



## Examen Primer Parcial

Asignatura: Bioinformática

Fecha: 27/06/2018

Alumno:

1. El dogma central de la biología molecular fue publicado en 1970 e ilustra los mecanismos de transmisión y expresión de la herencia genética, tras el descubrimiento de la codificación de ésta en la doble hélice del ADN.

**Con respecto al dogma (de 1970), es correcto afirmar (0,6 puntos):**

- a) Existe una unidireccionalidad en la expresión de la información contenida en los genes
- b) El ADN se transcribe como proteínas en cualquier organismo
- c) ARN nuclear se traduce como proteína
- d) El ARN realiza la acción celular
- e) El ARN puede duplicarse

2. El dogma central de la biología molecular se terminó en 1988, cuando Crick explico nuevas descubiertas sobre otros mecanismos de la maquinaria celular. Los nuevos descubrimientos son descritos a continuación, **EXCEPTO** por (0,6 puntos):

- a) La transcripción inversa ocurre cuando una molécula de ARN produce una molécula de ADN
- b) La transcripción inversa fue la primera evidencia de la falsedad del dogma central
- c) La replicación no es un mecanismo exclusivo del ADN, porque incluso ocurre en el ARN
- d) La traducción directa ocurre *in vitro*, en un sistema libre de células
- e) La replicación del ARN ocurre con la enzima transcriptasa inversa

3. «Las proteínas son moléculas grandes y complejas que desempeñan muchas funciones críticas en un organismo. Además, son necesarias para la estructura, función y regulación de tejidos y órganos». El proceso de formación de proteínas incluye la combinación de estructuras, en un orden específico, representado por (0,6 puntos):

- a) Nucleótidos, Péptidos, Aminoácidos, Polipéptidos, Proteínas
- b) Nucleótidos, Péptidos, Polipéptidos, Aminoácidos, Proteínas
- c) Nucleótidos, Aminoácidos, Polipéptidos, Péptidos Proteínas
- d) Nucleótidos, Aminoácidos, Péptidos, Polipéptidos, Proteínas
- e) Aminoácidos, Nucleótidos, Péptidos, Polipéptidos, Proteínas

**Las preguntas siguientes corresponden a conceptos sobre las tecnologías utilizadas en biología molecular que requieren herramientas de Bioinformática. Escoja la respuesta correcta.**

4. El transcriptoma comprende secuencias de (0,3 puntos):

- a) ADN
- b) ARN
- c) PROTEINAS
- d) Todas las anteriores
- e) Ninguna de las anteriores

5. La técnica de PCR - (0,3 puntos):

- a) Produce exponencialmente copias de ADN molde
- b) Usa una ADN polimerasa termoestable
- c) Utiliza dNTP's, MgCl<sub>2</sub>, primers en la reacción
- d) Todas las anteriores
- e) Ninguna de las anteriores

6. Los nucleótidos empleados en la secuenciación de SANGER que carecen de un grupo OH en el lado 3' se denominan - (0,2 puntos):

- a) ddNTP's
- b) dNTP's
- c) Ninguna de los anteriores



12. Con la ayuda de la Tabla de Aminoácidos, transcriba y traduzca la siguiente cadena NO CODIFICANTE de ADN, en marco abierto de lectura (ORF) - (1 punto):

		Second base					
		U	C	A	G		
First base	U	UUU } Phenyl-alanine <b>F</b> UUC } UUA } Leucine <b>L</b> UUG }	UCU } Serine <b>S</b> UCC } UCA } UCG }	UAU } Tyrosine <b>Y</b> UAC } UAA } Stop codon UAG } Stop codon	UGU } Cysteine <b>C</b> UGC } UGA } Stop codon UGG } Tryptophan <b>W</b>	U	C
	C	CUU } Leucine <b>L</b> CUC } CUA } CUG }	CCU } Proline <b>P</b> CCC } CCA } CCG }	CAU } Histidine <b>H</b> CAC } CAA } Glutamine <b>Q</b> CAG }	CGU } Arginine <b>R</b> CGC } CGA } CGG }	C	A
	A	AUU } Isoleucine <b>I</b> AUC } AUA } AUG } Methionine start codon <b>M</b>	ACU } Threonine <b>T</b> ACC } ACA } ACG }	AAU } Asparagine <b>N</b> AAC } AAA } Lysine <b>K</b> AAG }	AGU } Serine <b>S</b> AGC } AGA } Arginine <b>R</b> AGG }	A	G
	G	GUU } Valine <b>V</b> GUC } GUA } GUG }	GCU } Alanine <b>A</b> GCC } GCA } GCG }	GAU } Aspartic acid <b>D</b> GAC } GAA } Glutamic acid <b>E</b> GAG }	GGU } Glycine <b>G</b> GGC } GGA } GGG }	G	

5' GATACGATTGTAGAGAGATAAGCATCCACAATTGGGACATTGGA 3'

CTATGCTAACATCTCTCTATTCGTAGGTGTTAACCCTGTAACCT

2 posibles respuestas:

AUG CUA ACA UCU CUC UAU UCG UAG GUG UUA ACC CUG UAA  
M L T S L Y S \* V L T L \*

13. Para buscar secuencias en las bases de datos, las estrategias pueden ser - (0,6 puntos):

- Utilizando identificadores únicos, por comparación de secuencias homólogas, y utilizando keywords
- Utilizando autores, nombres científicos y publicaciones
- Por medio de GenBank y Pubmed
- Todas las anteriores

14. BLAST puede servir para - (0,6 puntos):

- construir árboles de secuencias homólogas
- encontrar secuencias similares con funciones conocidas
- analizar cromatogramas
- identificar una secuencia desconocida
- probar la especificidad de primers

De las anteriores, la respuesta correcta es:

- a, b, c, d, e
- a, c y e
- b, c, d y e
- a, b, d, e

15. Con respecto al E-value que muestra como resultado la búsqueda de secuencias en BLAST, es **INCORRECTA** - (0,6 puntos):

- Corresponde al número de resultados que no se esperaría obtener por casualidad con el Score observado o mayor a este, cuando se busca en una base de datos de un tamaño en particular
- Es análogo al ruido de fondo de un cromatograma, o al número de falsos positivos
- Decrece exponencialmente al aumentar el Score de la alineación
- Se considera que si es más cercano a 0, hay mayor significancia en la alineación
- Todas son correctas

16. El ciclo de PCR donde se separan las hebras de ADN se llama \_\_\_\_\_ y es análogo a lo que realiza la enzima \_\_\_\_\_ en la replicación y transcripción del ADN - (0,6 puntos):

- a) Anillamiento; helicasa
- b) Desnaturalización; helicasa**
- c) Desnaturalización; polimerasa
- d) Anillamiento, ARNasa
- e) Ninguna de las anteriores

17. Diseñar un juego de primers (Forward y Reverse) que amplifiquen la TOTALIDAD del área ultra variable de secuencias repetidas de CCTT en la secuencia descrita abajo. Ambos primers deben tener 20 nucleótidos. Escribir las secuencias de ambos primers con su orientación respectiva. Marcar donde se unirán los primers en la secuencia, y describir el tamaño del amplicón. Tomar en cuenta condiciones de primers simples (clamp y las condiciones de repeticiones de nucleótidos, di nucleótidos, y de G/Cs), y NO considerar % G/C en este ejercicio - (1 punto):

5'

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

3'

Secuencia de primers

F: \_\_\_\_\_

R: \_\_\_\_\_

Tamaño de amplicón: \_\_\_\_\_