

RECUERDA Y CONTESTA

1. Que una estructura en doble hélice permiten que se separen los dos filamentos y que cada uno de ellos sirva de molde para sintetizar el filamento complementario, y así obtener dos moléculas idénticas, una por cada una de las células hijas.
2. Estas letras corresponden a la primera letra de los cuatro tipos de nucleótidos que constituyen el ADN. «A» simboliza un nucleótido cuya base nitrogenada es la adenina, «T» simboliza un nucleótido cuya base nitrogenada es la timina, «C» simboliza un nucleótido cuya base nitrogenada es la citosina y «G» simboliza un nucleótido cuya base nitrogenada es la guanina.
3. De la misma forma que con una secuencia de diferentes tipos de letras, concretamente de los 26 tipos de letras del abecedario, se puede escribir cualquier tipo de información, con los cuatro tipos de nucleótidos ordenados de formas diferentes y alargando la serie cuanto sea necesario se puede informar sobre cómo ha de ser cualquier característica biológica.
4. No, ya que si en una hay una A en la otra, enfrentada con la A hay una T, que es su base nitrogenada complementaria, y si hay una C, en la otra hay una G, que es su base nitrogenada complementaria. Por tanto, las dos secuencias son completamente diferentes. En general, si en una hay un segmento con información, en la otra, el segmento complementario carece de información y solo sirve para dar estabilidad.

ACTIVIDADES

1. El material genético de la bacteria *Streptococcus pneumoniae*.
2. Según la hipótesis conservativa una doble hélice conserva las dos cadenas originales y la otra está formada por las dos de nueva síntesis. Por tanto, habría obtenido dos bandas claramente diferenciadas, una en la parte de abajo del tubo, correspondiente a la doble hélice con N¹⁵ y otra banda sobre la anterior que correspondería a la doble hélice con N¹⁴.
Porque lo que en realidad obtuvo, después de la primera duplicación, fue una banda de posición intermedia entre el ADN con N¹⁵ y el ADN con N¹⁴.
3. Si las bacterias se dejaban en N¹⁴ durante dos divisiones, aparecerían dos bandas de ADN en el tubo de la centrífuga, uno híbrido y otro ligero. Si se dejaban durante tres divisiones, la proporción de ADN híbrido era más pequeña. Esto descartaba la hipótesis dispersiva, porque se habrían obtenido cadenas hijas con fragmentos de la cadena original (antiguo) y fragmentos de nueva síntesis, y demostraba la hipótesis semiconservativa, según la cual cada doble hélice conserva una hélice de las dos originales y sintetiza una nueva.
4. La energía desprendida al romper los enlaces entre los grupos fosfato es utilizada durante el proceso de síntesis del ADN.
5. El enlace entre el último nucleótido y el que se incorpora es 3' → 5'.
6. 3'... T G A G T C C A T ... 5'
7. Adenina 18 %. Guanina 32 %. Citosina 32 %.
8. Son fragmentos constituidos por unos cincuenta nucleótidos de ARN y unos mil o dos mil nucleótidos de ADN. Estos fragmentos son sintetizados al principio por la ARN-polimerasa y, posteriormente, son continuados por la ADN-polimerasa, en dirección 5' → 3', sobre diferentes regiones de la hebra patrón.

9. Porque la ADN polimerasa actúa añadiendo nucleótidos al extremo que presenta un nucleótido con su carbono 3' libre, puesto que es incapaz de añadirlos al extremo del nucleótido con su carbono 5' libre y la hebra retardada es la que tiene libre su extremo 5', por tanto se sintetiza de manera discontinua en fragmentos de Okazaki.
10. Rompe los puentes de hidrógeno entre las dos hebras complementarias y las separa.
11. La replicación del ADN en los organismos eucariotas es muy similar a la de los procariotas, aunque hay algunas diferencias:
 - El ADN de las células eucariotas está asociado a histonas, formando nucleosomas.
 - La longitud del ADN de un cromosoma eucariótico es mucho mayor que la del ADN bacteriano (unos cincuenta milímetros frente a poco más de un milímetro). Además, el proceso es bastante más lento (50 n/s en eucariotas y 500 n/s en bacterias), seguramente por la presencia de histonas.
 - Se ha observado que en el ADN de un cromosoma no hay un solo origen de replicación, sino aproximadamente un centenar.
 - Además, los fragmentos de Okazaki son más pequeños, de unos cien a doscientos nucleótidos, y el proceso de replicación se lleva a término durante el periodo S de la interfase, que dura, aproximadamente, de seis a ocho horas.
12. Son los diferentes puntos del cromosoma de una célula eucariota donde tiene lugar simultáneamente la replicación, también se denominan unidades de replicación.
13. El orden de las sustancias en la ruta metabólica es:
E — A — C — B — D — G
14. En general, puede considerarse que una secuencia de nucleótidos del ADN contiene la información necesaria para que se sintetice una proteína: la información fluye del ADN al ARNm, en un proceso denominado transcripción, y de este a la proteína, mediante un proceso llamado traducción.
15. Porque la ARN-polimerasa cataliza la adición de ribonucleótidos, uno a uno, al extremo 3' de la cadena de ARN en crecimiento. Esta enzima se mueve en dirección 3' → 5' respecto al ADN, sintetizando la nueva cadena complementaria de ribonucleótidos en dirección 5' → 3'.
16. a) ARNm: 5'... AUGUUAUGAACAAAGAA ... 3'
b) ADN: 3'... ATGTTTCATGAACAAAGAA ... 5'
ARNm: 5'... UACAAGUACUUGUUUCUU ... 3'
17. El promotor es una región de ADN que no se transcribe y la unidad de transcripción sí se transcribe.
18. La síntesis de ARNm se produce en sentido 5' → 3'.
19. La secuencia consenso es TATAAT, conocida como caja de Pribnow, por tanto la transcripción comienza a partir del siguiente nucleótido. El principio del ARNm transcrito es:
ARNm: 5' UAG-CAU-CGU-AUG-UCG-AUC-UUG-CUA ... 3'
20. En procariotas, las proteínas están codificadas por una disposición continua de codones, pero en eucariotas un gen está interrumpido por secuencias no codificadoras. Las secuencias no codificadoras son intrones y las secuencias codificadoras exones.
Los ARN mensajeros de los procariotas son traducidos directamente (no hay etapa de maduración), a partir de él se forma una proteína funcional. En los eucariotas, una vez que

se eliminan los intrones y se unen los exones entre sí, ya se obtiene el ARNm a partir del cual se sintetiza la proteína. Por tanto, los ARN mensajeros de procariotas y eucariotas que codifican para una misma cadena polipeptídica sí poseen la misma longitud.

21. a) Son posibles los tripletes: UUU, UUC, UCU, CUU, CUC, CCU, UCC, CCC.

b) El porcentaje de tripletes CCC es $0,7 \times 0,7 \times 0,7 = 0,343$, osea, un 34,3%.

c) El porcentaje de tripletes con dos U y una C es $(0,3 \times 0,3 \times 0,7) \times 3 = 0,189$, es decir, un 18,9%.

22. En el proceso de traducción intervienen los siguientes elementos: aminoácidos, ARN de diversos tipos, enzimas, factores proteicos y nucleótidos trifosfato como moléculas donadoras de energía.

23. Unir el ARNt con su correspondiente aminoácido.

24. Porque a partir de ATP se obtiene AMP, quedando fósforo inorgánico (PPi) libre.

25. ADN: 3'...TACAACTCTTGTTCCTT...5'

ARNm: 5'...AUGUUCAUGAACAAAGAA...3'

Proteína: Met – Phe – Met – Asn – Lys – Glu.

26. Además del modelo del operón, se ha descubierto otro tipo de control denominado regulación por AMP cíclico. Esta molécula se forma a partir del ATP por la acción de la enzima adenilato-ciclase, situada en la cara interna de la membrana citoplasmática.

El AMPc necesita la acción de la proteína activadora del catabolito (CAP). El complejo CAP-AMPc tiene gran afinidad por una zona del promotor, anterior al lugar donde se sitúa la ARN-polimerasa. Parece que en ausencia del complejo, la ARN-polimerasa que origina el ARNm correspondiente a las enzimas que metabolizan la lactosa, tiene muchas dificultades para asociarse al promotor.

Cuando aumenta el nivel de glucosa en la célula disminuye el nivel de AMPc, debido a que la glucosa, al atravesar la membrana plasmática, pasa a glucosa-6-fosfato, gracias al grupo fosfato aportado por el ATP, por lo que este se consume y no está disponible para formar AMPc. Al no formarse suficiente complejo CAP-AMPc, la ARN-polimerasa no se fija y no se producen las enzimas para el metabolismo de la lactosa.

Solo cuando se agota la glucosa, y hay presencia de lactosa, la bacteria produce de nuevo las enzimas para metabolizar esta lactosa.

27. Las hormonas proteicas no pueden atravesar directamente la membrana plasmática debido al tamaño y naturaleza de sus moléculas, para hacerlo, se unen a proteínas receptoras específicas de la membrana y se forma el complejo H-R. Este proceso provoca que la enzima adenilato ciclase se active y pase el ATP a AMPc, denominado segundo mensajero (la hormona corresponde al primer mensajero). El AMPc se dirige al núcleo y activa las proteínas reguladoras de la transcripción.

28. La replicación en las bacterias se desarrolla, básicamente, en dos fases:

- Fase de iniciación. Hay una secuencia de nucleótidos en el ADN, denominada «origen de la replicación», que actúa como señal de iniciación de todo el proceso de duplicación. El proceso se inicia con una enzima denominada helicasa que rompe los puentes de hidrógeno entre las dos hebras complementarias y las separa. Otras enzimas,

las topoisomerasas, eliminan las tensiones y los superenrollamientos que se producen en la molécula al romperse la doble hélice. Las proteínas estabilizadoras (SSB) mantienen la separación de las dos hebras complementarias, y se inicia la formación de la horquilla de replicación. El proceso es bidireccional, es decir, hay una helicasa que trabaja en un sentido y otra que trabaja en sentido contrario. Las dos horquillas de replicación enfrentadas forman las denominadas burbujas u ojos de replicación.

- Fase de elongación. En esta fase, además de las enzimas anteriores, intervienen las ARN-polimerasas y las ADN-polimerasas. En primer lugar, una ARN-polimerasa llamada primasa sintetiza un fragmento corto de ARN formado por unos diez nucleótidos, denominado primer, que actúa como cebador. Después, la ADN-polimerasa III, partiendo del primer, empieza a sintetizar una hebra de ADN en sentido 5' → 3', a partir de nucleótidos trifosfato. Esta nueva hebra tiene un crecimiento continuo y se denomina hebra conductora.

Sobre la otra hebra (hebra retardada), que es antiparalela a la anterior, la ARN-polimerasa sintetiza unos cuarenta nucleótidos de ARN en un punto que dista unos mil nucleótidos de la señal de iniciación. A partir de estos, la ADN-polimerasa III sintetiza unos mil nucleótidos de ADN, y entonces se forma un fragmento de Okazaki. Este proceso se va repitiendo a medida que se van separando los dos filamentos patrón. Posteriormente, interviene la ADN-polimerasa I que retira los segmentos de ARN y añade nucleótidos de ADN en su lugar. Finalmente, interviene la ADN-ligasa, que une los diferentes fragmentos de ADN sintetizados.

La replicación del ADN en los organismos eucariotas es muy similar a la de los procariotas, aunque hay algunas diferencias.

- El ADN de las células eucariotas está asociado a histonas, formando nucleosomas. Se ha observado que, durante la replicación, la hebra que sirve de patrón a la hebra conductora se queda con las histonas y ambos se enrollan juntos sobre los octámeros antiguos. La hebra retardada y la que le sirve de patrón se enrollan juntas sobre nuevos octámeros de histonas que llegan a los lugares de replicación para formar nuevos nucleosomas.

- La longitud del ADN de un cromosoma eucariótico es mucho mayor que la del ADN bacteriano (unos cincuenta milímetros frente a poco más de un milímetro). Además, el proceso es bastante más lento, seguramente por la presencia de histonas. Se ha observado que en el ADN de un cromosoma no hay un solo origen de replicación, sino aproximadamente un centenar. En general, se forman unas cien burbujas de replicación, que se distribuyen irregularmente, por lo que hay regiones con muchas burbujas y regiones con muy pocas. Estas se activan de manera coordinada y constituyen las denominadas unidades de replicación o replicones.

- Además, los fragmentos de Okazaki son más pequeños, de unos cien a doscientos nucleótidos, y el proceso de replicación se lleva a término durante el periodo S de la interfase, que dura, aproximadamente, de seis a ocho horas.

La finalidad del proceso es duplicar el material genético antes de la división celular.

«La replicación del ADN es semiconservativa» significa que las hebras de ADN resultantes de la replicación tienen una cadena antigua y otra de nueva síntesis.

29. a)

CADENA 1			N.º ENLACES	CADENA 2		
P	D	A	2	T	D	P
P	D	C	3	G	D	P
P	D	C	3	G	D	P
P	D	A	2	T	D	P

- b) Las proporciones de bases nitrogenadas de la cadena complementaria serán: 27 % de T, 35 % de C, 25 % de G y 13 % de A.

30. a) La replicación del ADN, se representa la fase de elongación.

- b) 1. Hebra conductora 2. Hebra de nueva síntesis de forma continua 3. Hebra retardada 4. Cebador. 5. Fragmento de Okazaki.
- c) Durante la fase de elongación o alargamiento intervienen las ARN-polimerasas y las ADN-polimerasas. En primer lugar, una ARN-polimerasa llamada primasa sintetiza un fragmento corto de ARN formado por unos diez nucleótidos, denominado primer, que actúa como cebador. Después, la ADN-polimerasa III, partiendo del primer, empieza a sintetizar una hebra de ADN en sentido $5' \rightarrow 3'$, a partir de nucleótidos trifosfato. Esta nueva hebra tiene un crecimiento continuo y se denomina hebra conductora.

Sobre la otra hebra (hebra retardada), que es antiparalela a la anterior, la ARN-polimerasa sintetiza unos cuarenta nucleótidos de ARN en un punto que dista unos mil nucleótidos de la señal de iniciación. A partir de estos, la ADN-polimerasa III sintetiza unos mil nucleótidos de ADN, y entonces se forma un fragmento de Okazaki. Este proceso se va repitiendo a medida que se van separando los dos filamentos patrón. Posteriormente, interviene la ADN-polimerasa I que retira los segmentos de ARN y añade nucleótidos de ADN en su lugar. Finalmente, interviene la ADN-ligasa, que une los diferentes fragmentos de ADN sintetizados.

- d) Las moléculas que actúan como cebador permiten la unión de nucleótidos en el extremo $5'$ de la hebra de nueva síntesis.

31. a) Un codón es la información genética contenida en el ARNm encargada de codificar un aminoácido o bien el inicio o fin de la transcripción. Cada codón se representa por tres letras, que simbolizan las bases nitrogenadas de los nucleótidos del ARNm. Las posibles bases nitrogenadas que forman parte del ARN son adenina (A), guanina (G), citosina (C) y uracilo (U).

Existen 64 codones distintos (son las combinaciones posibles de las cuatro bases tomadas de tres en tres).

No todos los codones son equivalentes, puesto que solo en algunos casos varios codones codifican para un mismo aminoácido.

Existen codones que indican el inicio de la traducción, como AUG en los eucariotas, otros que marcan el fin de la traducción como UAA, UAG y UGA, el resto de los codones codifican para un aminoácido.

- b) Un anticodón es la secuencia de bases complementaria al codón del ARNm, se encuentra situado en el ARNt.
- c) Interaccionan en el proceso de biosíntesis de una proteína.

d) Interaccionan en el ribosoma.

- e) Debido a la interacción del anticodón que se encuentra en el ARNt y el codón del ARNm, la cadena proteica se va alargando gracias a la unión de los aminoácidos que llegan al ribosoma en los diferentes aminoacil-ARNt.

32. a) Duplicación o replicación del ADN.

- b) Es semiconservativo porque a partir de una doble hélice de ADN se forman dos dobles hélices, cada una de las cuales conserva una hebra de la original y la otra hebra es de nueva síntesis. Y el proceso es bidireccional porque se realiza de forma simultánea en dos direcciones, se sintetiza una hebra en dirección $5' \rightarrow 3'$ y la otra en dirección $3' \rightarrow 5'$.

c) $3' \dots \text{TGAGTCCAT} \dots 5'$

33. a) ADN.

- b) 1. Fragmentos de Okazaki. 2. ADN-polimerasa. 3. Proteína SSB. 4. Helicasa.
- c) La ADN-polimerasa añade nucleótidos al extremo de una cadena de ADN.

La proteína SSB se une a las hebras molde e impide que se vuelvan a enrollar.

Las enzimas helicadas rompen los enlaces de hidrógeno entre las bases nitrogenadas de las hebras molde y la doble hélice se abre como una cremallera.

- d) Al ser la replicación un proceso bidireccional y replicarse las dos hebras a la vez, existe una hebra con dirección $5' \rightarrow 3'$ y otra hebra con dirección $3' \rightarrow 5'$. Estas hebras molde ofrecen una diferencia fundamental en el proceso de replicación: mientras que la hebra leída en dirección $3' \rightarrow 5'$ sintetiza una hebra en dirección $5' \rightarrow 3'$, debido a la complementariedad de las cadenas, la hebra leída en dirección $5' \rightarrow 3'$ sintetiza una hebra $3' \rightarrow 5'$. Esto significa que la primera hebra se sintetiza de forma continua, añadiendo nucleótidos al extremo libre $3'$ del nucleótido anterior, por lo que se llama hebra conductora. Sin embargo, la segunda hebra debe unir nucleótidos en dirección $3' \rightarrow 5'$. Esto se resuelve mediante la síntesis independiente de fragmentos de ADN, con su propio cebador, denominados fragmentos de Okazaki. Estos cebadores se unen a la hebra molde cada ciertos intervalos, y sintetizan los fragmentos de ADN en sentido contrario al de la síntesis de la hebra conductora, por lo que se llama hebra retardada. Después, los cebadores son eliminados y otras enzimas, las ADN-ligasas, terminan de unir los fragmentos para formar una cadena continua.

34. a) $5' \dots \text{TCTCTCT} \dots 3'$

b) ARNm $5' \dots \text{UCUCUCU} \dots 3'$

- c) La transcripción o síntesis de ARN es el paso de una secuencia de ADN a una secuencia de ARN, ya sea de ARNm, ARNr o ARNt.

35. a) Verdadera.

- b) Falsa. En eucariotas el ARNm recién sintetizado debe pasar por la etapa de maduración antes de ser traducido.

c) Falsa. Una hebra se replica en sentido $5' \rightarrow 3'$ y la otra en sentido $3' \rightarrow 5'$.

d) Falsa. Algunos tripletes diferentes codifican para el mismo aminoácido.

36. a) El proceso representa la transcripción o síntesis de ARN a partir de ADN.

- b) 1. Cadena molde de ADN (transcrita) ($3' \rightarrow 5'$).
2. Cadena inactiva de ADN o que no se transcribe ($5' \rightarrow 3'$).
3. Cadena de ARN de nueva síntesis.

c) El proceso de transcripción comienza cuando la enzima ARN-polimerasa se asocia a una región concreta del ADN, denominada promotor. La ARN-polimerasa hace que la doble hélice de ADN se abra, aproximadamente una vuelta de hélice. La ARN-polimerasa avanza a lo largo de la cadena de ADN y la va «leyendo» en sentido $3' \rightarrow 5'$ y sintetiza una hebra de ARN en dirección $5' \rightarrow 3'$. Para ello selecciona el ribonucleótido trifosfato cuya base es complementaria con la cadena de ADN molde y lo une mediante un enlace éster al nucleótido siguiente. El proceso termina cuando la ARN polimerasa reconoce en el ADN unas señales de terminación que indican el final del proceso, lo que implica el cierre de la burbuja de ADN, la separación del ARN y de la ARN-polimerasa.

El proceso es muy parecido en procariotas y eucariotas, salvo algunas diferencias:

Organismos eucariotas. En ellos los genes están fragmentados. El ARN que se forma debe sufrir un proceso de maduración en el que se eliminan las secuencias sin sentido (intrones) y se empalman las secuencias con sentido (exones). Dicho proceso requiere la presencia de la enzima ribonucleoproteína pequeña nuclear (RNPpn).

Organismos procariotas. El ARNm que se forma puede ser directamente traducido, por lo que no existe un proceso previo de maduración. Sin embargo, los ARN y ARNm que se forman son largas moléculas llamadas transcritos primarios, que deben sufrir un proceso de corte y empalme.

- d) El proceso de transcripción está catalizado principalmente por la ARN-polimerasa. En los procariotas solo existe una, mientras que en los eucariotas existen tres tipos, según el tipo de ARN que se va a sintetizar. La ARN-polimerasa I, II y III, que sintetizan respectivamente ARN ribosómico, ARN mensajero y ARN transferente. La función de la ARN-polimerasa es hacer que la doble hélice de ADN se abra y sintetizar la cadena de ARN en sentido $5' \rightarrow 3'$. Para ello la enzima selecciona el ribonucleótido cuya base es complementaria con la cadena de ADN que actúa como molde y lo une mediante enlace éster al siguiente nucleótido.
37. a) $5' - AUGUUAAGGGCCCGUUGUGUG - 3'$ (Polaridad $5' \rightarrow 3'$)
 - b) Puede codificar siete aminoácidos.
 - c) Tres bases nitrogenadas codifican un aminoácido, es un código sin comas ni solapamientos.
 - d) Se tendría que producir una mutación, por ejemplo, una mutación génica por sustitución de bases. Las bases nitrogenadas del sexto triplete UGU, que se transformaría en UGA y determinaría final de la cadena.
38. a) La secuencia I) es ADN puesto que contiene timina, base nitrogenada que se encuentra exclusivamente en el ADN. La secuencia II) es ARN, porque contiene uracilo, base nitrogenada que solo se encuentra en el ARN. La secuencia III) podría ser de ADN o de ARN, puesto que no presenta ninguna de las dos bases (timina o uracilo) características de un solo tipo de ácido nucleico.
 - b) No son iguales, son complementarias. Las bases se unen por puentes de hidrógeno siguiendo la siguiente regla de complementariedad entre las dos cadenas; adenina-timina, guanina-citosina, timina-adenina y citosina-guanina.

- c) ADN: $3' \dots GCTATATCGCAATT \dots 5'$
ARNm: $5' \dots CGAUUAUAGCCGUUAA \dots 3'$

Si empezamos a traducir por el primer triplete, aunque no sea el de iniciación (AUG), la secuencia peptídica quedaría así:

Extremo N-terminal-...- Arg - Tyr - Ser - Arg - Fin -
Extremo C-terminal.

39. a) La correspondencia entre los tripletes de nucleótidos del ARNm y los aminoácidos que forman las proteínas recibe el nombre de código genético.
Un anticodón es la secuencia de bases complementaria al codón del ARNm, se encuentra situado en el ARNt.
 - b) Un codón es la información genética contenida en el ARNm encargada de codificar un aminoácido o bien el inicio o fin de la transcripción.
Un anticodón es la secuencia de bases complementaria al codón del ARNm, se encuentra situado en el ARNt.
 - c) El código genético es degenerado porque algunos aminoácidos están codificados por varios tripletes distintos y es universal porque la correspondencia entre determinado triplete y el aminoácido para el que codifica es la misma en todos los seres vivos.
 - d) Un transposón es una secuencia de ADN que puede moverse autosuficientemente a diferentes partes del genoma de una célula. En este proceso (transposición) pueden causar mutaciones y cambios en la cantidad de ADN del genoma.
40. a) 1. Replicación: proceso mediante el cual a partir de una doble hélice de ADN se obtienen dos copias en las que una de sus hebras procede de la original y la otra es de nueva síntesis. La replicación tiene lugar en el núcleo de la célula eucariota.
 2. Transcripción: en este proceso, a partir de la secuencia de nucleótidos de un gen (ADN) se realiza una copia con la secuencia de nucleótidos complementarios correspondientes a un ARNm. Se lleva a cabo en el núcleo.
 3. Traducción: proceso que ocurre en los ribosomas del citoplasma mediante el cual se obtiene una secuencia de aminoácidos a partir de la secuencia de ribonucleótidos del ARNm obtenido en la transcripción.
 - b) ARN mensajero (ARNm): contiene la información necesaria para la síntesis de la proteína.
ARN de transferencia (ARNt): posee un anticodón complementario al codón del ARNm y porta el aminoácido para el que codifica el codón.
ARN ribosómico (ARNr): constituye los ribosomas que son los encargados de la traducción de proteínas.
 - c) Sí, en el caso de los retrovirus, cuyo material genético es ARN, se forma ADN por transcripción inversa o retrotranscripción gracias a la enzima retrotranscriptasa.
41. a) La transcripción es el proceso por el cual se copia la información genética contenida en el ADN, a una molécula de ARNm. En eucariotas este proceso tiene lugar en el núcleo. La doble hélice de ADN se abre y una de las cadenas sirve de molde para sintetizar una molécula de ARN. El ARNm se sintetiza siguiendo las reglas de complementariedad de bases. En los procariotas el proceso tiene lugar en el citoplasma.
Descripción del proceso:
El proceso es muy parecido en procariotas y eucariotas. Comprende las siguientes fases:

1. Iniciación:

La ARN-polimerasa se fija a una región específica del ADN, llamada centro promotor, rica en timinas y adeninas. Una vez fijada, la ARN-polimerasa produce el desenrollamiento de una vuelta del ADN.

2. Elongación:

Consiste en la adición de ribonucleótidos para formar el ARN por la enzima ARN-polimerasa. La enzima selecciona el ribonucleótido trifosfato cuya base es complementaria con la cadena de ADN que actúa como molde y lo une, mediante un enlace éster, al siguiente nucleótido.

3. Finalización:

La ARN-polimerasa llega a una zona del ADN llamada señal de terminación (rica en secuencias de bases de guanina y citosina), que indica el final del proceso de transcripción. Como consecuencia se vuelve a formar la doble hélice de ADN y la ARN-polimerasa se separa. En eucariotas el proceso de transcripción es más complejo que en procariotas. Existen tres tipos de ARN-polimerasa diferentes, llamadas I, II y III. La I interviene en la formación del ARNr; la II, en la síntesis de todos los ARNm, y la III, en la del ARNt y de un ARNr de pequeño tamaño.

4. Maduración:

En procariotas si lo que se sintetiza es un ARNm no hay maduración; en cambio, si es un ARNt o un ARNr, hay un transcrito primario, que luego sufre un proceso de corte y empalme.

En eucariotas el ARN que se fabrica se denomina ARN premensajero. Dicho ARN consta de dos tipos de fragmentos: los intrones y los exones.

- Los intrones son secuencias de bases que se transcriben, pero que no se traducen, es decir, no codifican una secuencia de aminoácidos.
- Los exones son las secuencias que se transcriben y se traducen, es decir, tienen información para formar una cadena polipeptídica.

El ARN-premensajero debe sufrir un proceso de maduración, que se realiza en el núcleo y que consiste en la eliminación de los intrones y la unión de los exones mediante un mecanismo que se conoce como splicing (empalme). La maduración la realiza el enzima ribonucleoproteína pequeña nuclear (RNPpn). El proceso de splicing comienza cuando las secuencias intrónicas forman unos bucles que provocan el acercamiento de los extremos de los exones y continúa con el corte de los intrones y la unión de exones mediante las ADN-ligasas.

- b) La enzima implicada en el proceso de transcripción es la ARN polimerasa, que avanza a lo largo de la cadena de ADN leyéndola en sentido $3' \rightarrow 5'$ (por tanto, sintetiza la nueva cadena de ARN en sentido $5' \rightarrow 3'$).

Las secuencias de ADN donde se une esta enzima para el inicio de la transcripción se denominan región promotora, rica en timinas y adeninas.

- c) ARNm: transcripción y traducción.

ARNt: traducción.

ARN-polimerasa: transcripción.

Ribosoma: traducción.

Codón: traducción.

Aminoácido: traducción.

Sitio P: traducción.

Anticodón: traducción.

Procesamiento o maduración: transcripción.

Sitio A: traducción.

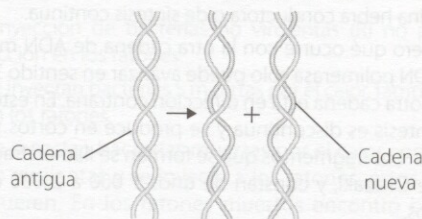
Intrón: transcripción.

42. a) A) ADN. B) ARN-polimerasa. C) ARNm recién sintetizado. D) Subunidad mayor del ribosoma. E) Subunidad menor del ribosoma. F) ARNt. G) Aminoácido. H) Aminoacil-ARNt. I) ARNm traducido en el ribosoma. J) Proteína.

- b) Sí, pero la transcripción del ARNm tiene lugar en el núcleo y la traducción de la proteína en el citoplasma.

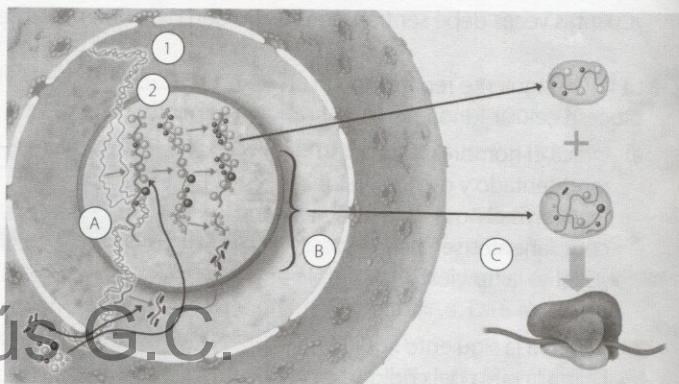
c)

Hipótesis semiconservativa



Jesús G.C.
Colegio Claret
Segovia

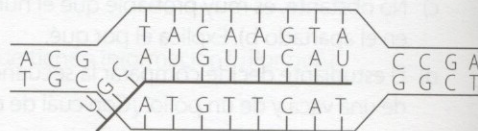
- Una determinada hebra de ADN posee la siguiente composición de bases nitrogenadas: A = 18, G = 25, C = 34, T = 23. Dicha hebra es replicada por la enzima ADN-polimerasa.
 - ¿Cuál será el porcentaje de bases de la nueva hebra?
 - La nueva hebra de ADN es utilizada por la enzima ARN polimerasa para producir un nuevo polinucleótido. ¿De qué polinucleótido se trata? ¿Cuál será la composición de bases de este nuevo polinucleótido?
- Una hebra de ADN es: 5'... ATGCCATACGGAACC ...3':
 - Escribe la secuencia complementaria.
 - Escribe el ARN mensajero que dará lugar la transcripción.
 - ¿A cuántos aminoácidos podría dar lugar la traducción de este fragmento? (Se supone que todos los codones tienen traducción a aminoácido).
- Observa el siguiente dibujo esquemático y responde razonadamente a las siguientes cuestiones:
 - ¿Qué nombre reciben las moléculas representadas con números?
 - ¿Cómo se denominan los procesos representados con letras?
 - ¿Qué orgánulos están implicados en el proceso representado con la letra C?
 - ¿Podría darse en sentido inverso alguno de los procesos representados?



Jesús G.C.

Colegio Claret
Segovia

- El siguiente segmento de ADN codifica un segmento intersticial de un polipéptido (se indica la dirección en la que se produce la transcripción):
 3' CCG GAT CTA GGC GTC TGT CGG 5'
 5' GGC CTA CAT CCG CAG ACA GCC 3'
 Transcripción →
 Determina las correspondientes secuencias de ARN mensajero y de los aminoácidos del polipéptido que se originan en la traducción (indicando la polaridad en ambos casos).
- Las palabras del código genético (codones) están formadas por tres letras (bases). ¿Por qué razón no pueden estar formadas por dos letras?
- A la vista de la imagen, contesta a las siguientes cuestiones:
 - Indica razonadamente de qué proceso se trata.
 - En qué lugar de la célula se produce.
 - ¿Qué molécula se origina como resultado de dicho proceso?
 - ¿Cómo afectaría a este proceso una elevación brusca de la temperatura por encima de los 80 °C?
 - Indica la polaridad de las moléculas indicadas en dicho proceso.
- ¿Qué es la replicación o duplicación? ¿En qué fase del ciclo celular tiene lugar? ¿Qué enzimas o sustancias son necesarias para que ocurra el proceso? ¿En qué lugar de la célula tiene lugar la replicación?



- ¿Qué diferencias hay entre los intrones y los exones?
- ¿Qué tipos de ARN participan en la síntesis de proteínas? ¿Qué función desempeña cada uno de ellos?

REFUERZO

1. a) La nueva hebra de ADN tendrá la siguiente composición:
T = 18, C = 25, G = 34, A = 23
- b) La transcripción de la nueva hebra de ADN producirá un ARNm con la siguiente composición en bases:
A = 18, G = 25, C = 34 y U = 23

2. a) 3'... TACGGTATGCCTTGG ...5'
- b) AUGCAUACGGAACC
- c) A cinco aminoácidos.

3. a) 1: ADN.
2: ARNm.
3: polipéptido.
- b) A = Transcripción. Consiste en la síntesis de una cadena de ARNm a partir de un fragmento de una de las cadenas del ADN.
B = Transporte de la molécula de ARNm del núcleo al citoplasma para que sea traducida.
C = Traducción. Mediante dicho proceso la secuencia de nucleótidos de la molécula de ARNm es traducida en la secuencia de aminoácidos de una cadena polipeptídica.

que se origina de la transcripción del fragmento de ADN dado será:

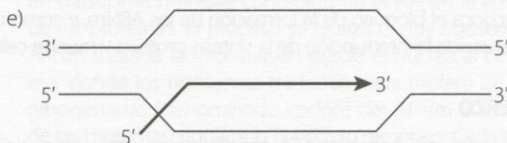
5' GGC CUA CAU CCG CAG ACA GCC 3'

La síntesis de proteínas o traducción se realiza leyendo cada triplete en sentido 5' → 3'. Por tanto, la cadena polipeptídica que se origina es:

NH₂ – Gly – Leu – His – Pro – Gln – Thr – Ala – COOH

5. Como tan solo hay cuatro tipos de nucleótidos (A, G, C y U), mientras que las proteínas están formadas por veinte tipos de aminoácidos, la colinearidad no se podía establecer entre dos bases, ya que solo podrían formarse 16 codones (4² = 16), que serían insuficientes para los 20 aminoácidos.

6. a) Se trata del proceso de transcripción.
- b) El proceso tiene lugar en el interior del núcleo en las células eucariotas y en el citoplasma en las procariotas. También puede producirse en el estroma de cloroplastos y en la matriz de las mitocondrias.
- c) Se origina ARN.
- d) Una elevación de la temperatura por encima de los 80 °C produciría la interrupción de la transcripción, debido a que se produciría la desnaturalización del ADN. Es decir, se se romperían los puentes de hidrógeno que mantiene unidas a las dos hebras del ADN, con lo que se separarían las dos cadenas.



7. La replicación o duplicación es el proceso por el cual el ADN puede formar réplicas exactas de sí mismo. La replicación permite así que las células hijas resultantes tras la división celular reciban la misma información genética que la célula madre. La replicación tiene lugar en la fase S de la interfase. Para que ocurra la duplicación la célula necesita:

- ADN molde.
- Nucleótidos: ATP, GTP, CTP, TTP.
- Proteínas SSB (evitan que las dos cadenas de ADN se vuelvan a enrollar).
- Enzimas:
 - Helicasas. Rompen los puentes de hidrógeno que mantienen las dos cadenas de ADN unidas.
 - Topoisomerasas (o ADN girasas). Desenrollan el ADN y evitan tensiones celulares.
 - ADN ligasas. Unen fragmentos de ADN mediante enlaces fosfodiéster al resto de la cadena.
 - ARN-polimerasas (también llamadas primasas). Son enzimas que sintetizan un pequeño fragmento de ARN de unos 10 nucleótidos, llamado ARN cebador, para ello utilizan como molde ADN.
 - ADN-polimerasas (ADN de unos 1000 nucleótidos).

En los eucariotas tiene lugar en el núcleo (donde se encuentra el ADN), y en los procariotas, en el nucleóide (región donde se localiza el ADN o cromosoma circular).

8. Los intrones son secuencias de bases que se transcriben, pero que no se traducen. Por el contrario, los exones son secuencias de bases que se transcriben y se traducen, es decir, tienen información para la síntesis de una cadena polipeptídica.

9. En la traducción del mensaje genético o síntesis de proteínas intervienen el ARNm, el ARNt y el ARNr.

El proceso de traducción consiste en traducir el mensaje contenido en el ARNm al lenguaje de las proteínas.

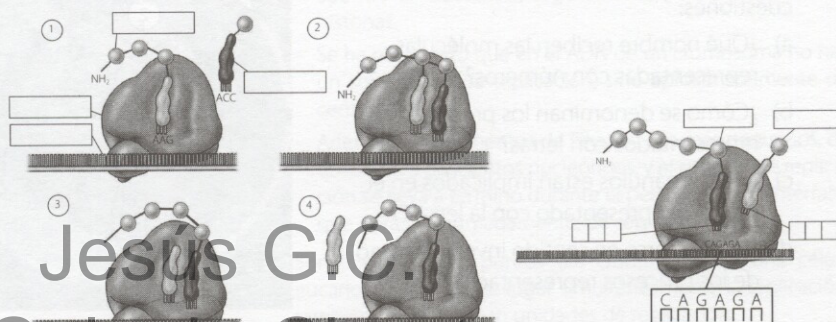
El ARNm traslada el mensaje (la información) del núcleo al citoplasma. Allí, los ribosomas van leyendo el mensaje contenido en el ARNm y lo «traducen» al lenguaje de las proteínas, según el código genético. Para ello «leen» las letras de tres en tres (tripletes o codones).

Los aminoácidos son transportados por el ARN transferente y colocados en el orden indicado por el mensaje genético. Existe un ARNt para cada uno de los veinte aminoácidos.

El ARNr forma parte de la estructura de los ribosomas, órganos que se encargan de realizar la biosíntesis de proteínas.

- 1 Se prepara un cultivo de la bacteria *Escherichia coli* en un medio nutritivo cuya única fuente de nitrógeno es el isótopo pesado, el 15. Dicho cultivo se mantiene durante varias generaciones.
 - a) ¿Qué clase de ADN poseerán las bacterias?
 - b) Pasado un tiempo, se toman ciertas bacterias y se traspasan a un medio con nitrógeno ligero (N^{14}). ¿Qué tipo de ADN encontraríamos en la primera generación de este nuevo cultivo?
 - c) ¿Qué tipo de ADN se encontrará en la segunda generación?
 - d) ¿Y en la tercera generación?
- 2 ¿Cuántas secuencias diferentes de ADN llevan información para la síntesis del polipéptido $H_2N\text{-phe-leu-ser-pro-ala-gly-COOH}$?
- 3 Un determinado ARNm con información para la síntesis de una proteína es leído por diez ribosomas distintos. ¿Cuántas veces debe ser transcrito dicho gen para que se formen 45 000 moléculas de proteína?

- 4 La figura siguiente representa un proceso celular fundamental:



- a) Indica el nombre del proceso representado y escribe en los recuadros el nombre de los componentes señalados. ¿Cuál es la función de la molécula B?
- b) Observa la siguiente figura. Utiliza la tabla del código genético y completa los recuadros de la figura.
- c) La secuencia 5' - G C A C U G U U C U G G C A G A G A - 3' de la molécula D (primera figura) contiene información que procede de otra molécula. ¿De qué molécula se trata? ¿Cómo se llama el proceso de transferencia de información de una molécula a otra? ¿En qué compartimento celular se produce dicho proceso?

- 5 Un alumno de 2.º de bachillerato ha buscado en la página web del NCBI (National Center for Biotechnology Information) la secuencia que codifica un enzima del ratón. A continuación se reproduce una parte de la secuencia, que el alumno ha escrito en su cuaderno: AATGGCTACAGACTCTCGG:

- a) Al visitar la página web al estudiante no le ha quedado claro si la secuencia corresponde a un ARNm o a una cadena de ADN. Razona la respuesta.
- b) El estudiante puede comprobar en la página web que la secuencia completa tiene 810 nucleótidos. ¿Cuál es el número máximo de aminoácidos que puede contener esta proteína?
- c) No obstante, es muy probable que el número de aminoácidos de la proteína sea menor al calculado en el apartado b). Explica el por qué.
- d) El estudiante decide comparar la secuencia del enzima del ratón con la secuencia del mismo enzima de una vaca y de un pollo. ¿Con cuál de ellas esperaríamos que se asemejara más y por qué?

- 6 La región codificadora de un gen en eucariotas está formada por cuatro exones de 99, 75, 66 y 90 nucleótidos, respectivamente, y tres intrones, intercalados entre los exones, de 45, 63 y 42 nucleótidos, respectivamente. Indicar: a) cuántos nucleótidos tendrá el ARNm precursor; b) cuántos nucleótidos tendrá la región que se traducirá del ARNm maduro y c) cuántos aminoácidos tendrá el péptido codificado.

- 7 La *Amanita phalloides* es una seta muy venenosa. Su ingestión puede provocar la muerte del individuo. Su cuadro clínico se caracteriza por un periodo asintomático, una fase gastrointestinal con diarreas y vómitos seguida de una segunda fase de latencia y una tercera fase hepatorenal, llegando a requerir trasplante hepático. Su toxicidad se debe principalmente a toxinas denominadas anatoxinas, octapéptidos cíclicos, termoestables, siendo la alfa amanitina la más tóxica. Investiga cuál es el mecanismo de acción de dichas sustancias.

AMPLIACIÓN

1. a) Como se incorpora N^{15} , todas las bacterias poseerán en su ADN N^{15} .
 - b) Debido a que la duplicación o replicación del ADN es semiconservativa, en la primera generación las bacterias tendrán el ADN constituido por una cadena pesada (N^{15}) y una cadena ligera (N^{14}).
 - c) Después de la segunda generación la mitad de las moléculas de ADN poseerán una cadena con N^{15} y otra con N^{14} . La otra mitad de moléculas de ADN estará formada exclusivamente (ambas cadenas) por N^{14} .
 - d) En la tercera generación la cuarta parte de las moléculas de ADN será híbrida (una cadena de N^{15} y otra de N^{14}), las tres cuartas partes del ADN poseerán las dos hebras formadas por N^{14} .
2. Consultando la tabla del código genético podemos ver que el aminoácido phe es codificado por dos tripletes distintos, leu por seis; ser, por seis; pro, por cuatro; ala, por cuatro, y gly, por cuatro. Por tanto, el polipéptido es codificado por:
- Secuencias = $2 \times 6 \times 6 \times 4 \times 4 \times 4 = 4608$ secuencias diferentes.

3. 4500 veces debe ser transcrito dicho gen.

4. a) Se trata del proceso de traducción o síntesis de proteínas.

A = aminoácidos

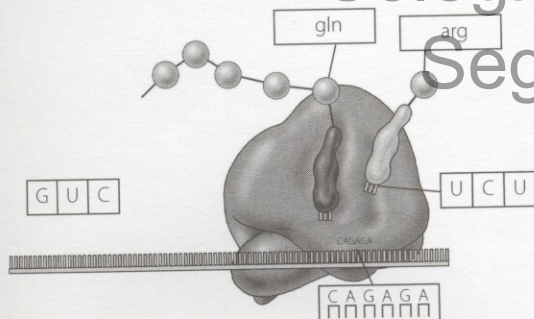
B = ARNt (de transferencia)

C = ribosomas

D = ARNm (mensajero)

Función de la molécula B: El ARNt es la molécula a la que se une el aminoácido correspondiente.

b)



c) Se trata de la molécula de ADN.

Es el proceso de transcripción.

Tiene lugar en el núcleo celular.

5. a) Se trata de ADN, ya que la secuencia posee timina, una base exclusiva del ADN.

- b) Teniendo en cuenta que un codón está formado por un triplete (3) de bases que codifica para un aminoácido, tendremos: $810 : 3 = 270$ aminoácidos.
- c) La secuencia del ADN de los eucariotas posee intrones, es decir, secuencias no codificantes, que no estarán presentes en el ARNm y que, por tanto, no se traducirán en aminoácidos.
- d) La secuencia del gen de ratón se asemejará más a la de la vaca que a la del pollo, pues hay más proximidad evolutiva y, por tanto, más parecido en las secuencias génicas entre dos especies de mamíferos (ratón y vaca) que entre las secuencias de una especie de mamífero (ratón) y una secuencia de ave (pollo).
6. a) El ARNm precursor (no maduro) tendrá la suma de intrones y exones, es decir: $99 + 75 + 66 + 90 + 45 + 63 + 42 = 480$ nucleótidos.
- b) Los intrones son segmentos que no se traducirán, por tanto, a región que se traducirá tendrá los siguientes nucleótidos: $99 + 75 + 66 + 90 = 330$ nucleótidos.
- c) El péptido codificado tendrá 109 aminoácidos. Es decir, dado que cada triplete (3 bases) codifica para un aminoácido: $330/3 = 110$, menos la tripleta de stop, que no codifica ningún aminoácido, 109.
7. Su mecanismo de acción consiste en la inhibición de la ARN-polimerasa II que interviene en la transcripción del ADN, lo que provoca el bloqueo de la formación de los ARNm, y como consecuencia la interrupción de la síntesis proteica y muerte celular.

Jesús G.C.
Colegio Claret
Segovia