



INGENIERÍA EN BIOTECNOLOGÍA

GBI6 - BIOINFORMÁTICA

```
In [ ]: ### Nombre: JULETH FLORES GUERRERO  
### Fecha de entrega: Sábado 18 de junio de 2022
```

```
In [ ]: ## Conceptos generales
```

```
In [ ]: <center><h2>Código Genético</h2></center>
```

```
In [ ]: ### ¿Qué es el dogma central de la Biología?
```

```
In [ ]: El dogma central de la biología molecular es un concepto que ilustra los mecanismos
```

```
In [ ]: ### ¿Qué es el codon de inicio?
```

```
In [ ]: El codón de inicio de la traducción o codón de inicio es una secuencia de ARN de ti
```

```
In [ ]: ### ¿Qué es el codon final?
```

Hay 3 codones STOP en el código genético: UAG, UAA y UGA. Estos codones señalan el

```
In [ ]: ### ¿Qué es el ARNm?
```

El ARN mensajero (ARNm abreviado) es un tipo de ARN monocatenario implicado en la s

```
In [ ]: ### ¿Qué es el ADN?
```

El ADN, o ácido desoxirribonucleico, es el material hereditario en los humanos y en

```
In [ ]: ### ¿Qué es el ADNc?
```

En genética , el ADN complementario (ADNc) es ADN sintetizado a partir de un mol

```
In [ ]:
```

```
In [ ]: ### Referencias
```

Harispe Francolino, M. L., Arriola, M., & López Larrama, M. N. (2020). El Dogma Cen

```
In [3]: seq = "AAGGACCNGACATCCATCGCTGATGTCAATCCCCGTGGATCGTAAGTCCGGGAGTAGGAGGAGGAAGGGTCGTC"
```

```
seq
```

```
Out[3]: 'AAGGACCNGACATCCATCGCTGATGTCAATCCCCGTGGATCGTAAGTCCGGGAGTAGGAGGAGGAAGGGTCGTCCCACAG
TGCGAAGAGGCTTCTGACCTACTGACGGTACCTCCTCAGTGTACGCTATAGTCGGAGCTCGAGGGAGACTCGGTCCTCTGT
AAAAGTCCGAATACCTTTGATGAAGGAGGTCTTCTATAGGACGGTAG'
```

El Porcentaje de contenido de nucleótidos GC.

```
In [4]: NT_c = seq.count("G")
NT_g = seq.count("C")
len_seq = len(seq)

percent_GC = 100*(NT_c + NT_g) / len_seq

percent_GC
```

```
Out[4]: 54.285714285714285
```

Se localizara la secuencia complementaria

```
In [32]: seq_a = seq.replace("A", "t")
seq_t = seq_a.replace("T", "a")
seq_g = seq_t.replace("G", "c")
seq_c = seq_g.replace("C", "g")
seq_complem = seq_c.upper()
seq_complem
print(seq)
print(seq_complem)
```

```
AAGGACCNGACATCCATCGCTGATGTCAATCCCCGTGGATCGTAAGTCCGGGAGTAGGAGGAGGAAGGGTCGTCCCACAGT
GCGAAGAGGCTTCTGACCTACTGACGGTACCTCCTCAGTGTACGCTATAGTCGGAGCTCGAGGGAGACTCGGTCCTCTGTA
AAAGTCCGAATACCTTTGATGAAGGAGGTCTTCTATAGGACGGTAG
TTCCTGGNCTGTAGGTAGCGACTACAGTTAGGGGGCACCTAGCATTACAGGCCCTCATCCTCCTCCTTCCCAGCAGGGTGTCA
CGTTCTCCGAAGACTGGATGACTGCCATGGAGGAGTCACAGTCGGATATCAGCCTCGAGCTCCCTCTGAGCCAGGAGACAT
TTTCAGGCTTATGGAACTACTTCTCCAGAAGATATCCTGCCATC
```

Se localizara el reverso complementario.

```
In [34]: seq_complem_reverse = seq_complem[::-1]
print(seq)
print(seq_complem)
print(seq_complem_reverse)
```

```
AAGGACCNGACATCCATCGCTGATGTCAATCCCCGTGGATCGTAAGTCCGGGAGTAGGAGGAGGAAGGGTCGTCCCACAGT
GCGAAGAGGCTTCTGACCTACTGACGGTACCTCCTCAGTGTACGCTATAGTCGGAGCTCGAGGGAGACTCGGTCCTCTGTA
AAAGTCCGAATACCTTTGATGAAGGAGGTCTTCTATAGGACGGTAG
TTCCTGGNCTGTAGGTAGCGACTACAGTTAGGGGGCACCTAGCATTACAGGCCCTCATCCTCCTCCTTCCCAGCAGGGTGTCA
CGTTCTCCGAAGACTGGATGACTGCCATGGAGGAGTCACAGTCGGATATCAGCCTCGAGCTCCCTCTGAGCCAGGAGACAT
TTTCAGGCTTATGGAACTACTTCTCCAGAAGATATCCTGCCATC
CTACCGTCTATAGAAGACCTCCTTCATCAAAGGTATTCGGACTTTTACAGAGGACCGAGTCTCCCTCGAGCTCCGACTATA
GGCTGACACTGAGGAGGTACCGTCAGTAGGTGAGAAGCCTCTTCGCACTGTGGGACGACCCTTCTCCTCCTACTCCCGGAC
TTACGATCCACGGGGATTGACATCAGCGATGGATGTCNNGTCTCT
```

Se localiza los sitios de inicio y sitios de pare de transcripción forward.

```
In [35]: start = seq_complem.find("TAC") #CODON DE INICIO
end = seq_complem.find("ATC") #CODON FINAL

print(start)

print(end)
```

22
55

El mRNA de la transcripción forward del codón de inicio hasta el codón de pare.

```
In [36]: mRNA_seqc = seq_complem[start:end+3]  
mRNA_seqc
```

```
Out[36]: 'TACAGTTAGGGGGCACCTAGCATTCAGGCCCTCATC'
```

La cantidad de nucleótidos del mRNA_seqc1. En la secuencia mRNA_seqc1 el codón de inicio es TAC , y el codón final es ATC .

```
In [37]: len(mRNA_seqc)
```

```
Out[37]: 36
```

Se localiza los sitios de inicio y sitios de pare de transcripción forward.

```
In [38]: start = seq_complem_reverse.find("TAC") #CODON DE INICIO  
  
end = seq_complem_reverse.find("ATC") #CODON FINAL  
  
print(start)  
print(end2)
```

1
26

El mRNA de la secuencia reverso complemento del codón de inicio hasta el codón de pare.

```
In [39]: mRNA_seqcr = seq_complem_reverse[start:end+3]  
mRNA_seqcr
```

```
Out[39]: 'TACCGTCCTATAGAAGACCTCCTTCATC'
```