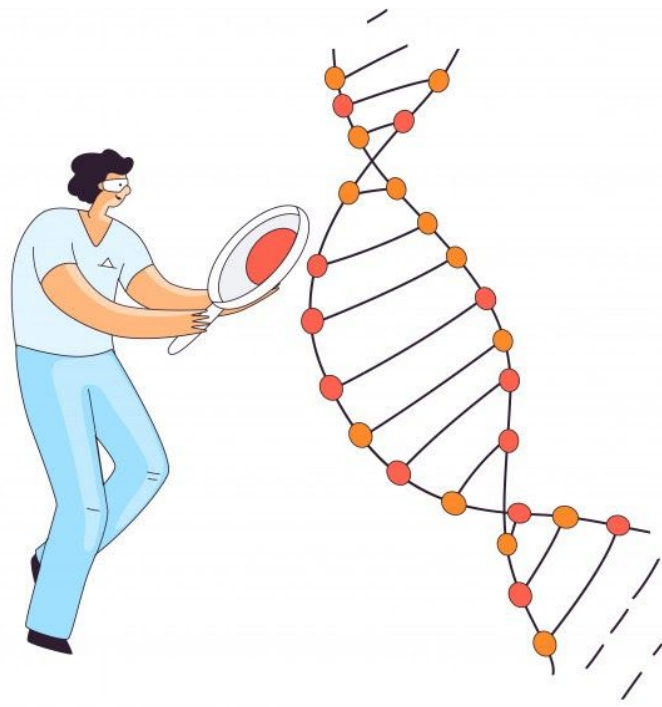


INTRODUCCIÓN A LA BIOINFORMÁTICA

Trabajo Práctico evaluativo

Profesor
Ceschin, Danilo Guillermo

Integrantes
Menel, Angelo
Nanfara, Nara
Navarro, Hernan
Paschini, Catalina



1. Línea del tiempo desde el 2001 en biología e informática

(1996): Instituto Roslin de Edimburgo, en Escocia, clonan al primer mamífero “Dolly”)

2000; Se publica el primer ensayo de terapia genética en la revista Science.

2001: Se introduce la nanotecnología. Los científicos fueron capaces ya de desarrollar componentes de computación de tamaño molecular

Se decodifica el ADN.

Surgen los sistemas operativos enfocados en el uso doméstico

Se crea Wikipedia, la primera enciclopedia online.

2002: Japón presenta la computadora más rápida del mundo hasta el momento.

2003: Se completa el Human Genome Project.

2004: Se libera el virus informático gusano Mydoom-A.

2006: Comienza el sitio web Youtube que permite compartir archivos de video en código html

2007: John Craig Venter descifró la secuencia completa de la bacteria *Haemophilus influenzae*.

Creó un cromosoma artificial a partir de los elementos químicos

Mario Capecchi, trabajando con células madre, manipuló la genética en modelos animales.

Comienzan el uso de las redes sociales masivas.

Surgen los ordenadores portátiles para consumo masivo los cuales tienen las mismas funcionalidades que los ordenadores de escritorio pero con ventaja de peso y tamaño reducido.

2008: Se confirma la existencia de agua en Marte

2009: Se publica en la revista Science describe al *Ardipithecus ramidus*

2010: un equipo de investigadores publicó el primer genoma casi completo de un *Homo sapiens* antiguo

Lanzamiento del iPad por INDIA. Esta tableta utilizaba el sistema operativo de linux lo que permite mayor libertad y opciones para elegir programas.

2011: Se crea la red de sensores, es una red de ordenadores, equipados con sensores que colaboran a una tarea común.

2012: Confirman la existencia de la partícula de Dios

2014: Surgen los smartphones que permiten navegar por internet.

2016: Un equipo de médicos anunció el nacimiento de un «bebé con tres progenitores» a partir del espermatozoides del padre, el núcleo celular de la madre y el óvulo de una persona donante al que extrajeron el núcleo. Esta investigación fue destinada a corregir las enfermedades de las mitocondrias maternas

2018: Un grupo de científicos que estudiaba el ADN prehistórico reveló que un hueso de 90 000 años pertenecía a una adolescente cuya madre era neandertal y cuyo padre fue denisovano, lo que la convierte en la primera humana híbrida prehistórica descubierta hasta la fecha.

El nacimiento de dos niñas cuyos genomas había editado con la técnica CRISPR, los primeros humanos nacidos con ediciones genéticas hereditarias.

Un equipo de científicos liderado por la ANU concluyó, gracias al análisis de estas moléculas de grasa, que Dickinsonia es el primer animal confirmado en el registro geológico,

2019: los científicos advirtieron que un cuarto de los grupos de plantas y animales se encuentran en peligro de extinción.

3.1

2020: surge el Covid-19 y comienza la búsqueda por su vacuna.

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

“La bioinformática gestiona y analiza datos biológicos mediante el tratamiento informático junto con los conocimientos del área de la biología.

La bioinformática está compuesta por el prefijo *bio-* que indica "vida". En este caso abarca el conocimiento de las ciencias biológicas cuyo objetivo es el estudio de las leyes que rigen la vida de los organismos. Por otro lado, la palabra informática se refiere al proceso automatizado de recolección y organización de datos.

También conocida como biología computacional, surge a partir del descubrimiento de la estructura del ADN por el biólogo James Dewey Watson (1928) y Francis Crick (1916-2004) en los años '50. De esta manera juntan oficialmente las tecnologías informáticas con las

ciencias biológicas, siendo la bioinformática esencial para la investigación genómica.”
<https://www.significados.com/bioinformatica/>

--

“La bioinformática es una disciplina que permite aplicar herramientas de la informática al estudio y la gestión de datos de la biología. En su campo interactúan diversas áreas del conocimiento como las ciencias de la computación, la estadística y la química.

La medicina hace uso de la información aportada por la bioinformática para desarrollar trabajos de investigación y mejorar las tareas de prevención, diagnóstico y tratamiento de dolencias y enfermedades. La bioinformática, en este marco, puede ser muy útil para el análisis de elementos de escala muy reducida, como las proteínas y los genes.

El desarrollo y la aplicación de recursos computacionales para el manejo de datos médicos o biológicos es el eje de bioinformática. Su finalidad es la creación de las herramientas que permitan obtener, almacenar, analizar y exhibir este tipo de datos.”
<https://definicion.de/bioinformatica/#:~:text=La%20bioinform%C3%A1tica%20es%20una%20disciplina.la%20estad%C3%ADstica%20y%20la%20qu%C3%ADmica.>

--

1- Bioinformática o Biología Molecular Computacional: investigación y desarrollo de la infraestructura y sistemas de información y comunicaciones que requiere la biología molecular y la genética (Redes y bases de datos para el genoma, análisis de microarrays, entre otros). (Informática aplicada a la biología molecular y la genética). La Bioinformática es el uso de las matemáticas y de las técnicas informáticas para resolver problemas biológicos, normalmente creando o usando programas informáticos, modelos matemáticos o ambos. Una de las principales aplicaciones de la bioinformática es la simulación, la minería de datos (data mining) y el análisis de los datos obtenidos en los proyectos genoma o el proteoma. Otras aplicaciones son el alineamiento de secuencias, la predicción de estructuras proteicas y las redes metabólicas.

2- Biología Computacional: computación que se aplica al entendimiento de cuestiones biológicas básicas, no necesariamente en el nivel molecular, mediante la modelización y simulación. (ecosistemas, modelos fisiológicos). (Informática y matemáticas aplicadas a la biología).

3- Biocomputación: desarrollo y utilización de sistemas computacionales basados en modelos y materiales biológicos. (Biochips, biosensores, computación basada en ADN, redes de neuronas, algoritmos genéticos).

Sin embargo para algunos autores o grupos que trabajan sobre este conocimiento consideran que no deberían plantearse diferencias y encuadrar este conocimiento en una ciencia definida como Bioinformática o Biología Computacional.

Arcila Quiceno, Víctor Hernán. Bio-informática un Campo por conocer. Revista Electrónica de Veterinaria REDVET®, ISSN 1695-7504, Vol. VII, nº 11

--

Consideramos que todas estas definiciones son válidas, sin embargo, optamos por descartar la última dado a que la bioinformática se destaca por su carácter interdisciplinario, y surgió de la necesidad de contar con personas especializadas en este matiz entre informática y biología; por lo que esta división de la bioinformática en 3 ramas diferenciadas nos parece innecesario dado a que por su naturaleza no cuenta con límites definidos con las otras disciplinas, sino más bien trata de fusionar y sus propiedades más ricas emergen de ésta fusión. Pese a esto el objeto de estudio y las actividades que realiza se encuentran muy claras, algo que escasea en muchas definiciones.



Respecto a las primeras dos, si bien ambas establecen la definición principal de la disciplina, tratan con enfoques diferentes que completan la información. De esta manera, la primera expone sobre la etimología de la palabra y el surgimiento de la misma con sus descubridores; y la segunda incluye las áreas de conocimiento y cómo interactúan.

3. Explicar a que se refieren los siguientes bloques temáticos de la bioinformática

a. Organización de la Información:

- ★ Se refiere a la creación y mantenimiento de bases y bancos de datos.



b. Acceso a la Información

- ★ Hace referencia a la capacidad de búsqueda de información en bases de datos.
- ★ También a la capacidad de explotarlas, como en el proceso de comparación de información con la de las bases de datos.



c. Algoritmia

- ★ Se refiere a la posibilidad de establecer algoritmos (conjunto de instrucciones o reglas definidas y no-ambiguas, ordenadas y finitas) que permitan

solucionar un problema, realizar un cómputo, procesar datos y llevar a cabo otras tareas, relacionados con búsqueda, alineamiento, etc.



d. Búsqueda de secuencias

- ★ El análisis de secuencias incluye búsqueda en las bases de datos, alineamiento de secuencias, descubrimiento de motivos y patrones en proteínas, predicción de genes y regiones promotoras, regulación, reconstrucción de relaciones evolutivas, ensamblaje de genomas y su comparación.
- ★ Resulta muy útil la programación dinámica, tal como la modelación y el análisis estadístico.



e. Genómica

- ★ La genómica tiene como objetivo la caracterización colectiva y la cuantificación de los genes, que dirigen la producción de proteínas con la ayuda de enzimas y moléculas mensajeras. La genómica también implica la secuenciación y el análisis de genomas.
- ★ En contraste con la genética, que se refiere al estudio de los genes individuales y sus roles en la herencia, la genómica utiliza la secuenciación de ADN de alto rendimiento y la bioinformática para ensamblar y analizar la función y la estructura de genomas completos.
- ★ Posee subáreas tales como la genómica funcional y la genómica comparativa (estudia las semejanzas y diferencias entre genomas de diferentes organismos para inferir cómo la selección natural ha actuado sobre las proteínas, ARN, y regiones reguladoras; la identificación de los mecanismos de la evolución del genoma eucariota es uno de los objetivos importantes de esta área.)



f. Transcriptómica

- ★ La Transcriptómica es el estudio del conjunto de ARN (ARNr, ARNt, ARNm, ARNi, miARN) que existe en una célula, tejido u órgano.
- ★ Se utilizan técnicas tales como microarreglos y secuenciación de ARN



g. Proteómica

- ★ Proteómica es el estudio a gran escala de las proteínas, en particular de su estructura y función
- ★ Este área de la bioinformática abarca la identificación de proteínas a partir de los datos de espectrometría de masas: estrategias (datos de huella peptídica, secuenciación de novo, organismos cuyo genoma está o no secuenciado, descripción de proteomas, estudios de expresión diferencial), algoritmos o motores de búsqueda, bases de datos (proteínas, DNA genómico, ESTs), predicción de funciones proteicas en proteínas de de función desconocida o con anotaciones no validadas, entre otras



- ★ La proteómica complementa la visión genómica con el entendimiento de la dinámica del genoma

h. Metabolómica

- ★ La metabolómica es el estudio científico de los procesos químicos que involucran metabolitos.
- ★ 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.
- ★ En metabolómica hay que usar múltiples plataformas y configuraciones analíticas que maximicen la cobertura del metaboloma analizado

i. Análisis de Imágenes

- ★ Actualmente, se usan tecnologías de computación para acelerar o automatizar completamente el procesamiento, cuantificación y análisis de grandes cantidades de imágenes biomédicas con alto contenido en información. Los modernos sistemas de análisis de imagen incrementan la habilidad del observador para realizar análisis sobre un amplio o complejo conjunto de imágenes, mejorando la precisión, la objetividad, o la rapidez. Un sistema de análisis totalmente desarrollado podría reemplazar completamente al observador.

j. Visualización de Imágenes

- ★ Abarca la manipulación de imagen de modo que las imágenes microscópicas obtenidas pueden ser reconstruidas, visualizadas y seccionadas.
- ★ Brinda mayores elementos visuales, como la visualización 3D y la inmersión virtual, que permiten mejorar la capacidad observacional, la comprensión de lo que se observa, y como resultado de ello, es posible la generación de hipótesis visuales que de otra forma no podrían haber sido obtenidas mediante simples observaciones microscópicas.

k. "Data Mining"

- ★ La minería de datos o exploración de datos es un campo 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.
- ★ consiste en extraer información de un conjunto de datos y transformarla en información útil y accesible para que pueda ser usada posteriormente.
- ★ Bioinformática implica aplicar la minería de datos a procesos biológicos.

l. Búsqueda de patrones

- ★ Se estudian distintos métodos para la búsqueda de patrones que permitan

detectar secuencias que, pese a un bajo grado de similitud, presentan regiones coincidentes, altamente conservadas, claves para descifrar una función común.

- ★ Altamente relacionado con la minería de datos dado a que esta constituye una técnica que está orientada hacia el descubrimiento de patrones o regularidades en estructuras de información, al igual que la búsqueda de conocimientos en base de datos.

m. Modelado

- ★ Un modelo es una representación simplificada de un sistema, elaborada para comprender, predecir y controlar el comportamiento de dicho sistema. El modelado como área de la bioinformática implica la representación de sistemas biológicos.
- ★ Además, herramientas bioinformáticas trabajan fundamentalmente con modelos abstractos de la información. En este sentido, tiene por objetivo la obtención de modelos conceptuales de la información cuya finalidad apunta a la construcción de sistemas de software bioinformáticos.

n. Simulación

- ★ La simulación es una técnica para analizar y estudiar sistemas complejos. Nos permite reunir información pertinente sobre el comportamiento del sistema porque ejecuta un ^{8.1} modelo computarizado.
- ★ La biología de sistemas implica el uso de simulaciones por ordenador de subsistemas celulares (tales como redes de metabolitos y enzimas que comprenden el metabolismo, caminos de transducción de señales, y redes de regulación genética), tanto para analizar como para visualizar las complejas conexiones de estos procesos celulares. La vida artificial o la evolución virtual tratan de entender los procesos evolutivos por medio de la simulación por ordenador de sencillas formas de vida (artificial)
- ★ Por ejemplo, el modelado molecular o simulación molecular es un término general que engloba métodos teóricos y técnicas computacionales para modelar, simular y predecir el comportamiento de las moléculas.

o. "System Biology"

- ★ La biología sistémica o biología de sistemas ^{8.2} es el campo de investigación interdisciplinaria de los procesos biológicos en el que las interacciones de los elementos, internos y externos, que influyen en el desarrollo del proceso se representan con un sistema matemático.
- ★ Este enfoque "holístico" o "global" permite comprender integradamente el funcionamiento de los sistemas (procesos) biológicos y profundizar en el entendimiento de cómo sus interacciones internas y con otros sistemas conllevan a la aparición (emergencia) de nuevas propiedades. Prácticamente cualquier proceso biológico puede ser objeto de estudio de la biología

sistémica.

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

La relación que existe entre biología y bioinformática es que la segunda resuelve preguntas, mediante ciencias de la computación y otras disciplinas, junto con metodologías para la extracción de información, sobre diferentes ramas de la biología.

Es acercamiento entre áreas, tanto para informáticos como para los profesionales de las ciencias biológicas, generando un espacio conceptual y un lenguaje en común, en el cual confluye el conocimiento científico y las herramientas tecnológicas. Es el cruce de dos mundos que se unen en la búsqueda de soluciones y en generar conocimiento científico, bien soportado estadísticamente, para poder confiar en las predicciones que uno puede llegar a hacer frente a determinados escenarios biológicos.

Se han planteado 3 acepciones en la cual, la biología y la informática se unen, y ellas son:

- Biología Molecular Computacional: uso de las matemáticas y de las técnicas informáticas para resolver problemas biológicos.
- Biología Computacional: computación que se aplica al entendimiento de cuestiones biológicas básicas, no necesariamente en el nivel molecular, mediante la modelización y simulación.
- Biocomputación: desarrollo y utilización de sistemas computacionales basados en modelos y materiales biológicos.

5. La Bioinformática solamente conjuga disciplinas como la biología y la informática ? Enuncie las disciplinas, explicando brevemente por qué y en que nutren a la Bioinformática

No, en ella confluyen otras disciplinas como la genética, las matemáticas aplicadas, la estadística, la inteligencia artificial, la química y la bioquímica.

- Matemática y Estadística: la informática utiliza modelos matemáticos y estadísticos para el procesamiento de los datos.
- Inteligencia Artificial: Implementada para el análisis clínico de enfermedades.
- Agronomía: genómica en plantas y búsqueda de enfermedades en los animales.
- Química: Quimioinformática, para el descubrimiento de nuevos fármacos.
- Medicina de precisión: el pronóstico y la mortalidad del cáncer.

→ Lingüística: para hacer análisis semánticos de bibliografía científica



Universidad Catolica de Cordoba

Facultad de Ingeniería

Córdoba, Argentina

Trabajo de Bioinformática


Introducción a la Bioinformática – Docente: Danilo Ceschin

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", 5ª 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 eucariotas poseen cromatina (con ^{12.1} ADN) englobada por una doble membrana, denominada envuelta nuclear, formando una estructura denominada núcleo. 

El sentido de la membrana nuclear es una doble membrana que delimita el núcleo de la célula. Sirve para separar los cromosomas del resto del contenido celular.

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 ^{12.2} lugar, debe duplicar su genoma para que cada célula hija contiene un juego completo de cromosomas.

Expresión: La expresión ^{13.1}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: El 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?

Puentes de hidrógeno, Hidrofóbicas, acetilo ????????

Se multiplica siempre de 3'a 5'

^{13.2}



La doble hélice es la descripción de la estructura de una molécula de ADN. Una molécula de ADN consiste en dos cadenas que serpentean una alrededor de la otra como una escalera de caracol. Cada cadena tiene una espina dorsal en la cual se alternan un azúcar (desoxirribosa) y un grupo fosfato. A cada azúcar se une una de las cuatro bases: adenina (A), citosina (C), guanina (G) o timina (T). Las dos cadenas se mantienen unidas por enlaces entre las bases nitrogenadas, adenina formando enlaces con la timina, y citosina con la guanina.

Las bases nitrogenadas (hidrofóbicas) se encuentran apiladas en el interior de la doble hélice, en planos perpendiculares a su eje. La parte exterior (grupos fosfato y azúcares) es hidrofílica.

Las bases de una de las cadenas o hebras están unidas mediante puentes de hidrógeno con las bases nitrogenadas de la otra cadena o hebra, uniendo ambas cadenas



-¿Qué es un gen? Es una Unidad de información básica.

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 un segmento corto de ADN. Los genes le dicen al cuerpo cómo producir proteínas específicas. Hay aproximadamente 20,000 genes en

cada célula del cuerpo humano. Juntos forman constituyen el material hereditario para el cuerpo humano y la forma como funciona.

En la secuencia del DNA el contenido codificante de un gen no está distribuido de forma continua a lo largo de dicho gen, sino que tiene discontinuidades, llamadas intrones, cuya secuencia no codifica proteínas. Las partes de la secuencia que codifican proteínas son los exones.

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)

$G+C=56\%$

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

$A+T=44\%$

$A=22\%$ Y $T=22\%$

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.

Falso: las bases ^{14.2}nitrogenadas siempre se presentan en pares con su respectiva base.

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.

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 un conjunto de 3 nucleótidos . Este conjunto forma la unidad básica del proceso de traducción del ARN. Existen 64 codones diferentes por las diferentes combinaciones de los cuatro nucleótidos. Un conjunto de codones definen un gen. (Corresponde a un aminoácido específico)

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

Un anticodón es la secuencia que complementa los codones. Estos son imprescindibles para el reconocimiento de los codones del ARN mensajero y, en consecuencia, para el proceso de síntesis proteica en todas las células vivas. El ADN tiene ciertos codones que determinan el inicio o fin de la traducción del ARN mensajero.

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.

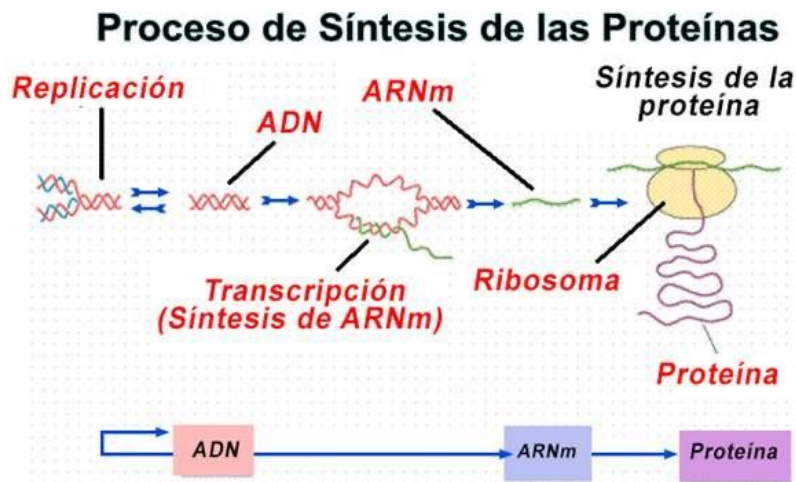
El ARN mensajero (ARNm) transmite la información genética almacenada en el ADN. Mediante el proceso conocido como transcripción, secuencias específicas de ADN son copiadas en forma de ARNm que transporta el mensaje contenido en el ADN a los sitios de síntesis proteica (los ribosomas).

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 cáncer, 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' -ATATGATCGTA-3'

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

c. 168

d. 111

e. cualquier valor ≤ 111

f. ninguna de estas opciones



PORQUE? 336 / 3 (códon) = 112

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?

Una proteína, con una secuencia de dos aminoácidos alternantes diferentes.

Dado que se ha supuesto que la iniciación puede proceder sin el codón AUG para la metionina, la traducción puede comenzar en cualquier lugar pero debe proceder en unidades de tres nucleótidos a partir del punto de inicio. Así, son codones posibles CAC, ACA, CAC, ACA independientemente del punto de iniciación. Dos codones pueden dar una proteína compuesta de dos aminoácidos alternantes

Poli(CA) codifica un polipéptido donde se alternan histidina y treonina.

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

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

/*El ARN mensajero (ARNm) es una molécula de ARN de cadena simple, complementaria a una de las cadenas de ADN de un gen. El ARNm es una versión del ARN del gen que sale del núcleo celular y se mueve al citoplasma donde se fabrican las proteínas. Durante la síntesis de proteínas, un orgánulo llamado ribosoma se mueve a lo largo del ARNm, lee su secuencia de bases, y utiliza el código genético para traducir cada triplete de tres bases o codón, en su aminoácido correspondiente.*/

Esta hay que corregirla...

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

3' -GGAGTATACGCGGTAATATTCACCTGTGTGT-5'

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

5' -CCUCAUAUGCGCCAUUAUAAGUGACACACA-3'

3' -GGAGTATACGCGGTAATATTCACCTGTGTGT-5'

5' -TGTGTGTCACTTATAATGGCGCATATGAGG-3'



9. ¿Qué entiende por epigenética? Explique brevemente.

La epigenética es una palabra de origen griego y significa literalmente por encima (epi) del genoma y es un campo emergente de la ciencia que estudia los cambios hereditarios causados por la activación y desactivación de los genes sin ningún cambio en la secuencia de ADN subyacente del organismo, es decir, se refiere al estudio de los cambios heredables en la expresión de los genes sin cambios en la secuencia del ADN: las marcas se producen en la cromatina –formada por ADN enrollado sobre proteínas y que contiene a los GENES antes de que sean interpretados-. Además existen moléculas capaces de regular a los ARN mensajeros, que son el producto de los genes una vez transcritos.



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.

Índice de comentarios

- 3.1 de hecho surge en 2019, por ello se le llama COVID19
- 8.1 Se acepta mejor el término de "biología sintética" para lo que está descripto a continuación.
- 8.2 Aquí si está bien utilizado el término
- 12.1 envoltura
- 12.2 contenga
- 13.1 No se limita sólo a esto porque hay partes del genoma que se expresa a transcritos que no son traducidos a proteínas.
- 13.2 qué se multiplica?
si se refiere a replicación y por consiguiente a la "lectura" de la secuencia de ADN es realizada siempre de 5' a 3'
- 14.1 redacción poco clara
- 14.2 ¿y entonces? ¿cuánto debería ser?