

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN  
FACULTAD DE INGENIERÍA DE PRODUCCIÓN Y SERVICIOS  
ESCUELA PROFESIONAL CIENCIA DE LA COMPUTACIÓN



COMPUTACIÓN MOLECULAR BIOLÓGICA

---

**Examen**

---

**ALUMNO:**

TORRES LIMA, JOSE

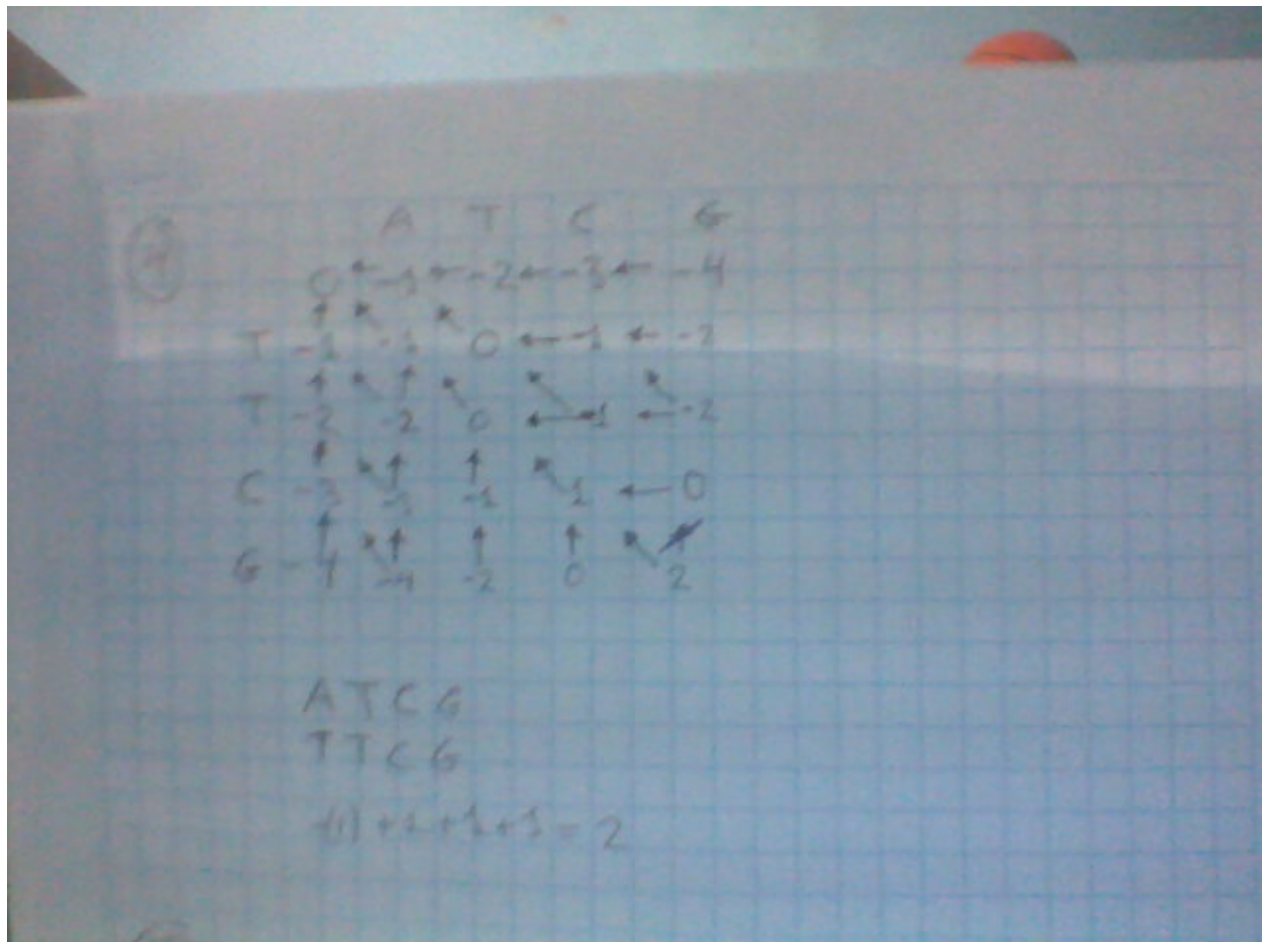
**DOCENTE:**

**Prof:** MSc. VICENTE MACHACA ARCEDA

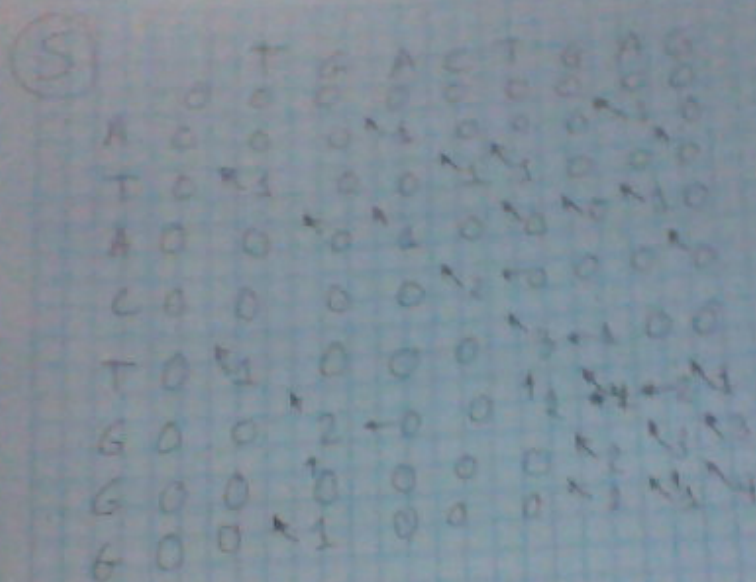
**AREQUIPA - PERÚ**

**2020**

1. Explique los pasos a seguir en el secuenciamiento de Sanger (max. 50 palabras) (3pt)
2. Explique a que hace referencia el termino Alternative Splicing (3pt).  
Permite obtener a partir de un transcrito primario de ARNm o pre-ARNm distintas isoformas de ARNm y proteínas, las cuales pueden tener funciones diferentes y a menudo opuestas. Combinando los exones. Se generan proteínas. proteínas isomorfas a partir del ARN primario desde el ADN
3. Explique cual es la causa de que solo el 1 % del genoma humano se sintetice a proteínas (3pt)  
Debido a los exones que son el 1% y los intrones el 99%
4. Encuentre el mejor alineamiento global entre las secuencias ATCG y TTCG, con el siguiente scoring scheme: +1 for match, -1 for mismatch and -1 for an alignment with a gap.



5. Encuentre el mejor alineamiento local entre las secuencias ATACTGGG y TGACTGAG,, con el siguiente scoring scheme: +1 for match, -1 for mismatch and -1 for an alignment with a gap.



ACTGGG

ACTGAG

$$1+1+1+1+1+3=7$$

ACTG

ACTG

$$1+1+1+1=4$$