

Parcial 1

Fundamentos de Biología Computacional

Sergio Andrés Monsalve Castañeda

Código: 201410029114



Profesores:

Javier Correa

Alejandro Rodríguez

Departamento de Informática y Sistemas
Universidad EAFIT

Copyright ©

9 de marzo de 2014

1. Los siguientes son secuencias de anticodones que participaron en la síntesis de una proteína: **UAC UAA CGC CCC AGA UCA**. Derive:

- La cadena de ARNm: AUG AUU GCG GGG UCU AGU
- La cadena de ADN que sirvió de molde: En el sentido 3' 5' la cadena molde es: **TAC TAA CGC CCC AGA TCA**
- Teniendo en cuenta en la siguiente tabla de codones, traduzca la secuencia de aminoácidos correspondiente: Met Ile Ala Gly Ser Ser

2. ¿Cuál es la Relación entre un alineamiento de secuencias y evolución?

Respuesta: Con el alineamiento de secuencias se puede encontrar un porcentaje de identidad que de muestra de la similitud entre organismos.

A medida que organismos con ancestros en común evolucionan, van acumulando mutaciones en el genoma, las cuales derivan en especies diferentes. De acuerdo a la cantidad de diferencias encontradas en el alineamiento, se puede deducir la cercanía o no entre especies.

Cuando el porcentaje de identidad sea igual al 100 % existe una alta probabilidad de que las secuencias correspondan al mismo organismo.

3. Según el modelo estadístico de Karlin-Altschul(1990), el cual hace referencia a la estimación del puntaje más alto(HSP) en un alineamiento de dos secuencias. ¿Cómo es argumentado este modelo y que aplicabilidad tiene en la búsqueda de homología de secuencias hoy en día?. Explique brevemente el modelo.

4. Represente como sería una matriz de alineamiento global para las siguientes dos proteínas. Asuma los valores estándar de puntuación que hay reportado en la literatura para aminoácidos.

a) SPAALKALAEAAGS

b) SGAALKALAEAAPS

5. Consulte qué tipo de algoritmos de alineamiento utilizan los programas de FASTA, CAP3, Bowtie. Compare los tres en términos de velocidad, capacidad de análisis sus principales limitaciones.

Programa	Algoritmo	Velocidad	Capacidad de análisis	Limitaciones
FASTA	1	2	3	4
CAP3	1	2	3	4
Bowtie	1	2	3	4

Limitaciones:

FASTA :

CAP3 :

Bowtie :

6. Scripting:

- a)* Escribir un script en Perl (Python) donde, utilizando el módulo de BioPerl (BioPython), se pueda bajar una secuencia FASTA de genbank: EU856392
- b)* Abra e imprima el archivo fasta
- c)* Traduzca la secuencia a proteína
- d)* Realice un blastp contra la base de datos de proteínas
- e)* Imprima el Resultado del Blast