

Tema 1.3 – Introducción a la Biología. Trabajo Práctico

La envoltura nuclear encierra el ADN y define el compartimiento nuclear. Está formada por dos membranas concéntricas. La membrana nuclear interna contiene proteínas específicas que actúan como sitios de unión de la lámina nuclear que la sostiene, y que contacta los cromosomas y los ARNs nucleares. Esta membrana está rodeada por la membrana nuclear externa, similar a la membrana del retículo endoplásmico (RE), con el que se continúa. De hecho, la membrana nuclear externa puede ser considerada como una región especializada de la membrana del RE. Al igual que la membrana del RE rugoso, su superficie externa está generalmente tachonada con ribosomas comprometidos en la síntesis de proteínas. Las proteínas sintetizadas en esos ribosomas son transportadas al espacio entre las membranas nucleares interna y externa (el espacio perinuclear), el cual a su vez es continuo con el lumen del RE. El núcleo contiene muchas proteínas que ayudan a mediar sus funciones específicas. Esas proteínas, que incluyen histonas, ADN y ARN polimerasas, reguladores génicos, y proteínas procesadoras de ARN, son importadas desde el citosol, donde son sintetizadas. Deben pasar a través de las membranas nucleares externa e interna para llegar al interior del núcleo (el lumen nuclear). Este proceso de transporte es selectivo: muchas proteínas sintetizadas en el citosol son excluidas del núcleo. (Alberts, Bruce, Watson y col., 2007, "Molecular Biology of the cell", 5º edición, Editorial Garland Publishing) Discuta y conteste las siguientes preguntas en relación al párrafo del punto anterior.



1. Discuta y conteste las siguientes preguntas en relación al párrafo anterior.

1.1 ¿Por qué las células eucariotas presentan un núcleo? ¿Cuál es el sentido de una membrana nuclear?

Las células eucarióticas a diferencia de las procariotas, el DNA es lineal y está fuertemente unido a proteínas especiales. Dentro de la célula eucariótica, el material genético está rodeado por una doble membrana, la envoltura nuclear, que lo separa de los otros contenidos celulares en un núcleo bien definido. En las procariotas, el material genético no está contenido dentro de un núcleo rodeado por una membrana, aunque está ubicado en una región definida llamada nucleóide, el núcleo en la célula eucariota permite el pasaje selectivo de proteínas del citoplasma, lo que protege el material genético. Al actuar juntamente con el citoplasma, el núcleo ayuda a regular las actividades de la célula. La existencia de la envoltura nuclear permite que muchas de las proteínas que interaccionan con el DNA se concentren donde la célula las necesita y, como veremos en siguientes



capítulos, que las enzimas citosólicas y nucleares estén separadas, lo cual es trascendental para el funcionamiento de las células eucariotas.

1.2 Las funciones asociadas al material genético son la replicación, expresión, almacenaje y mutación. ¿Qué cree Ud. que significa cada uno de estos términos? Explique cómo el modelo de doble hélice de Watson y Crick se ajusta a esas cuatro funciones.

Replicación: La replicación del ADN es el proceso mediante el cual se duplica una molécula de ADN. Cuando una célula se divide, en primer lugar, debe duplicar su genoma para que cada célula hija contiene un juego completo de cromosomas.

Expresión: La expresión génica es el proceso que permite obtener proteínas a partir de genes. Los genes son secuencias de nucleótidos de ADN que codifican la información necesaria para la síntesis de proteínas. Esta síntesis tiene lugar en dos pasos: transcripción y traducción.

Almacenaje: material genético se emplea para guardar la información genética de una forma de vida orgánica y, en eucariotas, está almacenado en el núcleo de la célula. Para todos los organismos conocidos actualmente, el material genético es casi exclusivamente ácido desoxirribonucleico (ADN).

Mutación: En genética se denomina mutación genética, mutación molecular o mutación puntual a los cambios que alteran la secuencia de nucleótidos del ADN. Estas mutaciones en la secuencia del ADN pueden llevar a la sustitución de aminoácidos en las proteínas resultantes.

1.3 Describa las características del modelo de doble hélice de Watson y Crick. ¿Qué tipos de interacciones estabilizan la doble hélice?

Cada nucleótido consiste en un azúcar desoxirribosa, un grupo fosfato y una base púrica o pirimídica, la secuencia repetida azúcar-fosfato-azúcar-fosfato que forma el esqueleto de la molécula, cada grupo fosfato está unido al carbono 5' de una subunidad de azúcar y al carbono 3' de la subunidad de azúcar del nucleótido contiguo. Así, la cadena de DNA tiene un extremo 5' y un extremo 3' determinados por estos carbonos 5' y 3'. La secuencia de bases varía de una molécula de DNA a otra. Las cadenas se mantienen unidas por puentes de hidrógeno entre las bases. La adenina y la timina pueden formar dos puentes de hidrógeno, mientras que la guanina y la citosina pueden formar tres. Dados estos requerimientos de enlace, la adenina puede aparearse sólo con la timina y la guanina sólo con la citosina. Así, el orden de las bases en una cadena -TTCAG- determina el orden de las bases en la otra cadena -AAGTC. Las cadenas son antiparalelas, es decir, la dirección desde el extremo 5' a 3' de una es opuesta a la de la otra. Entonces la estructura se estabiliza por:

- Puentes de hidrogeno entre bases enfrentadas de las dos cadenas -Interacciones hidrofóbicas entre bases adyacentes de la misma cadena polinucleotídica
- Interacciones electroestáticas de los grupos fosfatos con el agua y Mg^{++}

1.4 Consulte la bibliografía y transcriba un concepto de gen. Discuta y analice su alcance. ¿Que son los intrones y los exones?

Un gen es una unidad de información, en un locus de ácido desoxirribonucleico (ADN) que codifica un producto génico, ya sea proteínas o ARN. Es la unidad molecular de la herencia genética, pues almacena la información genética y permite transmitirla a la descendencia. Los genes se encuentran en los cromosomas, y cada uno ocupa en ellos una posición determinada llamada locus. El conjunto de genes de una especie se denomina genoma.



Para cada locus, pueden existir varios alelos posibles (es decir, pueden tener distintas formas con distintas consecuencias). Cuando los genes se encuentran muy próximos, es menos probable que se separen en el entrecruzamiento, es decir, no se segregan en forma independiente sino en bloque. Se denominan grupos de ligamiento al conjunto de genes situados en locus próximos que se transmiten en conjunto.

Un gen es una secuencia o segmento de ADN necesario para la síntesis de ARN funcional, como el ARN de transferencia o el ARN ribosomal. Sin embargo, estos dos tipos de ARN no codifican proteínas, lo cual es hecho por el ARN mensajero. Para ello, la transcripción genera una molécula de ARN que posteriormente sufrirá traducción en los ribosomas, proceso por el cual se genera una proteína. Muchos genes se encuentran constituidos por regiones codificantes (exones) interrumpidas por regiones no codificantes (intrones) que son eliminadas en el procesamiento del ARN (splicing). En células procariotas esto no ocurre pues los genes de procariotas carecen de intrones. La secuencia de bases presente en el ARN determina la secuencia de aminoácidos de la proteína por medio del código genético.

La mayoría de los genes humanos constan, pues, de largas ristas de cxones e íntrones dispuestos alternativamente. En cambio la mayoría de genes de Jos organismos con genomas compactos no tienen intrones. Esto justifica que estos genes sean más pequeños



(alrededor de una veinteava parte de los de los humanos) y que sus cromosomas tengan una mayor pro por· ción de DNA codificante. Además de los intrones y exones, cada gen está unido a secuencias de DNA reguladoras, las cuales son las responsables de asegurar que un gen se active o desactive en el momento preciso.

2. Responda las siguientes preguntas.

2.1 Si una molécula de una doble hélice de DNA tiene un contenido G + C del 56%, ¿cuáles son los porcentajes de las cuatro bases (A, T, G y C) de esta molécula? (proporción de las bases que hay)

$$G+C=56\%$$

$$G=28\% \quad Y \quad C=28\%$$

$$A+T=44\%$$

$$A=22\% \quad Y=22\%$$



2.2. Discuta si la siguiente proposición es verdadera o falsa: “Si una molécula de ADN contiene 45% de guanina, debe contener 55% de timina”. Fundamente su respuesta.

- La proposición superior es falsa porque según lo enunciado en las reglas de Chargaff el porcentaje de Adenina y timina es igual tienen una relación 1/1
- La proporción de Adenina (A) es igual a la de Timina (T). $A = T$. $A/T = 1$. •La proporción de Guanina (G) es igual a la de Citosina (C). $G = C$. $G/C=1$.
- La proporción de bases púricas A+G es igual a la de las bases pirimidínicas T+C. $A+G = T + C$ La relación entre A+G y T+C es igual a la unidad $A+G/T+C=1$
- La proporción entre (A+T) y (G+C) es característica de cada organismo, variando de una especie a otra.



2.3. Cuando la molécula de ADN es sometida a la acción del calor, las dos hebras se separan (desnaturalización del ADN), y la temperatura a la cual la separación ocurre es dependiente del contenido de bases. Específicamente, al ADN con mayor proporción de pares G-C se desnaturaliza a mayor temperatura que las moléculas con contenido más alto en A-T. Explique por qué.

El enlace de hidrógeno de adenina-timina forma un doble puente mientras que el enlace de hidrógeno entre guanina-citosina es triple esto hace que requiera mayor energía para la desnaturalización. Esto es debido a que la unión A-T es más débil que la del G-C, debido a que el par G-C tiene 3 puentes hidrógenos mientras que el par A-T están unidas por 2 puentes hidrógenos.



3. El "Dogma Central" de la Biología: La información genética almacenada en el ADN es transcrita a moléculas de ARN mensajero que luego pueden ser traducidas en el proceso de síntesis de las proteínas.

3.1 El Código genético se basa en la secuencia ordenada de bases nitrogenadas de los nucleótidos en el ADN, determinando la secuencia de aminoácidos en las proteínas. Principales características del Código genético:

i) ¿Qué es un codón y cómo está determinado?

Un codón es una secuencia de tres nucleótidos de ADN o ARN que corresponde a un aminoácido específico. El código genético describe la relación entre la secuencia de bases del ADN (A, C, G y T) en un gen y la secuencia correspondiente de la proteína que codifica. La célula lee la secuencia del gen en grupos de tres bases. Existen 64 codones diferentes: 61 son específicos de aminoácidos, mientras que los tres restantes se utilizan como señales de parada.

II) Relación codón-aminoácido, secuencia de los codones en el ADN para su lectura (codones de iniciación y finalización), universalidad del Código genético.

El código genético son las instrucciones que le dicen a la célula cómo hacer una proteína específica. A, T, C y G, son las "letras" del código del ADN; representan los compuestos químicos adenina (A), timina (T), citosina (C) y guanina (G), respectivamente, que constituyen las bases de nucleótidos del ADN. El código para cada gen combina los cuatro compuestos químicos de diferentes maneras para formar "palabras" de tres letras las cuales especifican qué aminoácidos se necesitan en cada paso de la síntesis de una proteína. Un codón es un triplete de nucleótidos. En el código genético, cada aminoácido está codificado por uno o varios codones. El codón es la unidad de información básica en el proceso de traducción del ARNm. Cada uno de los codones codifica un aminoácido y esta correlación es la base del código genético que permite la traducción de la secuencia de ARNm a la secuencia de aminoácidos que compone la proteína. A toda la secuencia de codones de un gen, desde el codón de inicio hasta el último codón antes del de terminación, se le conoce como «Marco de Lectura Abierto» (ORF, por sus siglas en inglés), debido a que esta es la secuencia que se va a "leer" para dar lugar a un polipéptido.

Cada codón porta la información para pasar la secuencia de nucleótidos del ARNm a la secuencia de aminoácidos de la proteína en el proceso de traducción. Dado que cada codón codifica un aminoácido, hay 64 codones diferentes por combinación de los 4 nucleótidos en

cada una de las 3 posiciones del triplete, de los cuales se codifican 20 aminoácidos, 3 codones de terminación de la traducción y un codón de inicio de la traducción, el AUG, que codifica la metionina. Salvo la metionina y el triptófano que están codificados por un único codón, los aminoácidos pueden estar codificados por 2, 3, 4 ó 6 codones diferentes. Esto hace que el código sea redundante, lo que se

denomina código degenerado, porque hay varios codones diferentes que codifican para un solo aminoácido. Los 3 codones de terminación conocidos como codón de terminación, codón de parada o codón stop llamados ocre (UAA), ámbar (UAG) y ópalo (UGA) son los tres tripletes que al no codificar ningún aminoácido ocasionan el cese de la síntesis proteica. Hay un codón de inicio de la traducción, el AUG, que codifica la metionina, es el primer codón de una transcripción de ARNm traducido por un ribosoma.

3.2 El ARN posee características estructurales que le permiten su síntesis a partir del ADN, la interacción con proteínas y tener ciertas actividades catalíticas para intermediar en la transmisión de la información genética.

I) El ARN, ácido ribonucleico, también es un polímero de nucleótidos: Analiza su estructura, a partir de los 4 nucleótidos principales y del polímero. El ARN puede formar regiones internas de apareamiento de bases en su cadena lineal, que le sirven para la regulación de sus funciones.

El ARN es una cadena de una hebra (Monocatenaria), que se encuentra en el citoplasma. Los nucleótidos del ARN están formados por una azúcar pentosa, un grupo fosfato y una base nitrogenada (Adenina, Guanina, Citosina y Uracilo).

II) Existen diferentes tipos de ARN asociados a diferentes funciones. Respecto la síntesis proteica, que pueden mencionarse tres tipos mayoritarios: el ARN mensajero (ARNm), el ARN de transferencia (ARNt) y el ARN ribosomal (ARNr); estudia sus estructuras generales y a qué otras moléculas se asocian para desarrollar sus actividades.

El ARN mensajero (ARNm) presenta una estructura lineal de una sola hebra, que puede formar horquillas en determinados tramos cuyas bases son complementarias. Su función es trasladar la información genética del ADN a los ribosomas, para la síntesis de proteínas. Cada molécula de ARNm es complementaria a un fragmento o gen de ADN, que sirve de molde para su síntesis durante la transcripción:


- ARNm monocistrónico: el ARNm contiene la información necesaria para la síntesis de una proteína (eucariotas).
- ARNm policistrónico: el ARNm contiene información para la síntesis de varias proteínas (procariotas).

El ARN de transferencia (ARNt) es el encargado de transportar los aminoácidos en el citoplasma para la síntesis de proteínas. Está formado por 70-90 nucleótidos, algunos de los cuales presentan bases poco frecuentes (distintas de A, C, G o U) y presenta fragmentos con estructura de doble hélice y otros en los que se forman bucle.

El ARN ribosómico (ARNr) es el más abundante (en torno al 80 % del ARN celular). Sus moléculas son largas y monocatenarias, aunque presenta fragmentos con estructura de doble cadena. Tiene función estructural ya que se encuentra


asociado a proteínas formando los ribosomas, orgánulos encargados de la síntesis de proteínas.

III) Analiza esquemáticamente la participación de estos 3 tipos de ARN en el proceso de síntesis de proteínas.


El ARN mensajero (ARNm) transmite la información genética almacenada en el ADN. Mediante el proceso conocido como transcripción, secuencias específicas de ADN son copiadas en forma de ARNm que transporta el mensaje contenido en el ADN a los sitios de síntesis proteica (los ribosomas). Los aminoácidos (componentes de las proteínas) son unidos a los ARN de transferencia (ARNt) que los llevarán hasta el lugar de síntesis proteica, donde serán encadenados uno tras otro. La enzima aminoacil-ARNt-sintetasa se encarga de dicha unión, en un proceso que consume ATP. Los ribosomas son los orgánulos citoplasmáticos encargados de la síntesis proteica; ellos son los encargados de la unión de los aminoácidos que transportan los ARNt siguiendo la secuencia de codones del ARNm según las equivalencias del código genético. 

Es un ARN que forma parte de los ribosomas y es esencial para la síntesis proteica en todos los seres vivos. Los ARNr forman el armazón de los ribosomas y se asocian a proteínas específicas para formar las pre-subunidades ribosomales.

IV) Existen otras moléculas de ARN denominadas ARN no codificantes. Describa brevemente sus características y funciones.

Un ARN no codificante (ncRNA) es una molécula de ARN funcional, que a diferencia del RNA mensajero no se traduce en una proteína. La secuencia de ADN de la que un ARN no codificante se transcribe, a menudo se llama un gen de ARN no codificante. 

Los genes de ARN no codificante incluyen funcionalidades abundantes y muy importantes como ARN de transferencia (tRNA) y ARN ribosomal (rRNA), así como también en ARN, tales como snoRNAs, microARNs, siRNAs y piRNAs y el ncRNA largo, que incluyen ejemplos tales como Xist y HOTAIR(HOX antisense intergenic RNA). El número de ncARNs (no codificantes de proteínas) en el genoma humano es desconocido; sin embargo, recientes estudios transcriptómicos y bioinformáticos sugieren la existencia de miles de ncARNs. La función de muchos de los ncARNs identificados recientemente no está confirmada, siendo posible, que muchos de estos, sean no funcionales.

Al igual que con las proteínas, las mutaciones o los desequilibrios en el repertorio ncRNA en el cuerpo pueden causar una variedad de enfermedades como cancer, síndrome de Prader-Willi, Alzheimer, etc. 

4. Para la hebra de DNA 5'-TACGATCATAT-3' la hebra de DNA complementario correcta es:

5'-TACGATCATAT-3'

3'-ATGCTAGTATA-5'



5.

a) Escribe la secuencia complementaria del siguiente nucleótido:

A T C G U T A G C T U A G

C=G

A=T

U=A



5' → 3'

A T C G U T A G C T U A G

3' → 5'

T A G C A A T C G A A T C

5' → 3'

C T A A G C T A A C G A T

Las letras son A, C, G y T, que simbolizan las cuatro subunidades de nucleótidos de una banda ADN - adenina, citosina, guanina, timina, que son bases covalentemente ligadas a cadenas fosfóricas.

b) ¿Podría existir esta secuencia en la naturaleza? ¿Por qué?

No podría existir, ya que no puede existir en una misma línea timina y uracilo, el primero es del ADN y el segundo del ARN



6. Un ARN mensajero tiene 336 nucleótidos de longitud, incluyendo los codones de iniciación y de terminación. El número de aminoácidos de la proteína traducida a partir de este ARNm es: (Explique su respuesta)

a. 335

b. 112 porque cada tres nucleótidos se forma un codón incluyendo los de iniciación y terminación se divide $336/3=112$.

c. 168

d. 111

e. cualquier valor ≤ 111

f. ninguna de estas opciones

7. Se usa un ARNm sintético de secuencia repetitiva 5'-CACACACACACACAC... en un sistema sintetizador de proteínas, en ausencia de células. Asumiendo que la síntesis de proteínas pueda comenzar sin la necesidad de un codón de iniciación, ¿qué producto o productos pueden esperarse tras la síntesis de proteínas?

3' GUG-UGU-GUG-UGU-GUG-UG.. val-cys-val-cys-val-...

8. Bajo condiciones donde la metionina debe ser el primer aminoácido:

a. ¿Qué proteína estará codificada por el siguiente ARNm?

Met-Arg-His-Tyr-Lys

La iniciación comienza con el codón de la metionina, 5'-AUG. Leyendo en grupos de tres proporciona CGC para arginina, CAU para histidina, UAU para tirosina, AAG para lisina y UGA, un codón de terminación que libera el péptido.

b. ¿Cuál es la secuencia de la hebra de ADN que codifica para este ARNm?

5' -CCUCAUAUGCGCCAUAUAAGUGACACACA-3'

3' -GGAGTATACGCGGTAATATTCACCTGTGTGT-5'

c. ¿Cuál es la secuencia de la hebra de ADN molde sobre la que se sintetiza este ARNm?

5' -CCUCAUAUGCGCCAUAUAAGUGACACACA-3'

5' -TGTGTGTCACTTATAATGGCGCATATGAGG-3'

9. ¿Qué entiende por epigenética? Explique brevemente.

10.1

La epigenética resulta de la transmisión de información que no depende de secuencias de las bases nitrogenadas del ADN a través de la meiosis o mitosis. La información epigenética modula, por tanto, la expresión de los genes sin alterar la secuencia de ADN. Los patrones de metilación de ADN son los mejor estudiados y entendidos como marcadores de fenómenos epigenéticos.

El epigenoma es la información epigenética global de un organismo. Los tres principales tipos de información epigenética son:

- Metilación de la citosina del ADN: es un cambio en el ADN, en la que un grupo metilo es transferido desde S-adenosilmetionina a una posición C-5 de citosina por una ADN-5 metiltransferasa. La metilación del ADN ocurre, casi exclusivamente, en dinucleótidos CpG, teniendo un importante papel en la regulación de la expresión del gen, mediante la hipermetilación o hipometilación.
- Impronta genética: La impronta se manifiesta solo en organismos superiores. Cuando hablamos de "imprinting", nos referimos a genes que pueden modificar su funcionamiento sin necesidad de un cambio en la secuencia del ADN. Este cambio en su forma de manifestarse que tienen los genes "improntados" está generalmente ligado a su origen parental. Un gen impregnado se manifiesta de una manera cuando su origen es paterno y de otra cuando proviene del gameto materno. Parece ser que existe un mecanismo celular que de algún modo "marca" o deja una impronta sobre todos los genes "improntables" de acuerdo al sexo del individuo.
- Modificación de histonas: incluye acetilación, metilación y fosforilación. También hay que indicar que la célula no puede sintetizar los orgánulos "de novo"; por ello, además de la información que contiene el ADN, una célula necesita información epigenética en forma de al menos una proteína característica en la membrana del orgánulo que se quiera sintetizar. Esta información se transmite desde la membrana del padre a la de la progenie en forma del propio orgánulo.

Sin embargo, al nombrar estos mecanismos, hay que recordar que "indirectamente", al analizar el origen de cada proceso en sí mismo, aún están involucrados los genes (como por ejemplo los genes de la enzima ADN-metiltransferasa, histonas, etcétera) y, por ende, también indirectamente están involucrados los cambios genéticos (como mutaciones) que puedan sufrir estos genes, o sobre los genes en que actúan. Del mismo modo, aunque las modificaciones epigenéticas no implican en el proceso un cambio en la secuencia de nucleótidos del ADN, sino que consisten en un cambio en la expresión de los genes, la selección natural igualmente, a partir del resultado biológico de dicha expresión de genes, actuará sobre el proceso epigenético y sobre el organismo que lo manifiesta.

10. Explique brevemente cual es la importancia de la diferenciación celular.

La diferenciación celular es el proceso por el que las células adquieren una forma y una función determinada. La morfología de las células cambia notablemente durante la diferenciación, pero el material genético o genoma permanece inalterable, con algunas excepciones.

Por este mecanismo una célula no especializada se especializa en numerosos tipos celulares. Su importancia radica en que sin la diferenciación no habría tejidos ni órganos especializados en realizar una función, dado a que todas las células serían iguales.

Permite que la célula realice determinados procesos y cumpla ciertas funciones. De este modo también da lugar a que un tejido se encargue de determinadas funciones, diferentes a las de otros tejidos y los procesos a nivel sistémico sean más eficientes y regulables.

Cuando se pierde la diferenciación celular las células se dividen sin ningún control y se desarrolla cáncer, ya que son células que no pueden cumplir con su labor o han perdido su regulación.



Tema 2 – Introducción a la Bioinformática

Introducción a la Bioinformática – Docente: Danilo Ceschin



Integrantes:

- Araujo ,Iliana
- Andres Cabana ,Manuel
- Cabral ,Camila
- Caceres ,Martin

1. Breve línea histórica a lo largo de algunos eventos biológicos o informáticos:

1646: Blaise Pascal inventa una máquina ("La Pascalina") capaz de hacer adiciones y sustracciones para ayudar a su padre, un recaudador de impuestos en Rouen.

1673: Gottfried Wilhelm von Leibniz construye una máquina que realiza automáticamente adiciones, restas, multiplicaciones y divisiones.

1796: El médico británico Edward Jenner inventó la primera vacuna contra la viruela.

1812: Charles Babbage, profesor de matemáticas, realiza los planos para una máquina capaz de ejecutar cualquier secuencia de cálculos a través de ruedas dentadas que se activan siguiendo instrucciones leídas de una tarjeta perforada.

1840: Ada Lovelace, matemática, define el principio de sucesivas interacciones en la ejecución dentro una operación. En honor del matemático árabe Al Khwarizmi (820), nombra el proceso lógico de ejecución de un programa: algoritmo.

1854: George Boole establece los axiomas y las reglas del álgebra "Booleana" (de Boole), base de la aritmética binaria utilizadas por las computadoras.

1858: primer cable telegráfico transatlántico.

1866: Gregor Mendel publica sus leyes de herencia a partir de estudios realizados en arvejas.

1896: Herman Hollerith crea la máquina "Tabulating" y funda una empresa, que se convertirá en IBM.

1901: De Vries redescubre experimentalmente las leyes de Mendel y publica "La teoría de la mutación".

1903: Walter S. Sutton (1903) y Boveri (1904) proponen por primera vez asociar los genes al cromosoma convirtiéndose de esta manera en los soportes hereditarios.

1909: Wilhem Johannsen denomina "genes" a las partículas de herencia propuestas por Mendel luego redescubierto por De Vries.

Archibald Garrod propone la relación de una enzima con un gen para el estudio de una anomalía del metabolismo humano: alcaptonuria (deficiencia de la oxidasa del ácido homogentísico en la vía del catabolismo de la tirosina).

1913: Thomas Morgan y Alfred Sturtevant publican el primer mapa genético de Cromosoma X

con la posición respectiva de 3 genes evaluados por el porcentaje de recombinación (fenómeno de entrecruzamiento).

1915: Thomas Morgan publica con Sturtevant, Muller y Bridge: "El mecanismo de Herencia mendeliana"

1927: Hermann Muller desarrolla la inducción artificial de mutaciones por rayos X.

1928: Fred Griffith hace el primer experimento de la transformación bacteriana.

1930: Georges Stibitz construye un sumador binario, llamado "Calculadora de números Complejos", basado en las ideas de Georges Boole.

1931: Konrad Zuse construye, el Z1: primera computadora digital electromecánica.

1935: Max Delbrück estudia un gen a través del efecto inducido por la radiación en él. Fundó el Grupo Phage, con Salvador Luria y Alfred Hershey, seis años más tarde.

1936: Alan Turing define el concepto de la máquina de Turing y de allí las nociones de funciones computables.

1940: Alan Turing logró descifrar el código Enigma utilizado por el Almirantazgo del Reich para comunicarse con los submarinos surcando el Atlántico.

1941: George Wells Beadle y Edward Tatum establecen la relación de un "gen-enzima" en *Neurospora crassa*.

1944: Oswald Avery demuestra con Colin McLeod y McLyn McCarthy que el ADN lleva la información genética responsable de la transformación bacteriana.

Erwin Schrödinger introduce la noción de programa y código genético. Howard Aiken finaliza la construcción de Mark I: la primera computadora electrónica con programa interno.

1946: El anuncio del Integrador Numérico Electrónico y Computadora (ENIAC) por J. Presper Eckert, marca el comienzo de la historia moderna de las calculadoras.

1947: El DOE (Agencia Federal para Programas Nucleares en los Estados Unidos) se involucra en la investigación genética.

John Mauchly, J.P. Eckert y John von Neumann están trabajando en el diseño de una computadora electrónica, EDVAC (Electronic Discret VArable Computer): primera calculadora con programa registrado. Es el descendiente directo de ENIAC (la capacidad de memoria es

1024 palabras de 44 bits).

1948: Claude Shannon publica "Una teoría matemática de la comunicación" y está en el origen de la teoría de la información).

1949: John Mauchly presenta "Short Order Code", el primer lenguaje de programación.

EDSAC (computadora automática de almacenamiento de retardo electrónico): primera computadora digital y electrónica basada en la arquitectura de John von Neumann.

1950: Alan Turing publica la Prueba de Turing, para definir la IA (inteligencia artificial) de una máquina.

1951: William Shockley desarrolla el transistor.

Oficina de Estadísticas de EE. UU. Recibe la primera computadora automática UNIVAC (UNIVAC) (1000 instrucciones/s): primera computadora comercializada. Utiliza cintas magnéticas en reemplazo de tarjetas perforadas. (Memorias de UNIVAC)

1952: Alfred Day Hershey y Chase demuestran que los bacteriófagos inyectan su ADN en células hospedadoras (correlación entre ADN e información genética).

1953: James Watson, Francis Crick y Maurice Wilkins (premio Nobel) descubren la estructura doble hélice de ADN.

Inicio de IBM 650, la primera computadora "comercial".

1954: suicidio de Alan Turing: muere una manzana llena de cianuro, siguiendo una acusación por "costumbres controvertidas".

1956: Frédérick Sanger establece la secuencia de aminoácidos de la insulina.

Vernon Ingram muestra que una mutación relacionada con una alteración hereditaria de la hemoglobina que es traducida a un cambio de un solo aminoácido en la proteína.

Creación de FORTRAN, el primer lenguaje de procedimiento de alto nivel, por John Backus y al. IBM.

1959: anuncios de IBM 1401 (toda a transistores).

1960: DEC presenta PDP1, la primera computadora comercial con una pantalla y un teclado.

1961: Marshall Nirenberg y J. Heinrich Matthaei descifran el código genético.

1962: Atlas, Manchester University, primera máquina con memoria virtual.

1964: anuncio de IBM/360: computadora de 3ra generación.

CDC 6600 de Seymour Cray, primer supercomputador (9 MFLOPS: 9 millones de operaciones por segundo).

1965: Jacques Monod, François Jacob y André Wolf (Premio Nobel) descubren los mecanismos de regulación genética involucrados en el dogma central de la biología molecular, originalmente declarado por Crick.

Teoría del reloj molecular (Zuckerandl y Pauling).

Atlas de secuencias de proteínas: primera compilación de proteínas (M. Dayhoff, Georgetown).

PDP8 (procesador de datos programado) de DEC: 1ra mini computadora distribuida masivamente (> 50000 copias).

1967: "Construcción de árboles filogenéticos" (Fitch y Margoliash).

Inicio de circuitos integrados CMOS (ver también: circuitos integrados lógicos).

1968: Anuncio de Seymour Cray del CDC 7600 (40 MFLOPS: 40 millones de operaciones por segundo).

1969: Primeras interconexiones ARPANET (red).

1970: Programa de alineación global de secuencias (algoritmo de Needleman & Wunsch).

Ken Thompson y Dennis Ritchie desarrollan UNIX en Bell Laboratories.

1971: anuncio del microprocesador INTEL 4004: primer microprocesador.

1972: Clonación de fragmentos de un plásmido bacteriano en el genoma del virus SV40 (Paul Berg, David Jackson, Robert Symons)

Anuncio de Cray 1, creado por Seymour CRAY: primer superordenador de arquitectura vectorial.

1973: descubrimiento de enzimas de restricción.

Obtención de un método confiable de transfección (introducción de ADN extraño) de células

eucariotas a través de un virus (vector). (Franck Graham y Alex Van der Eb).

Desarrollo de Xerox ALTO después de la investigación iniciada en 1970. Este prototipo, pensado para convertirse en la oficina del futuro, es el primero en introducir la idea de ventanas e Iconos que se pueden administrar con un "mouse". Solo se introducirá en el mercado en 1981 bajo el nombre de Star 8010 que quedará en una falla comercial total.

1974: Creación de un Comité sobre ADN recombinante, presidido por Paul Berg (Universidad de Stanford, Calif.), haciendo un llamamiento a la comunidad científica para una recopilación de los experimentos de recombinación genética

Programa de predicción de estructura secundaria de proteínas (Chou y Fasman).

1975: MITS Altair 8080: primera computadora personal (comercializada como un kit).

Asilomar International Conference (California), organizado por Paul Berg y sus colegas sobre el riesgo genético

Desarrollo de la técnica "Southern blot"

1976: The Cray 1 llega a 138 MFLOPS (138 millones de operaciones por segundo).

1977: Frédérick Sanger desarrolla el método de Sanger de secuenciación.

Primer conjunto de programas en análisis de secuencia (Staden).

Creación de Apple Computer (Apple II) y Microsoft.

1978: desarrollo de experimentos de mutagénesis dirigida. (Michael Smith)

Secuenciación del primer genoma de ADN, bacteriófago phiX174 (5386 pb) (Frederick Sanger)

Anuncio del VAX 11/780: primera súper mini computadora.

1979: comienzo de USENET, intercambios de correo electrónico y grupos de noticias.

1980: David Botstein y Ronald Davis introducen marcadores moleculares, que incluyen RFLPs.

Desarrollo de la técnica de FISH (hibridación cromosómica in situ), técnica particularmente útil en la construcción de bibliotecas genómicas (identificación de un fragmento ADN en un cromosoma)

Creación del banco EMBL: biblioteca general europea de secuencias de ácidos nucleicos creado

en Heidelberg y financiado por EMBO (European Molecular Biology Organization). Ahora es mantenido por el EBI (European Bioinformatics Institute, Cambridge, Reino Unido)

1981: IBM-PC (8088), 16-32kb: primer IBM-PC (PC-DOS)

Programa de alineación de secuencia local (algoritmo de Smith y Waterman)

Extensión del algoritmo de Needleman y Wunsch al problema de búsqueda de similitud local.

Nacimiento del primer animal transgénico (un ratón) (Franck H. Ruddle y John W. Gordon)

Descubrimiento de oncogenes humanos.

1982: Creación del banco Genbank: banco general estadounidense de secuencias, creado por IntelliGenetics y mantenido hoy por NCBI (National Centro de Información Biotecnológica, Los Álamos, EE. UU.).

Anuncio de Internet (TCP / IP).

1983: Barbara McClintock descubre los elementos genéticos móviles (transposones) en plantas. Disco duro IBM-XT (10 Mbytes = 10 Mbytes).

1984: Desarrollo de la reacción en cadena de polimerasa (PCE) por Mullis: herramienta convertida en indispensable en la investigación aplicada y básica: secuenciación genómica y mapeo, diagnóstico genético, análisis de expresión génica, ...

Creación del banco NBRF: banco general estadounidense de secuencias de proteínas creado por la NBRF (Fundación Nacional de Investigación Biomédica).

Comercialización de LISA y el primer Macintosh

1985: ACNUC, uno de los primeros softwares de búsquedas de secuencias en bases de datos, fue desarrollado y es mantenido en Lyon.

Programa Fasta (Pearson-Lipman): búsqueda rápida de alineaciones locales en un banco de secuencias.

Publicación del primer artículo que informa el uso de PCR.

Nace por primera vez la idea de descifrar los tres mil millones de bases del genoma humano en la Imperial Cancer Research (ICR) de Londres.

1986: creación del banco DDBJ: biblioteca general japonesa de secuencias de ácidos nucleicos

creado por la NIG (Instituto Nacional de Genética, Japón).

Creación de SwissProt bank: biblioteca general de secuencias de proteínas creadas en la Universidad de Ginebra y mantenido desde 1987 como parte de una colaboración entre esta universidad (a través de ExPASy, Expert Protein Analysis System) y EBI.

DOE propone que los centros del genoma aborden la secuenciación del genoma humano

Clonación del gen responsable de la distrofia muscular de Duchenne

1987: Realización y comercialización del primer secuenciador automatizado por la empresa Applied Biosystems (California).

Desarrollo de un nuevo vector: el YACE (Cromosoma Artificial de levadura), el primero vector que permite clonar fragmentos de ADN 20 veces más grandes que los plásmidos usado hasta entonces.

Publicación del primer mapa genético del genoma humano (muy incompleto)

Aparición de la tecnología de microarrays de ADN

1988: Creación del proyecto HUGO (Human Genome Organization) para coordinar los esfuerzos mapeo y secuenciación realizados en todo el mundo y evitar la duplicación.

1989: INTERNET deriva de ARPANET y BITNET.

Descubrimiento de marcadores de microsatélites.

Descubrimiento del sistema doble híbrido que permite estudiar en células de levadura (o de Escherichia coli) la interacción entre dos proteínas híbridas fusionadas a factores de transcripción.

1990: Blast Program (Altschul et al.): Búsqueda rápida de alineaciones locales en base de datos de secuencias..

Primera prueba de terapia genética.

Tim Bernes-Lee desarrolla el prototipo de la WEB.

1991: programa Grail (Mural et al.): Localización de genes.

1992: Fundación del Centro de Investigación SANGER por parte del Welcome Trust y el British Medical Research Concil (Cambridge, Reino Unido). Es el centro más productivo de los institutos

de secuenciación públicos.

Publicación del segundo mapa genético del genoma humano a partir de 814 fragmentos genómicos

1993: Etzold y Argos crean SRS, software de consulta multibanco accesible en la web

1994: Publicación del cuarto mapa genético del genoma humano preparado a partir de 2066 fragmentos genómicos.

Netscape Navigator supera a los navegadores disponibles Lynx y NCSA.

1995: Secuenciación de la primera bacteria, *Haemophilus influenzae* (1.83 Mb) (Fleischmann). La Secuenciación Capilar llevó a aumentar el rendimiento de los laboratorios en un factor de diez entre 1995 y finales de 1997, y un nuevo factor de diez a fines de siglo.

1996: Secuenciación del primer genoma eucariota, *Saccharomyces cerevisiae* (12 Mb) (Dujon).

1998: Secuenciación del primer organismo multicelular, *Caenorhabditis elegans* (100 Mb).

2000: Secuenciación del primer genoma de la planta, *Arabidopsis thaliana*

ASCI White (RS / 6000): IBM crea la primera supercomputadora que supera los 10 TERAFLIPS (diez mil millones de operaciones por segundo).

2001: anuncio del genoma humano casi completo: el trabajo de la empresa privada estadounidense Celera Genomics y el proyecto de genoma público internacional HGP (por Human Research Project) se ponen disponibles en los sitios web de las revistas "Science" y "Nature".

2001: Uno de los mayores logros científicos registrados en el año 2001 fue la fuerte irrupción de la **nanotecnología**. La Real Academia Española la define como la "tecnología de los materiales y de las estructuras en la que el orden de magnitud se mide en nanómetros, con aplicación a la física, la química y la biología".

Esta tecnología tiene aplicaciones múltiples en el campo, entre otros, de la electrónica, la biología o la medicina. En este último, las posibilidades son infinitas. En medicina regenerativa, por ejemplo, la idea es conseguir algún día liberar células o pequeños tejidos en órganos enfermos para que éstos puedan ser reparados.

2003: La creación de NGS (Next Generation Sequencing); plataformas que ofrecen el desarrollo masivo de secuencia paralela y permiten a millones de fragmentos de la DNA ser ordenado

simultáneamente. Usando esta tecnología, los investigadores pueden lograr secuenciar un genoma entero en apenas un día.

Las plataformas de NGS logran la secuencia en maneras diferentes, pero varias de las plataformas más de uso general se basan en una metodología similar, que implica la preparación del patrón, seguida por la secuencia y el análisis de la proyección de imagen y, finalmente, de datos.

2004: Hallan el material más delgado del mundo: el grafeno

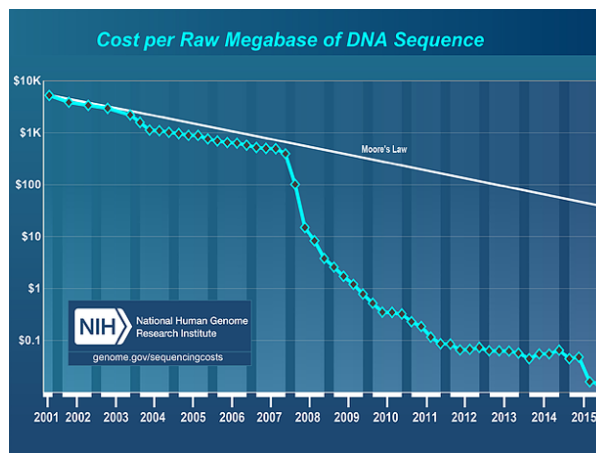
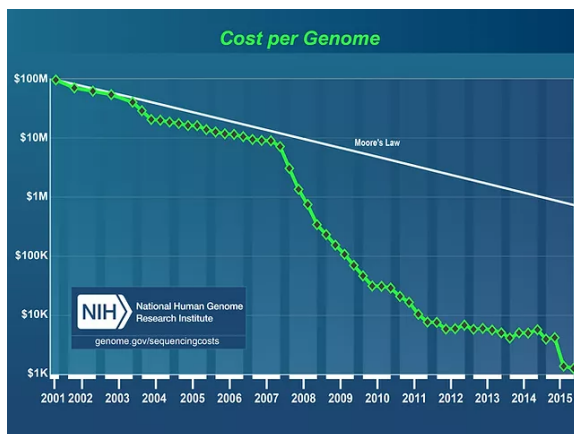
Transparente, flexible, resistente, conductor de electricidad... estas son algunas de las virtudes del grafeno, el material más delgado y resistente del mundo que fue descubierto casi de rebote (como otros muchos hallazgos de la ciencia) en 2004. Estudiando las capas de grafito que normalmente se desechan, el físico Andre Geim, de la Universidad de Manchester, y el entonces estudiante de doctorado Konstantin Novoselov, hallaron monocapas cristalinas de grafito (léase grafeno) cuyas virtudes han supuesto una revolución en la física de los materiales.

Investigadores de las universidades de Sassari y Roma Tor Vergata (Italia), el CNRS francés y otros centros europeos han retratado en laboratorio las complejas interacciones entre el óxido de grafeno y quince tipos de células de nuestro sistema inmunitario, como los linfocitos T, leucocitos, monocitos, células NK y células dendríticas. Este es un punto de partida para desarrollar plataformas biomédicas basadas en este material a escala nanométrica, como nuevas inmunoterapias, portadores de vacunas y nanoadyuvantes.

2004: La **Ley de Moore** expresa que aproximadamente cada dos años se duplica el número de **transistores** en un **microprocesador**. no es una ley en el sentido científico, sino más bien una observación, y ha sentado las bases de grandes saltos de progreso.

En 2004 la industria de los semiconductores produjo más transistores (y a un costo más bajo) que la producción mundial de granos de arroz, según la **Semiconductor Industry Association** (Asociación de la Industria de los Semiconductores) de los Estados Unidos.

Esto produjo la disminución en los costos así como la secuenciación masiva, actualmente se puede secuenciar un genoma con 1000 dolares.



2007: Los cambios en el almacenamiento fueron una necesidad se creó una base de datos como the European Nucleotide Archive and the Sequence Read Archive (SRA) fueron creadas para organizar y almacenar esta gran cantidad de datos, el SRA desde su creación en el 2007 hasta el momento contiene 4 petabases (4×10^{15} bases), la mitad de acceso abierto. Esta base de datos presenta el desafío de la gran cantidad de datos recientemente se produjeron cambios especialmente en tecnología y el crecimiento de la posibilidad de datos en la nube o en red.

2009: Bowtie Ultrafast and memory-efficient alignment of short DNA sequences to the human genome

2013: STAR: ultrafast universal RNA-seq aligner

2018: The Cancer Genome Atlas (TCGA), a landmark **cancer genomics** program, caracterizó molecularmente más de 20,000 cánceres primarios y comparó con muestras normales 33 tipos de cáncer. Este esfuerzo requirió el trabajo entre National Cancer Institute y National Human Genome Research Institute comenzó en el 2006, fue publicado en 2018.

2. Busque definiciones para “Bioinformática”. Defina cuál le parece la más válida, ¿Por qué?

"La bioinformática es un área de investigación y desarrollo interdisciplinario y transversal que se encuentra en la intersección entre las ciencias de la vida y las tecnologías de la información y las comunicaciones. En ella confluyen distintas disciplinas como la biología, la genética, las matemáticas aplicadas, la estadística, las ciencias computacionales, la inteligencia artificial, la química y la bioquímica. Está orientada, principalmente, al desarrollo de métodos computacionales para resolver problemas prácticos y teóricos derivados de la gestión, almacenamiento, extracción, manipulación, análisis y distribución de la información biológica."

Fuente: [<https://www.ucc.edu.ar/noticiasucc/bioinformatica/>]

"La Bioinformática es una subdisciplina de la biología y las ciencias computacionales que se encarga de adquirir, almacenar, analizar y diseminar la información biológica, en gran parte correspondiente a las secuencias de ADN y aminoácidos. La Bioinformática usa programas informáticos que tienen muchas aplicaciones, como por ejemplo: determinar las funciones de genes y proteínas, establecer relaciones evolutivas y predecir la conformación tridimensional de las proteínas."

Fuente:[<https://www.genome.gov/es/genetics-glossary/Bioinformatica>]

"La bioinformática es un área emergente interdisciplinaria que se ocupa de la aplicación de la informática a la recopilación, almacenamiento, organización, análisis, manipulación, presentación y distribución de información relativa a los datos biológicos o médicos, tales como macromoléculas (por ejemplo DNA o proteínas).

Ha evolucionado para servir de puente entre las observaciones (datos) y el conocimiento que se deriva (información) sobre, por ejemplo, la función de los procesos y, posteriormente, la aplicación (conocimiento)."

Fuente:[http://bioinformatica.uab.cat/genetica_tfg/bioinformaticaabast/Qu%C3%A9_es.html]

"Bioinformática es una disciplina científica emergente que utiliza tecnología de la información para organizar, analizar y distribuir información biológica con la finalidad de responder preguntas complejas en biología. Bioinformática es un área de investigación multidisciplinaria, la cual puede ser ampliamente definida como la interfase entre dos ciencias: Biología y Computación y esta impulsada por la incógnita del genoma humano y la promesa de una nueva era en la cual la investigación genómica puede ayudar dramáticamente a mejorar la condición y calidad de vida humana.

Avances en la detección y tratamiento de enfermedades y la producción de alimentos genéticamente modificados son entre otros ejemplos de los beneficios mencionados más frecuentemente. Involucra la solución de problemas complejos usando herramientas de sistemas y computación. También incluye la colección, organización, almacenamiento y recuperación de la información biológica que se encuentra en base de datos."

" Según la definición del Centro Nacional para la Información Biotecnológica "National Center for Biotechnology Information" (NCBI por sus siglas en Inglés, 2001):

"Bioinformática es un campo de la ciencia en el cual confluyen varias disciplinas tales como: biología, computación y tecnología de la información. El fin último de este campo es facilitar el descubrimiento de nuevas ideas biológicas así como crear perspectivas globales a partir de las

cuales se puedan discernir principios unificadores en biología. Al comienzo de la "revolución genómica", el concepto de bioinformática se refería sólo a la creación y mantenimiento de base de datos donde se almacena información biológica, tales como secuencias de nucleótidos y aminoácidos. El desarrollo de este tipo de base de datos no solamente significaba el diseño de la misma sino también el desarrollo de interfaces complejas donde los investigadores pudieran acceder los datos existentes y suministrar o revisar datos

Luego toda esa información debía ser combinada para formar una idea lógica de las actividades celulares normales, de tal manera que los investigadores pudieran estudiar cómo estas actividades se veían alteradas en estados de una enfermedad. De allí viene el surgimiento del campo de la bioinformática y ahora el campo más popular es el análisis e interpretación de varios tipos de datos, incluyendo secuencias de nucleótidos y aminoácidos, dominios de proteínas y estructura de proteínas.

El proceso de analizar e interpretar los datos es conocido como biocomputación. Dentro de la bioinformática y la biocomputación existen otras sub-disciplinas importantes:

El desarrollo e implementación de herramientas que permitan el acceso, uso y manejo de varios tipos de información

El desarrollo de nuevos algoritmos (fórmulas matemáticas) y estadísticos con los cuales se pueda relacionar partes de un conjunto enorme de datos, como por ejemplo métodos para localizar un gen dentro de una secuencia, predecir estructura o función de proteínas y poder agrupar secuencias de proteínas en familias relacionadas."

Fuente: [<https://www.solociencia.com/biologia/bioinformatica-concepto.htm>]

"Ciencia que trata del uso de computadoras, bases de datos, matemáticas y estadísticas para reunir, almacenar, organizar y analizar grandes cantidades de información biológica, médica y de salud. La información se obtiene de muchas fuentes, incluso estudios de investigación genética y molecular, estadísticas sobre pacientes, muestras de tejido, ensayos clínicos y revistas científicas. También se llama biología computacional."

Fuente: [<https://www.cancer.gov/espanol/publicaciones/diccionario/def/bioinformatica>]

La bioinformática es la disciplina que surge de la interacción entre la biología, estadística y ciencias de la computación tiene como objetivo el manejo y análisis de grandes volúmenes de datos, principalmente provenientes de la biología molecular como la genómica, proteómica, metabolómica desde el advenimiento de las nuevas técnicas de secuenciación mediante el desarrollo de algoritmos computacionales y software para el análisis de datos.

Fuente:[LibroBIOINFORMTICA2010.pdf]

Todas las definiciones son válidas ya que reflejan en sí los conceptos principales de la relación entre la biología y la tecnología, en la última definición se resume con mayor precisión. La bioinformática, permite analizar e interpretar grandes volúmenes de datos que luego pueden ser aplicados en ciencias como la medicina, agronomía, industria farmacéutica, gobiernos, etc.

En bioinformática se desarrolla una pregunta, se generan o consiguen los datos, se desarrollan herramientas computacionales para encontrar patrones y resolver la pregunta, interpretan los datos y comunican los resultados para ser aplicados en otras disciplinas, nos ayuda a entender cómo funciona la vida.

3. Desarrolle brevemente a que se refieren los siguientes bloques temáticos de la Bioinformática:

a. Organización de la Información : organiza los datos permitiendo a los investigadores acceder a la información existente y publicar nuevos datos a medida que éstos se ^{25.1} producen. Cabe señalar que la información almacenada en estas bases de datos es inservible hasta que se analiza. Por lo tanto, la curación de datos es una tarea esencial realizada por la bioinformática.

b. Acceso a la Información: Los investigadores acceden a la información existente y publican nuevos datos a medida que éstos se producen.

c. Algoritmos : Es el método que describe la solución de un problema computacional mediante una serie de pasos precisos, definidos y finitos. Si se utilizase un algoritmo como el de Smith y Waterman para alinear una secuencia de N letras con una base de datos de M letras se necesitan NxM comparaciones.

d. Búsqueda de secuencias: Un alineamiento de secuencias en bioinformática es una forma de representar y comparar dos o más secuencias o cadenas de ADN, ARN, o estructuras primarias proteicas para resaltar sus zonas de similitud o diferencias, que podrían indicar relaciones funcionales o evolutivas entre los genes, así como mutaciones.

e. Genómica: La genómica es un campo interdisciplinario de la ciencia dentro del campo de la biología molecular. Un genoma es un conjunto completo de ADN dentro de una sola célula de un organismo, y como tal, la genómica se enfoca en la estructura, función, evolución y mapeo de los genomas. ✓

f. Transcriptómica :El transcriptoma es el conjunto de todas las moléculas de ARN (también llamadas transcritos) presentes en una célula o grupo de células en un momento determinado. ✓

g. Proteómica :Es el estudio a gran escala de las proteínas, en particular de su estructura y función. El término proteómica fue acuñado en 1997 como una analogía con genómica, el estudio de los genes. ✓

h. Metabolómica: La metabolómica está llamada a complementar la información bioquímica obtenida de los genes y las proteínas, facilitando las reconstrucciones genómicas actuales del metabolismo y mejorando nuestra comprensión de la biología celular y fisiología de diferentes sistemas biológicos. ✓

i. Análisis de Imágenes: Los sistemas de análisis de imagen modernos aumentan la capacidad del observador para realizar mediciones de un conjunto grande o complejo de imágenes, mediante la mejora de la precisión , la objetividad , o la velocidad. Un sistema de análisis totalmente desarrollado puede sustituir por completo al observador. Aunque estos sistemas no son exclusivos de las imágenes biomédicas, las imágenes biomédicas son cada vez más importantes tanto para el diagnóstico como para la investigación. ✓

j. Visualización de Imágenes : Poder obtener un análisis visual o una imagen de los datos que se quiere analizar, para que el trabajo sea más placentero y permite entender del todo, lo que estaría pasando. ✓

k. "Data Mining":es un campo de la estadística y las ciencias de la computación referido al proceso que intenta descubrir patrones en grandes volúmenes de conjuntos de datos. Utiliza los métodos de la inteligencia artificial, aprendizaje automático, estadística y sistemas de bases de datos. El KDD es el proceso completo de extracción de conocimientos, no trivial, previamente desconocidos y potencialmente útil a partir de un conjunto de datos, mientras que «la minería de datos es una compilación de técnicas reunidas para crear mecanismos adecuados para la toma de decisiones. ✓

l. Búsqueda de patrones: se busca segmentos con propiedades específicas. ✓

m. Modelado : se usa para predecir la estructura de una proteína una vez conocida la

estructura de una proteína homóloga. Esta es, actualmente, la única vía para predecir estructuras de proteínas de una manera fiable.

n. Simulación : La simulación computacional puede modelar cosas tales como dinámica poblacional, o calcular la mejora del acervo genético de una variedad (en agricultura), o la población amenazada (en biología de la conservación). Un potencial muy excitante en este campo es la posibilidad de preservar las secuencias completas del ADN, o genomas, de especies amenazadas de extinción, permitiendo registrar los resultados de la experimentación genética de la Naturaleza in silico para su posible reutilización futura, aún si tales especies fueran finalmente perdidas. ✓

o. "System Biology" : La biología de sistemas es el análisis y modelado computacional y matemático de sistemas biológicos complejos . Es un campo de estudio interdisciplinario basado en la biología que se centra en interacciones complejas dentro de los sistemas biológicos, utilizando un enfoque holístico (holismo en lugar del reduccionismo más tradicional) para la investigación biológica. Cuando atraviesa el campo de la teoría de sistemas y los métodos matemáticos aplicados , se convierte en el subrama de la biología de sistemas complejos. ✓

4. A partir de los puntos anteriores. Explique brevemente cómo se relacionan la biología con la bioinformática.

La biología es la ciencia básica que provee los datos a la bioinformática para desarrollar su campo de acción, una depende de la otra para entender cómo trabaja la vida, esto surge desde la posibilidad de conocer la información que lleva cada ser vivo en su interior y el bioinformático ayuda al biólogo a comprender esta información sirviendo de puente hacia las ciencias aplicadas como agronomía, farmacia, medicina, etc. El trabajo desarrollado es multidisciplinario y permite crear mejores condiciones de vida para las poblaciones uniendo el trabajo de la ciencias básicas y aplicadas que históricamente caminaban en caminos paralelos ahora tienen un puente de unión. ✓

5. ¿La bioinformática solamente conjuga disciplinas como la Biología y la Informática?. Enuncie todas las disciplinas, explicando brevemente por qué y en que nutren a la bioinformática.

La bioinformática conjuga disciplinas como la matemática aplicada, la estadística, la inteligencia artificial para el desarrollo de modelos predictivos, la química y la bioquímica en el desarrollo de medicamentos, Con la biología y la agronomía en la producción y estudio de alimentos, con la medicina en todas sus áreas analizando e interpretando los datos del genoma humano y como nexos hacia la medicina de precisión. ✓

Índice de comentarios

- 1.1 ¿Qué capítulos?
- 2.1 hay algunas porciones del genoma que se transcriben y dan lugar a transcriptos que no codifican para proteínas.
- 2.2 ?
- 4.1 T
- 10.1 No solamente transmisión, sino también regulación
- 25.1 Inservible es una palabra poco adecuada
- 27.1 Esa definición es aplicable para el modelado molecular. Por otra parte, se realiza modelado molecular no sólo de proteínas.