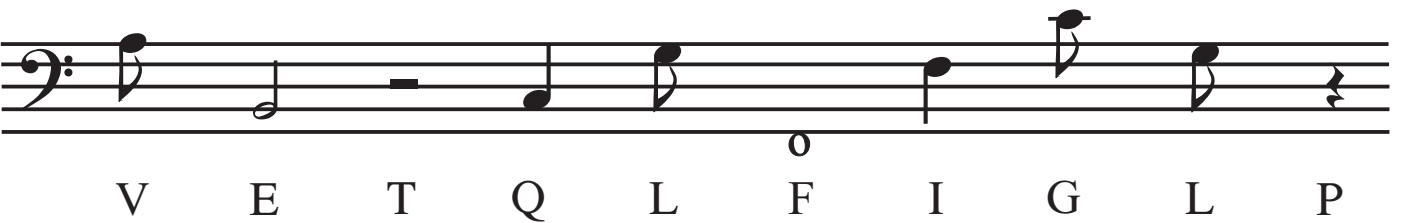




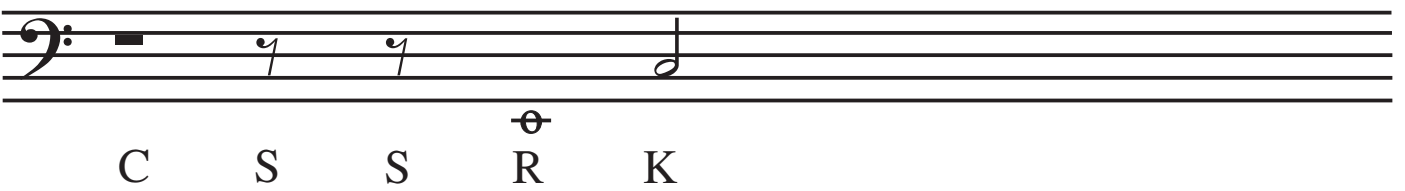
S N K N Q E S T G R



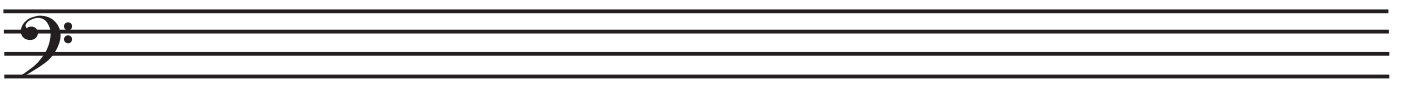
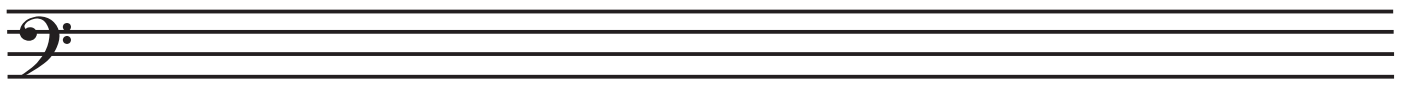
G D E E S S P S S E



V E T Q L F I G L P



C S S R K



SECUENCIA GENÉTICA SOC1

A musical score for the genetic sequence SOC1, consisting of 10 staves. Each staff contains a sequence of notes (quarter, eighth, and half notes) and rests, with a corresponding codon (three-letter nucleotide sequence) written below each note. The notes are placed on a treble clef staff with a key signature of one sharp (F#). The codons are: AUG, GUG, AGG, GGC, AAA, ACU, CAG, AUG, AAG, AGA, AUA, GAG, AAU, GCA, ACA, AGC, AGA, CAA, GUG, ACU, UUC, UCC, AAA, AGA, AGG, AAU, GGU, UUG, UUG, AAG, AAA, GCC, UUU, GAG, CUC, UCA, GUG, CUU, UGU, GAU, GCU, GAA, GUU, UCU, CUU, AUC, AUC, UUC, UCU, CCU, AAA, GGC, AAA, CUU, UAU, GAA, UUC, GCC, AGC, UCC, AAU, AUG, CAA, GAU, ACC, AUA, GAU, CGU, UAU, CUG, AGG, CAU, ACU, AAG, GAU, CGA, GUC, AGC, ACC, AAA, CCG, GUU, UCU, GAA, GAA, AAU, AUG, CAG, CAU, UUG, AAA, AUA, GAA, GCA, GCA, AAC, AUG, AUG, AAG, AAA.

AUG GUG AGG GGC AAA ACU CAG AUG AAG AGA
AUA GAG AAU GCA ACA AGC AGA CAA GUG ACU
UUC UCC AAA AGA AGG AAU GGU UUG UUG AAG
AAA GCC UUU GAG CUC UCA GUG CUU UGU GAU
GCU GAA GUU UCU CUU AUC AUC UUC UCU CCU
AAA GGC AAA CUU UAU GAA UUC GCC AGC UCC
AAU AUG CAA GAU ACC AUA GAU CGU UAU CUG
AGG CAU ACU AAG GAU CGA GUC AGC ACC AAA
CCG GUU UCU GAA GAA AAU AUG CAG CAU UUG
AAA AUA GAA GCA GCA AAC AUG AUG AAG AAA

AUU $\# \ominus$ GAA CAA CUC $\# \ominus$ GAA GCU UCU AAA CGU AAA

CUC $\# \circ$ UUG GGA $\# \ominus$ GAA \circ GGC AUA GGA ACA UGC UCA

AUC GAG GAG CUG CAA CAG AUU GAG CAA CAG

CUU GAG AAA AGU GUC AAA UGU AUU CGA GCA

\ominus AGA $\#$ AAG ACU CAA $\# \ominus$ GUG UUU $\#$ AAG $\# \ominus$ GAA CAA AUU

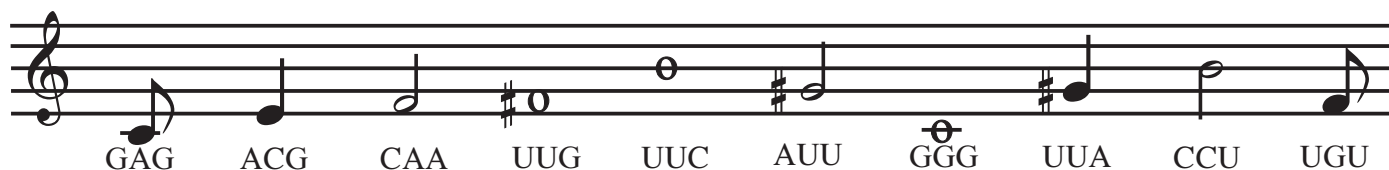
GAG CAG CUC $\#$ AAG CAA $\#$ AAG GAG AAA GCU CUA

GCU GCA $\# \ominus$ GAA AAC GAG $\#$ AAG CUC UCU $\# \ominus$ GAA $\#$ AAG

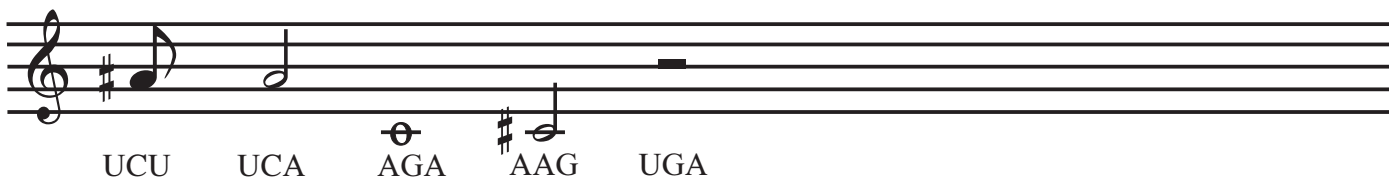
$\#$ UGG GGA UCU CAU $\# \ominus$ GAA $\#$ AGC $\# \ominus$ GAA GUU UGG UCA

AAU $\#$ AAG AAU CAA $\# \ominus$ GAA \circ AGU ACU GGA \ominus AGA $\#$ GGU

$\# \circ$ GAU $\# \ominus$ GAA GAG \circ AGU $\#$ AGC CCA \circ AGU UCU $\# \ominus$ GAA $\#$ GUA



GAG ACG CAA UUG UUC AUU GGG UUA CCU UGU



UCU UCA AGA AAG UGA

