Del ADN a la Proteína

• • •

Elisa Breeze y Néstor Ortega

Del ADN a la Proteína sin Biopython

```
with open("gene.fna", "r") as f:
   lineas = f.readlines() # leer todas las líneas
adn = ''.join([l.strip().upper() for l in lineas if not l.startswith('>')]) # descartamos encabezados FASTA (empiezan con >)
print(f"Secuencia original:")
print(adn)
print("\n")
# Replicación (generación de hebras complementarias)
pares = {'A': 'T', 'T': 'A', 'C': 'G', 'G': 'C'} # Diccionario con bases complementarias
complementario = ''.join([pares[b] for b in adn]) # Hebra complementaria
molde = complementario[::-1]
                                                          # Hebra molde (Invirtiendo hebra complementaria)
print("Paso 1: Replicación")
print(f"Hebra complementaria (5'->3'): {complementario}")
                              {molde}")
print(f"Hebra molde (3'->5'):
print("\n")
# Transcripción (ADN a ARNm)
arnm = molde.replace('T', 'U') # Convertir a Secuencia ARNm
print("Paso 2: Transcripción")
print(f"ARNm: {arnm}")
print("\n")
```

```
# Traducción (ARNm a proteína)
codones = {
    'UUU':'F','UUC':'F','UUA':'L','UUG':'L',
    'UCU':'S','UCC':'S','UCA':'S','UCG':'S',
    'UAU':'Y','UAC':'Y','UAA':'STOP','UAG':'STOP',
    'UGU':'C','UGC':'C','UGA':'STOP','UGG':'W',
    'CUU': 'L', 'CUC': 'L', 'CUA': 'L', 'CUG': 'L',
    'CCU': 'P', 'CCC': 'P', 'CCA': 'P', 'CCG': 'P',
    'CAU': 'H', 'CAC': 'H', 'CAA': 'Q', 'CAG': 'Q',
    'CGU': 'R', 'CGC': 'R', 'CGA': 'R', 'CGG': 'R',
    'AUU':'I','AUC':'I','AUA':'I','AUG':'M',
    'ACU': 'T', 'ACC': 'T', 'ACA': 'T', 'ACG': 'T',
    'AAU': 'N', 'AAC': 'N', 'AAA': 'K', 'AAG': 'K',
    'AGU': 'S', 'AGC': 'S', 'AGA': 'R', 'AGG': 'R',
    'GUU':'V', 'GUC':'V', 'GUA':'V', 'GUG':'V',
    'GCU': 'A', 'GCC': 'A', 'GCA': 'A', 'GCG': 'A',
    'GAU': 'D', 'GAC': 'D', 'GAA': 'E', 'GAG': 'E',
    'GGU':'G','GGC':'G','GGA':'G','GGG':'G'
```

```
proteina = ""
for i in range(0, len(arnm), 3): # Recorrer ARNm de 3 en 3 (codones)
   codon = arnm[i:i+3] # Extraer el codón
   if len(codon) < 3: # Si queda menos de 1 codón entero, se para
       break
   aa = codones.get(codon, '') # Obtenemos aminoácido y lo añadimos a la proteína
   if aa == 'STOP': # si se trata de un codón de parada, se para
       break
   proteina += aa
print("Paso 3: Traducción")
print(f"Proteina traducida: {proteina}")
      Secuencia original:
       Paso 1: Replicación
      Hebra complementaria (5'->3'): GAGTTTTCAGATCTCGGTGGCAGGTCCCTCGTCCATCGAQ
      Hebra molde (3'->5'):
                                  TGGCAGCAAAGTTTTATTGTAAAATAAGAGATCGATATAAA
       Paso 2: Transcripción
       ARNm: UGGCAGCAAAGUUUUAUUGUAAAAUAAGAGAUCGAUAUAAAAAUGGGAUAUAAAAAGGGAGAAGG
      Paso 3: Traducción
       Proteína traducida: WOOSFIVK
```

arnm = arnm.upper()

Del ADN a la proteína con Biopython

print(f"Proteina traducida: {proteina}")

```
from Bio.Seq import Seq
                                                          Secuencia original (NC_000017.11:c7687490-7668421):
from Bio import SeqIO
                                                          for secuencia in SegIO.parse("gene.fna", "fasta"):
   dna = secuencia.seq
                                                          Paso 1: Replicación
   print(f"Secuencia original ({secuencia.id}):")
                                                          Hebra complementaria (5'->3'): GAGTTTTCAGATCTCGGTGGCAGGTCCCTCGTCCATCGACGACCCGAGGCCCCTGTGAAACGC
   print(dna)
                                                          Hebra molde (3'->5'):
                                                                                      TGGCAGCAAAGTTTTATTGTAAAATAAGAGATCGATATAAAAATGGGATATAAAAAGGGAGAG
   print("\n")
   # Replicación (generación de hebras complementarias)
                                                          Paso 2: Transcripción
   complementario = dna.complement()
                                                          ARNm: UGGCAGCAAAGUUUUAUUGUAAAAUAAGAGAUCGAUAUAAAAAAUGGGAUAUAAAAAGGGAGAGGGGGAAGGGUGGGGUGAAAAUG
   molde = dna.reverse complement()
   print("Paso 1: Replicación")
   print(f"Hebra complementaria (5'->3'): {complementario}")
                                                           Paso 3: Traducción
   print(f"Hebra molde (3'->5'):
                                       {molde}")
                                                          Proteína traducida: WOOSFIVK
   print("\n")
   # Transcripción (ADN a ARNm)
   arnm = molde.transcribe()
   print("Paso 2: Transcripción")
   print(f"ARNm: {arnm}")
   print("\n")
   # Traducción (ARNm a proteína)
   proteina = arnm.translate(to_stop=True) # Solo hasta el codón Stop
   print("Paso 3: Traducción")
```