



**Universidad Nacional de San
Agustín de Arequipa**

**Escuela Profesional de Ciencia de la
Computación**

**Computación Molecular Biológica
(Código: 1005155)**

Semestre 2020A



Indice

1	Curriculum Vitae en Formato ICACIT	3
2	Sílabo del Curso en Formato DUFA	6
3	Sílabo del Curso en Formato ICACIT	11
4	Prueba de Entrada	14
4.1	Evidencias	17
5	Evaluación Primer Parcial	18
5.1	Evidencias	31



1. Curriculum Vitae en Formato ICACIT



UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN
Facultad de INGENIERÍA DE PRODUCCIÓN Y SERVICIOS
Escuela Profesional de Ingeniería DE SISTEMAS

Curriculum Vitae del Docente

Nombre	VICENTE ENRIQUE MACHACA ARCEDA
Educación	<ul style="list-style-type: none"> · Magíster en ciencias informática con mención en tecnologías de información, 2016 / Universidad Nacional de San Agustín · Ingeniero de sistemas, 2017 / Universidad Nacional de San Agustín · Bachiller en Ingeniería de sistemas, 2011 / Universidad Nacional de San Agustín
Experiencia Académica	<ul style="list-style-type: none"> · Cátedra de Postgrado; Universidad Universidad Nacional de San Agustín; 2017, 2018 · Cátedra de Pregrado; Universidad Universidad Nacional de San Agustín; 2017, 2018 · Cátedra de Pregrado; Universidad La Salle; 2017, 2018
Experiencia No Académica	<ul style="list-style-type: none"> · Vex Soluciones E.I.R.L.; Analista; 2017 - 2017. · Tata Consultancy Services – Tcs; System Engennier; 2013 - 2014. · Superintendencia Nacional de Aduanas y Administración Tributaria (SUNAT); IPM: 2011 – 2014. · Coriing Eirl; Analista; 2011 – 2013 · Ctd V&C Sac; Analista; 2010 – 2011 · Regesa Scrl; Programador; 2009 – 2010
Registro Profesional	Colegio de Ingenieros del Perú, CIP: 211444
Membresía actual en organizaciones profesionales	· Colegio de Ingenieros del Perú, 2018. CIP: 211444

Honores y Premios	<ul style="list-style-type: none"> · Acreedor a una beca integral para estudiar una maestría en ciencias informática. · Alumno revelación de la maestría en ciencias informática
Actividades de Servicio (dentro y fuera de la Institución)	
Publicaciones y Presentaciones (últimos 5 años)	<p>Publicaciones – Artículos</p> <ul style="list-style-type: none"> · Small Ship Detection on Optical Satellite Imagery with YOLO and YOLT. Presentado en: FTC 2020 - Future of Information and Communication Conference San Francisco, EEUU, 2020. · Fast Car Crash Detection. Presentado en: CLEI 2018 - The Latin American Computing Conference, São Paulo, Brasil, 2018. · Fast Face Detection in Violent Video Scenes. Publicado en: ScienceDirect. Presentado en: CLEI 2016 - The Latin American Computing Conference, Valparaiso, Chile, 2016. · Real Time Violence Detection in Video with ViF and Horn-Schunck. Publicado en: LACCEI. Presentado en: The Latin American and Caribbean Consortium of Engineering Institutions, San Jose, Costa Rica, 2016. · Optimization model for face detection in video sequences. Publicado en: LACCEI. Presentado en: The Latin American and Caribbean Consortium of Engineering Institutions, San Jose, Costa Rica, 2016. · Real Time Violence Detection in Video. Publicado en: IEEE Explore y IET Digital Library. Presentado en: International Conference on Pattern Recognition Systems, Talca, Chile, 2015.
Actividades de Desarrollo Profesional (últimos 3 años)	<ul style="list-style-type: none"> · Docente con experiencia en los niveles de pregrado y postgrado en diversas la Universidad Nacional de San Agustín y la Universidad La Salle. · Ponencias en Conferencias Internacionales LACCEI 2018, CLEI 2016.



2. Sílabo del Curso en Formato DUFA

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN DE AREQUIPA



VICERRECTORADO ACADÉMICO

FACULTAD DE INGENIERIA DE PRODUCCION Y SERVICIOS
DEPARTAMENTO ACADÉMICO DE INGENIERIA DE SISTEMAS E INFORMATICA

SÍLABO 2020 - A

ASIGNATURA: COMPUTACION MOLECULAR BIOLOGICA (E)

1. INFORMACIÓN ACADÉMICA

Periodo académico:	2020 - A	
Escuela Profesional:	CIENCIA DE LA COMPUTACIÓN	
Código de la asignatura:	1005155	
Nombre de la asignatura:	COMPUTACION MOLECULAR BIOLOGICA (E)	
Semestre:	IX (noveno)	
Duración:	17 semanas	
Número de horas (Semestral)	Teóricas:	2.0
	Prácticas:	2.0
	Seminarios:	0.0
	Laboratorio:	0.0
	Teórico-prácticas:	2.0
Número de créditos:	4	
Prerrequisitos:	ESTRUCTURA DE DATOS AVANZADAS (1003233)	

2. INFORMACIÓN DEL DOCENTE, INSTRUCTOR, COORDINADOR

DOCENTE	GRADO ACADÉMICO	DPTO. ACADÉMICO	HORAS	HORARIO
MACHACA ARCEDA, VICENTE	Magister	INGENIERIA DE SISTEMAS E INFORMATICA	0	Mar: 17:40-20:10

3. INFORMACIÓN ESPECIFICA DEL CURSO (FUNDAMENTACIÓN, JUSTIFICACIÓN)

El uso de métodos computacionales en las ciencias biológicas se ha convertido en una de las herramientas claves para el campo de la biología molecular, siendo parte fundamental en las investigaciones de esta área. En Biología Molecular, existen diversas aplicaciones que involucran tanto al ADN, al análisis de proteínas o al secuenciamiento del genoma humano, que dependen de métodos computacionales. Muchos de estos problemas son realmente complejos y tratan con grandes conjuntos de datos. Este curso puede ser aprovechado para ver casos de uso concretos de varias áreas de

conocimiento de Ciencia de la Computación como: Lenguajes de Programación (PL), Algoritmos y Complejidad (AL), Probabilidades y Estadística, Manejo de Información (IM), Sistemas Inteligentes (IS).

4. COMPETENCIAS/OBJETIVOS DE LA ASIGNATURA

La comprensión intelectual y la capacidad de aplicar las bases matemáticas y la teoría de la informática (Resultado [a] nivel 2).

Analiza, diseña y propone soluciones frente a problemas bioinformáticos. (Resultado [b] nivel 1, Resultado [c] nivel 1, Resultado [d] nivel 1).

Sabe cómo utilizar y conoce las bases computacionales de herramientas modernas de secuenciamiento, alineamiento, árboles filogenéticos y mapeo de genomas. (Resultado [a] nivel 2 y Resultado [h] nivel 2).

5. CONTENIDO TEMATICO

PRIMERA UNIDAD

Capítulo I: Biología molecular

Tema 01: Introducción

Tema 02: Biología de la célula

Tema 03: Bases de datos en bioinformática

Tema 04: De DNA a proteínas

Tema 05: Estructura del DNA y replicación de DNA

Tema 06: Secuenciamiento de DNA

SEGUNDA UNIDAD

Capítulo II: Alineamiento de Secuencias

Tema 07: Alineamiento de secuencias de DNA y aminoácidos

Tema 08: Dot matrix

Tema 09: Programación dinámica

Tema 10: BLAST

TERCERA UNIDAD

Capítulo III: Árboles Filogenéticos

Tema 11: Introducción y relaciones filogenéticas

Tema 12: UPGMA

Tema 13: Neighbor joining

Tema 14: Métodos basados en caracteres

CUARTA UNIDAD

Capítulo IV: Ensamblaje de Secuencias

Tema 15: El problema np-hard de ensamblaje de secuencias de ADN

Tema 16: Técnicas basadas en grafos y k-mer

Tema 17: Técnicas basadas en heurísticas

QUINTA UNIDAD

Capítulo V: Tópicos en Bioinformática

Tema 18: Métodos para la clasificación de nuevas cepas de virus

Tema 19: Detección temprana de enfermedades en base al análisis del genoma

Tema 20: Farmacogenética y predicción a la respuesta a medicamentos

6. PROGRAMACIÓN DE ACTIVIDADES DE INVESTIG. FORMATIVA Y RESPONSABILIDAD SOCIAL

6.1. Métodos

Expositivo en clases teóricas y desarrollo de un trabajo práctico.

6.2. Medios

Classroom, DUTIC, Google meet.

6.3. Formas de organización

Clases teóricas, exposición de clases magistrales.

6.4. Programación de actividades de investigación formativa y responsabilidad social

Desarrollo de talleres y exposición de entregables.

7. CRONOGRAMA ACADÉMICO

SEMANA	TEMA	DOCENTE	%	ACUM.
	Introducción	V. Machaca	5	5.00
	Biología de la célula	V. Machaca	5	10.00
	Bases de datos en bioinformática	V. Machaca	5	15.00
	De DNA a proteínas	V. Machaca	5	20.00
	Estructura del DNA y replicación de DNA	V. Machaca	5	25.00
	Secuenciamiento de DNA	V. Machaca	5	30.00
	Alineamiento de secuencias de DNA y aminoácidos	V. Machaca	5	35.00
	Dot matrix	V. Machaca	5	40.00
	Programación dinámica	V. Machaca	5	45.00
	BLAST	V. Machaca	5	50.00
	Introducción y relaciones filogenéticas	V. Machaca	5	55.00
	UPGMA	V. Machaca	5	60.00
	Neighbor joining	V. Machaca	5	65.00
	Métodos basados en caracteres	V. Machaca	5	70.00
	El problema np-hard de ensamblaje de secuencias de ADN	V. Machaca	5	75.00
	Técnicas basadas en grafos y k-mer	V. Machaca	5	80.00
	Técnicas basadas en heurísticas	V. Machaca	5	85.00
	Métodos para la clasificación de nuevas cepas de virus	V. Machaca	5	90.00
	Detección temprana de enfermedades en base al análisis del genoma	V. Machaca	5	95.00
	Farmacogenética y predicción a la respuesta a medicamentos	V. Machaca	5	100.00

8. ESTRATEGIAS DE EVALUACIÓN

8.1. Evaluación del aprendizaje

Evaluación Continua. Práctica y Laboratorios en cada clase sobre los temas realizados, tanto para el primer parcial (EC1), segundo parcial (EC2) y tercer parcial (EC3).

Evaluación Periódica. Al ser un curso basado en lenguajes de programación, la evaluación periódica consta en la revisión de un trabajo de implementación.

8.2. Cronograma de evaluación

EVALUACIÓN	FECHA DE EVALUACIÓN	EXAMEN TEORÍA	EVAL. CONTINUA	TOTAL (%)
Primera Evaluación Parcial		15%	15%	30%
Segunda Evaluación Parcial		15%	15%	30%
Tercera Evaluación Parcial		20%	20%	40%
TOTAL				100%

9. REQUISITOS DE APROBACIÓN DE LA ASIGNATURA

Para aprobar el curso se deberá haber presentado todos sus trabajos. Los trabajos o tareas deberán ser originales, la copia o plagio a cualquier tipo de nivel, o cualquier tipo de actitud deshonestas, será castigado con cero en todo el componente donde se haya detectado la copia.

10. BIBLIOGRAFIA: AUTOR, TÍTULO, AÑO, EDITORIAL

10.1. Bibliografía básica obligatoria

- [1] Aluru, S., editor (2006). Handbook of Computational Molecular Biology. Computer and Information Science Series. Chapman & Hall, CRC, Boca Raton, FL.
- [2] Archibald, John M. Genomics: A Very Short Introduction. Vol. 559. Oxford University Press, 2018.
- [3] Xiong, Jin. Essential bioinformatics. Cambridge University Press, 2006.

10.2. Bibliografía de consulta

- [4] Korpelainen E, Tuimala J, Somervuo P, Huss M, Wong G. RNA-seq data analysis: a practical approach. CRC press; 2014 Sep 19.
- [5] Kim IJ, editor. Cancer Genetics and Genomics for Personalized Medicine. CRC Press; 2017 Apr 11.

Arequipa, 08 de Junio del 2020

MACHACA ARCEDA, VICENTE



3. Sílabo del Curso en Formato ICACIT

Sílabos del Curso

ESCUELA PROFESIONAL DE CIENCIA DE LA COMPUTACIÓN

1. Nombre del curso:

Código	Nombre	Semestre
1005155	Computación molecular biológica	2020-A

2. Créditos y horas semanales:

Nº créditos	H. Teoría	H. Práctica	H. T-P	H. Lab	T. Horas
6	2	2	2		6

3. Nombre del instructor o coordinador del curso:

MSc. Vicente Machaca Arceda

4. Libro texto: Título, autor y año:

a. Obligatoria

Título	Autor	Año
Essential bioinformatics	Essential bioinformatics	2006

b. Otros materiales suplementarios

Título	Autor	Año
A Very Short Introduction	Archibald, John M	2018



UNSA
UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN DE AREQUIPA

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN DE AREQUIPA
FACULTAD DE INGENIERÍA DE PRODUCCIÓN Y SERVICIOS

5. Información específica del curso:

a. Breve descripción del contenido del curso:

El curso tiene como objetivo que el alumno tenga un conocimiento sólido de los problemas biológicos moleculares que desafía la computación y que el alumno sea capaz de abstraer la esencia de los diversos problemas biológicos para plantear soluciones usando sus conocimientos de Ciencia de la Computación.

b. Requisitos previos o correquisitos:

1703238 - Estructuras de datos avanzadas

c. Obligatorio o Electivo:

Obligatorio		Electivo	X
-------------	--	----------	---

6. Objetivos específicos del curso:

La comprensión intelectual y la capacidad de aplicar las bases matemáticas y la teoría de la informática (Resultado [a] nivel 2).
Analiza, diseña y propone soluciones frente a problemas bioinformáticos. (Resultado [b] nivel 1, Resultado [c] nivel 1, Resultado [d] nivel 1).
Sabe cómo utilizar y conoce las bases computacionales de herramientas modernas de secuenciamiento, alineamiento, árboles filogenéticos y mapeo de genomas. (Resultado [a] nivel 2 y Resultado [h] nivel 2).

7. Breve lista de temas a ser abordados en el curso:

Biología molecular
Alineamiento de Secuencias
Árboles Filogenéticos
Ensamblaje de Secuencias
Tópicos en Bioinformática



4. Prueba de Entrada



Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa
Escuela Profesional de Ciencia de la Computación
Curso: Computación Molecular Biológica



EXAMEN DE ENTRADA

Docente: MSc. Vicente Machaca Arceda
Abril, 2020

Apellidos:

Nombre:

CUI:

1. Explique qué entiende por ADN. **(4 puntos)**
2. Explique qué entiende por genes y proteínas. **(4 puntos)**
3. Explique que son las mutaciones y a que se debe su aparición. **(4 puntos)**
4. Explique que son los árboles filogenéticos. **(4 puntos)**
5. Implementar un programa en el lenguaje de su preferencia que reciba como entrada dos cadenas de texto y retorne un valor numérico indicando el grado de similitud entre dichas cadenas. Usted puede definir qué criterios tomar para retornar el grado de similitud. **(4 puntos)**

Ejemplos de cadenas similares:

cadena_1: "ACGT"

cadena_2: "ACGGT"

cadena_1: "GTAACGT"

cadena_2: "GTAAGT"

cadena_1: "ACGT"

cadena_2: "AGGT"



EXAMEN DE ENTRADA

Docente: MSc. Vicente Machaca Arceda
Abril, 2020

Apellidos:

Nombre:

CUI:

1. Explique qué entiende por ADN. **(4 puntos)**

Cadena de moléculas basadas en Adenine, Cytosine, Guanine y Tyamine. Dicha cadena forma una doble helice, y son el sustrato para la creación de proteínas.

2. Explique qué entiende por genes y proteínas. **(4 puntos)**

Los genes son segmentos del ADN y cada gen forma entre una a más proteínas (isomorfos)

3. Explique que son las mutaciones y a que se debe su aparición. **(4 puntos)**

Las mutaciones son cambios en las bases nitrogenadas del ADN, estos cambios originan proteínas malformadas y funciones deterioradas. Algunas causas de su origen son los hábitos de fumar, exposición a radiación y algunas sustancias químicas.

4. Explique que son los árboles filogenéticos. **(4 puntos)**

Es un método gráfico de computación para mostrar el parentesco entre muestras según su similitud.

5. Implementar un programa en el lenguaje de su preferencia que reciba como entrada dos cadenas de texto y retorne un valor numérico indicando el grado de similitud entre dichas cadenas. Usted puede definir qué criterios tomar para retornar el grado de similitud. **(4 puntos)**

Ejemplos de cadenas similares:

cadena_1: "ACGT"

cadena_2: "ACGGT"

index = 0

similitud = 0

for c in cadena_1:

if index < len(cadena_2) and c == cadena_2[index]:

similitud += 1

index += 1

return similitud

4.1 Evidencias

Rindieron la Prueba de Entrada 16 estudiantes de los 17 estudiantes matriculados, lo que representa un 94%.

Tabla 4.1: Notas y evidencias del examen de entrada

Apellidos y Nombres	P1	P2	P3	P4	P5	NOTA	EVIDENCIA
ARCOS/PONCE, SERGIO MANUEL	3	3	4	0	4	14	Link
BERMUDEZ/NAVARRO, WILLIAN	3	3	4	2	4	16	Link
CAYLLAHUE/CCORA, RENZO AUGUSTO	3	3	4	2	0	12	Link
CHAMBI APAZA, SYOMIRA INES	0	3	3	2	4	12	Link
CHAVEZ LOPEZ CAROLINA BONNIE	2	4	3	2	0	11	Link
CONDORI/MANSILLA, WILLIAM	2	2	0	2	4	10	Link
DEXTRE/AIQUIPA, MARKS CRISTOPHER						0	Link
DIAZ/VENTURA, CELSO EFRAIN NOEL	1	2	2	0	0	5	Link
GUARDIA/ZENTENO, IGOR ALFRED	1	3	3	0	4	11	Link
HUAYPUNA/HUANCA, JOHANN FRANZ	2	3	3	0	4	12	Link
LEON/PAREDES, GUSTAVO MARTIN	4	4	4	0	0	12	Link
SONCCO/LUPA, JEAN CARLOS	2	3	3	3	0	11	Link
TAMO/TURPO, ERIKA JUDITH	2	3	3	0	4	12	Link
TORRES/LIMA, JOSE MANUEL	2	2	2	0	4	10	Link
VILLANUEVA/SANCHEZ, FERNANDO	3	3	3	2	0	11	Link
VISA/FLORES, ALBERTO	2	3	0	3	4	12	Link



5. Evaluación Primer Parcial

Primer examen parcial

MSc. Vicente Machaca Arceda

8 de junio de 2020

DOCENTE	CARRERA	CURSO
MSc. Vicente Machaca Arceda	Escuela Profesional de Ciencia de la Computación	Computación Molecular Biológica

1. Preguntas

1. ¿En que lugar de las celulas, NO esta presente el DNA?
2. ¿Cuáles son las bases nitrogenadas presentes en el RNA?
3. ¿Cuáles son las bases nitrogenadas presentes en el DNA?
4. What is bioinformatics?
5. ¿Qué carbono del azucar ribosa es utilizado para la unión de los nucleotidos durante la replicación de DNA?
6. ¿Qué son los "codons" durante la transcripción?
7. ¿Qué es un dNTP?
8. ¿Qué es un ddNTP?
9. ¿Cuáles son correctas respecto a gel electrophoresis y capillar electrophoresis
10. ¿Cuál es la característica del cDNA durante RNA sequencing?

Primer examen parcial - Solución

MSc. Vicente Machaca Arceda

8 de junio de 2020

DOCENTE	CARRERA	CURSO
MSc. Vicente Machaca Arceda	Escuela Profesional de Ciencia de la Computación	Computación Molecular Biológica

1. Preguntas

1. ¿En que lugar de las células, NO está presente el DNA?
Núcleo, mitocondrias y cloroplasto.
2. ¿Cuáles son las bases nitrogenadas presentes en el RNA?
Adenine (A), uracil (U), guanine (G), and cytosine (C)
3. ¿Cuáles son las bases nitrogenadas presentes en el DNA?
Adenine (A), guanine (G), thymine (T), and cytosine (C)
4. What is bioinformatics?
Bioinformatics involves the technology that uses computers for storage, retrieval, manipulation, and distribution of information related to biological macromolecules such as DNA, RNA, and proteins. Is limited to sequence, structural, and functional analysis of genes and its products. It is the same as Computational molecular biology
5. ¿Qué carbono del azúcar ribosa es utilizado para la unión de los nucleótidos durante la replicación de DNA?
Carbono 3
6. ¿Qué son los "codons" durante la transcripción?
Son conjuntos de 3 nucleótidos y son utilizados para sintetizar aminoácidos en los ribosomas
7. ¿Qué es un dNTP?
Es el nucleótido de DNA sin grupo hidroxyl en el carbono 2 de su ribosa. Es el sustrato utilizado por DNA polimerasa durante la replicación de DNA. Significa: deoxy Nucleoside triphosphate
8. ¿Qué es un ddNTP?
Es el nucleótido de DNA sin grupo hidroxyl en el carbono 3 de su ribosa. Significa: dideoxy Nucleoside triphosphate
9. ¿Cuáles son correctas respecto a gel electrophoresis y capillary electrophoresis?
Capillary electrophoresis utiliza unos tubos por donde pasan los fragmentos y son captados con un láser. Gel electrophoresis utiliza una lámina de rayos X para leer los fragmentos
10. ¿Cuál es la característica del cDNA durante RNA sequencing?
Es un DNA sin intrones

Primer examen

Email address *

jtorresli@unsa.edu.pe

¿En que lugar de las celulas, NO esta presente el DNA? *

2 points

- ☐ Nucleo
- ☐ Mitocondria
- ☒ Ribosomas
- ☐ Cloroplasto
- ☒ Citoesqueleto

¿Cuáles son las bases nitrogenadas presentes en el RNA? *

2 points

- ☐ Solo Uracil (U)
- ☐ Adenine (A), uracil (U), guanine (G), thymine (T), and cytosine (C)
- ☐ Adenine (A), guanine (G), thymine (T), and cytosine (C)
- ☒ Adenine (A), uracil (U), guanine (G), and cytosine (C)
- ☐ Solo Adenine (A)

¿Cuáles son las bases nitrogenadas presentes en el DNA? *

2 points

- ☐ Solo Uracil (U)
- ☐ Adenine (A), uracil (U), guanine (G), thymine (T), and cytosine (C)
- ☒ Adenine (A), guanine (G), thymine (T), and cytosine (C)
- ☐ Adenine (A), uracil (U), guanine (G), and cytosine (C)
- ☐ Solo Adenine (A)

What is bioinformatics? *

2 points

- ☒ Bioinformatics involves the technology that uses computers for storage, retrieval, manipulation, and distribution of information related to biological macromolecules such as DNA, RNA, and proteins.
- ☒ Is limited to sequence, structural, and functional analysis of genes and its products
- ☒ It is the same as Computational molecular biology
- ☐ Encompasses all biological areas that involve computation
- ☐ Is the same as Biotechnology
- ☐ It is a branch of machine learning

¿Qué carbono del azúcar ribosa es utilizado para la unión de los nucleotidos durante la replicación de DNA? *

2 points

- ☐ Carbono 1
- ☐ Carbono 2
- ☒ Carbono 3
- ☐ Carbono 4
- ☒ Carbono 5

¿Qué son los "codons" durante la transcripción? *

2 points

- ☐ Son conjuntos de 3 nucleotidos y son utilizados para sintetizar aminoacidos en la mitocondria
- ☐ Son conjuntos de 3 nucleotidos y son utilizados para sintetizar protreinas en los ribosomas
- ☒ Son conjuntos de 3 nucleotidos y son utilizados para sintetizar aminoacidos en los ribosomas
- ☐ Son conjuntos de 3 nucleotidos y son utilizados para sintetizar proteinas en la mitocondria

¿Qué es un dNTP? *

2 points

- ☒ Es el nucleotido de DNA sin grupo hidroxyl en el carbono 2 de su ribosa
- ☐ Es el nucleotido de DNA sin grupo hidroxyl en el carbono 3 de su ribosa
- ☐ Es el sustrato utilizado por DNA polymerasa durante la replicación de DNA
- ☒ Significa: deoxy Nucleoside triphosphate

¿Qué es un ddNTP? *

2 points

- ☐ Es el nucleotido de DNA sin grupo hidroxyl en el carbono 2 de su ribosa
- ☒ Es el nucleotido de DNA sin grupo hidroxyl en el carbono 3 de su ribosa
- ☐ Es el sustrato utilizado por DNA polimerasa durante la replicación de DNA
- ☐ Significa: deoxy Nucleoside triphosphate
- ☐ . Significa: dideoxy Nucleoside triphosphate

¿Cuáles son correctas respecto a gel electrophoresis y capillar electrophoresis *

2 points

- ☐ Gel electrophoresis es una mejora a capillar electrophoresis
- ☒ Capillar electrophoresis utiliza unos tubos por donde pasan los fragmentos y son captados con un laser
- ☐ Gel electrophoresis utiliza unos tubos por donde pasan los fragmentos y son captados con un laser
- ☒ Gel electrophoresis utiliza una lamina de rayos X para leer los fragmentos

¿Cuál es la característica del cDNA durante RNA sequencing? *

2 points

- ☐ Es un sinonimo de DNA
- ☒ Es un DNA sin intrones
- ☐ Es un DNA copia
- ☐ Es en DNA sin exones

This content is neither created nor endorsed by Google.

Google Forms

Primer examen

Email address *

sarcos@unsa.edu.pe

¿En que lugar de las celulas, NO esta presente el DNA? *

2 points

- ☐ Nucleo
- ☐ Mitocondria
- ☒ Ribosomas
- ☐ Cloroplasto
- ☒ Citoesqueleto

¿Cuáles son las bases nitrogenadas presentes en el RNA? *

2 points

- ☐ Solo Uracil (U)
- ☒ Adenine (A), uracil (U), guanine (G), thymine (T), and cytosine (C)
- ☐ Adenine (A), guanine (G), thymine (T), and cytosine (C)
- ☐ Adenine (A), uracil (U), guanine (G), and cytosine (C)
- ☐ Solo Adenine (A)

¿Cuáles son las bases nitrogenadas presentes en el DNA? *

2 points

- ☐ Solo Uracil (U)
- ☐ Adenine (A), uracil (U), guanine (G), thymine (T), and cytosine (C)
- ☒ Adenine (A), guanine (G), thymine (T), and cytosine (C)
- ☐ Adenine (A), uracil (U), guanine (G), and cytosine (C)
- ☐ Solo Adenine (A)

What is bioinformatics? *

2 points

- ☒ Bioinformatics involves the technology that uses computers for storage, retrieval, manipulation, and distribution of information related to biological macromolecules such as DNA, RNA, and proteins.
- ☐ Is limited to sequence, structural, and functional analysis of genes and its products
- ☒ It is the same as Computational molecular biology
- ☒ Encompasses all biological areas that involve computation
- ☐ Is the same as Biotechnology
- ☐ It is a branch of machine learning

¿Qué carbono del azúcar ribosa es utilizado para la unión de los nucleotidos durante la replicación de DNA? *

2 points

- ☐ Carbono 1
- ☐ Carbono 2
- ☒ Carbono 3
- ☐ Carbono 4
- ☒ Carbono 5

¿Qué son los "codons" durante la transcripción? *

2 points

- ☐ Son conjuntos de 3 nucleotidos y son utilizados para sintetizar aminoacidos en la mitocondria
- ☐ Son conjuntos de 3 nucleotidos y son utilizados para sintetizar protreinas en los ribosomas
- ☒ Son conjuntos de 3 nucleotidos y son utilizados para sintetizar aminoacidos en los ribosomas
- ☐ Son conjuntos de 3 nucleotidos y son utilizados para sintetizar proteinas en la mitocondria

¿Qué es un dNTP? *

2 points

- ☒ Es el nucleotido de DNA sin grupo hidroxyl en el carbono 2 de su ribosa
- ☐ Es el nucleotido de DNA sin grupo hidroxyl en el carbono 3 de su ribosa
- ☒ Es el sustrato utilizado por DNA polymerasa durante la replicación de DNA
- ☒ Significa: deoxy Nucleoside triphosphate

¿Qué es un ddNTP? *

2 points

- ☐ Es el nucleotido de DNA sin grupo hidroxyl en el carbono 2 de su ribosa
- ☒ Es el nucleotido de DNA sin grupo hidroxyl en el carbono 3 de su ribosa
- ☒ Es el sustrato utilizado por DNA polimerasa durante la replicación de DNA
- ☐ Significa: deoxy Nucleoside triphosphate
- ☐ . Significa: dideoxy Nucleoside triphosphate

¿Cuáles son correctas respecto a gel electrophoresis y capillar electrophoresis *

2 points

- ☐ Gel electrophoresis es una mejora a capillar electrophoresis
- ☐ Capillar electrophoresis utiliza unos tubos por donde pasan los fragmentos y son captados con un laser
- ☒ Gel electrophoresis utiliza unos tubos por donde pasan los fragmentos y son captados con un laser
- ☐ Gel electrophoresis utiliza una lamina de rayos X para leer los fragmentos

¿Cuál es la característica del cDNA durante RNA sequencing? *

2 points

- ☐ Es un sinonimo de DNA
- ☐ Es un DNA sin intrones
- ☒ Es un DNA copia
- ☐ Es en DNA sin exones

This content is neither created nor endorsed by Google.

Google Forms

5.1 Evidencias

Rindieron la Primera Evaluación Parcial 17 estudiantes de los 17 estudiantes matriculados, lo que representa un 100.0%.

La nota promedio de los estudiantes que rindieron la Primera Evaluación Parcial es 10 puntos. Las notas y la evidencia de la Primera Evaluación Parcial se encuentran en la siguiente tabla:

CUI	Apellidos y Nombres	EP1	Evidencia
20163426	ARCOS/PONCE, SERGIO MANUEL	8	Link
20131033	BERMUDEZ/NAVARRO, WILLIAN BRAULIO	8	Enlace
20120996	CAYLLAHUE/CCORA, RENZO AUGUSTO	14	Enlace
20162011	CHAMBI APAZA, SYOMIRA INES	12	Enlace
20153702	CHAVEZ LOPEZ CAROLINA BONNIE	12	Enlace
20123724	CONDORI/MANSILLA, WILLIAM SILVERIO	8	Enlace
20163417	DEXTRE/AIQUIPA, MARKS CRISTOPHER	8	Enlace
20131026	DIAZ/VENTURA, CELSO EFRAIN NOEL	12	Enlace
20100558	GUARDIA/ZENTENO, IGOR ALFRED	10	Enlace
20143483	HUAYPUNA/HUANCA, JOHANN FRANZ	4	Enlace
	HUISA QUISPE, JOSE LUIS	10	Enlace
20100042	LEON/PAREDES, GUSTAVO MARTIN	10	Enlace
20160757	SONCCO/LUPA, JEAN CARLOS	6	Enlace
20153698	TAMO/TURPO, ERIKA JUDITH	16	Enlace
20101223	TORRES/LIMA, JOSE MANUEL	16	Enlace
20061776	VILLANUEVA/SANCHEZ, FERNANDO THOMAS	8	Enlace
20133429	VISA/FLORES, ALBERTO	8	Enlace