

BIOINFORMÁTICA

Ejercicio 1. Replicación del ADN

Objetivo: comprender el mecanismo semiconservativo y las enzimas implicadas.

Instrucciones:

1. Considera la siguiente secuencia de ADN: 5' – ATG CCG TTA GCT – 3' / 3' – TAC GGC AAT CGA – 5'.
2. Realiza una ronda de replicación:
 - Identifica las nuevas hebras que se formarán.
 - Indica cuál sería la función de las enzimas helicasa, primasa, ADN polimerasa y ligasa en este proceso.
3. Reflexiona: ¿qué ocurriría si la ADN polimerasa cometiera un error en una base y no se corrigiera?

Extensión con Biopython:

Escribe un pequeño script que, dada una cadena de ADN, genere automáticamente su hebra complementaria, y comprueba si tu resultado coincide con lo que obtuviste manualmente.

Ejercicio 2. Transcripción del ADN a ARN

Objetivo: traducir correctamente la información de la cadena molde.

Instrucciones:

1. Usa la siguiente secuencia de ADN: 5' – ATG CCT GAA TGC – 3' / 3' – TAC GGA CTT ACG – 5'.
2. Identifica cuál es la cadena molde.
3. Obtén el transcrito de ARN correspondiente (recuerda que el ARN se sintetiza en dirección 5' → 3' y utiliza uracilo en lugar de timina).
4. Explica cuál sería la región promotora y cuál la región codificante.

Extensión con Biopython:

Crea un script que lea un archivo FASTA con ADN y produzca la secuencia de ARNm. Experimenta cambiando la orientación de la hebra y observa qué ocurre.

Ejercicio 3. Traducción del ARNm a proteína

Objetivo: aplicar el código genético y reflexionar sobre mutaciones.

Instrucciones:

1. Usa el siguiente transcrito de ARN: 5' – AUG UAU GCU UAA – 3'.
2. Identifica el codón de inicio y el codón de paro.
3. Traduce la secuencia en una cadena de aminoácidos.
4. Reflexiona: ¿qué pasaría si el codón de inicio mutara de AUG a GUG? ¿Qué ocurriría si el codón de paro desapareciera por mutación?

Extensión con Biopython:

Utiliza el módulo Bio.Seq para traducir automáticamente el ARNm a una secuencia proteica y comprueba si el resultado coincide con el tuyo.

Ejercicio 4. Splicing alternativo

Objetivo: comprender cómo un mismo gen puede generar varias proteínas.

Instrucciones:

1. Considera un gen con 5 exones: Exón 1 – Exón 2 – Exón 3 – Exón 4 – Exón 5.
2. Diseña al menos dos combinaciones de splicing alternativo (por ejemplo, 1-2-4-5 o 1-3-5).
3. Explica qué diferencias esperarías en las proteínas resultantes.
4. Reflexiona: ¿por qué este mecanismo aumenta la diversidad proteica sin necesidad de más genes?

Extensión con Biopython / bases de datos:

Busca en Ensembl un gen humano conocido con isoformas (por ejemplo, FGFR2) y compara sus diferentes transcritos. Reflexiona sobre cómo estas diferencias podrían afectar a la función de la proteína.

Ejercicio 5. Introducción a las proteínas

Objetivo: relacionar secuencia, estructura y función.

Instrucciones:

1. Considera la siguiente secuencia de aminoácidos: Met – Ile – Ser – Gly – Val – Lys – His.
2. Identifica el extremo N y el extremo C de la cadena.
3. Reflexiona: ¿cómo influye el orden de los aminoácidos en la estructura final de la proteína? ¿Qué ocurriría si hubiera una mutación que cambiara un aminoácido hidrofóbico por uno hidrofílico en una región interna de la proteína?

Extensión con bioinformática:

Busca en el Protein Data Bank (PDB) la estructura de una proteína conocida y observa cómo los aminoácidos se organizan en hélices alfa y láminas beta. Reflexiona sobre cómo una mutación puntual podría afectar al plegamiento.

Ejercicio 6. Actividad integradora: del ADN a la proteína

Objetivo: recorrer el dogma central completo.

Instrucciones:

1. Escoge una secuencia de ADN (codificada en un fichero fasta de algún banco de datos o página especializada públicos).
2. Paso 1: replica la secuencia indicando las dos nuevas hebras.
3. Paso 2: transcribe la cadena molde en ARNm.
4. Paso 3: traduce el ARNm en una cadena de aminoácidos.
5. Reflexiona: ¿qué punto del proceso es más vulnerable a errores que afecten a la función de la proteína?
6. Programa un pipeline que realice los tres procesos (replicación, transcripción, y traducción).

Extensión con Biopython:

El pipeline que realice los tres pasos: generar la hebra complementaria (replicación), obtener el transcrito (transcripción) y traducir a proteína (traducción) debe informar en todo momento de lo que está ocurriendo en los procesos.

Entrega:

- **Informe en PDF o .md** (máx. 4 páginas, formato académico, este contenido también debe encontrarse en un fichero README.md en el repositorio donde se encuentre el código).
- **Código (.zip) y enlace al repositorio.**
- **Presentación oral** con apoyo visual (Información en el repositorio GitHub).