

Primer Examen parcial

Isantet@unsa.edu.pe [Cambiar de cuenta](#)



Borrador guardado

* Indica que la pregunta es obligatoria

Correo electrónico *



Registrar Isantet@unsa.edu.pe como el correo que se incluirá al enviar mi respuesta

1. Explique brevemente en qué consiste el dogma central de la biología, y describa los principales procesos que comprende (2 puntos)

El dogma central de la biología nos dice sobre la transferencia de la información genética dentro de la célula, el proceso entre DNA y RNA y luego este a las proteínas, se realiza en 3 etapas principales:

- la replicación del ADN consiste en una copia sexual de DNA y DNA polimerasa
- la transcripción consiste en que una molecular de DNA se transcribe al RNA
- la traducción las copias que se produjeron se usan para promover la síntesis de proteínas



2. Sobre la replicación. Determine cuales afirmaciones son correctas (2 puntos)



a. Es un proceso semiconservativo



b. Las helicasas son enzimas que separan las secuencias de DNA durante la replicación



c. Los primers indican el punto de partida para la construcción de una nueva cadena de DNA



d. La DNA polimerasa agrega bases (ATCG) en la dirección 3'→5' del primer



3. ¿Cuál es la diferencia entre genes y proteínas? (2 puntos)

Genes: el gen es un segmento de la secuencia de DNA que contiene la instrucción para la síntesis de una molécula específica como una RNA catalítica

Proteínas: las proteínas son macromoléculas que están compuestas por cadenas lineales de aminoácidos que se pliegan en estructuras diferentes y que tienen diversas funciones.

**4. Sobre ortología de genes. Seleccione las sentencias que considera correctas (2 puntos)**

- ☐ a. Genes paralogos no son genes homólogos
- ☒ b. Genes ortólogos son genes homólogos encontrados en organismos diferentes que comparten el mismo ancestral común
- ☒ c. Genes parálogos son genes con alta similitud encontrados dentro del mismo organismo
- ☒ d. Genes ortólogos podrían tener funciones similares; por ejemplo la mioglobina transporta el oxígeno en varios organismos

5. Enumere y describa 2 bases de datos usadas en bioinformática (2 puntos)

1. GenBank: Es una base de datos que guarda secuencias de ADN de especies
2. Uniprot es una base de datos que guarda datos sobre proteínas del grupo

**6. ¿Cuál es la diferencia entre alineamiento global y el alineamiento local de secuencias? (2 puntos)**

Alineamiento global: es toda la longitud de dos secuencias que van a ser comparadas.

Alineamiento local: este alineamiento se enfoca mas que todo en regiones mas



8 . Sobre el Blast: Describa el funcionamiento del algoritmo Blast(2 puntos)

El funcionamiento del Blast consiste en 3 pasos.

- Primer paso: compara una serie de caracteres, para luego ver si esta por encima del Threshold
- Segundo paso: En este paso se usan los seeds o semillas para hacer una búsqueda de palabras, para esto se usan tablas hash con las localizaciones de los hits
- Tercer paso: Aquí hace calculos como inserción, remove o marches



9. Enumere dos programas del Blast y describa que tipos de secuencias comparan (2 puntos)

1. blastn: compara nucleotidos y subject en nucleotidos
2. blastx: compara DNA y subject en aminoacidos



10. Sobre los alineamientos mostrados en la figura responda:

two-component system response regulator PhoP [Escherichia coli]

Sequence ID: [WP_097343503.1](#) Length: 223 Number of Matches: 1

Range 1: 1 to 223 [GenPept](#) [Graphics](#)

[Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps
430 bits(1106)	1e-151	Compositional matrix adjust.	222/223(99%)	223/223(100%)	0/223(0%)
Query 1	MRVLVVEDNALLRHHLKVQIQDAGHQVddaedakeadyYLNEHIPDIAIVDLGLPDEDGL				60
sbjct 1	MRVLVVEDNALLRHHLKVQIQDAGHQVD+AEDAKEADYYLNEHIPDIAIVDLGLPDEDGL				60
Query 61	SLIRRWRSNDVSLPILVLTARESWQDKVEVLSAGADDYVTKPFHIEEVMAARMQALMRRNS				120
sbjct 61	SLIRRWRSNDVSLPILVLTARESWQDKVEVLSAGADDYVTKPFHIEEVMAARMQALMRRNS				120
Query 121	GLASQVISLPPFQVDLSRRELSINDEVIKLTAFEYTIMETLIRNNGKVSKDSLMLQLYP				180
sbjct 121	GLASQVISLPPFQVDLSRRELSINDEVIKLTAFEYTIMETLIRNNGKVSKDSLMLQLYP				180
Query 181	DAELRESHTIDVLMGRLRKKIQAQYPQEVITTVRGQGYLFELR			223	
sbjct 181	DAELRESHTIDVLMGRLRKKIQAQYPQEVITTVRGQGYLFELR			223	

10. ¿El alineamiento corresponde a dos genes ortólogos? Explique (1 punto)

Como notamos todos los caracteres se parecen por ende podemos decir que tienen una alta similitud como del 100% (223/223) y tambien podemos inferir que ese valor es superior al valor de referencia (homologia)



11. Cual es la diferencia de usar un algoritmo basado en Programacion dinamica y el algoritmo Blast ? (1 punto)

La programacion dinamica es mas que todo un enfoque computacional que se usa para optimizar problemas, que consiste dividir el problema en subproblemas, eso se puede usar para los alineamientos globales y locales.

El algoritmo Blast se usa mas que todo para compara secuencias de manera optima, este usa un enfoque llamado busqueda global de alineamientos significativos donde busca alinear todas las posibles combinaciones

[Enviar](#)[Borrar formulario](#)

Nunca envíes contraseñas a través de Formularios de Google.

Este formulario se creó en Universidad Nacional de San Agustin. [Notificar uso inadecuado](#)

Google Formularios



