

Temas 14 y 15. Genética Molecular (Transcripción, traducción, mutaciones)**Criterios de Corrección y aclaraciones añadidas****EJERCICIOS PAU (Castilla y León)**Fuente: <http://www.usal.es/node/28881>**Preguntas anteriores a 2010 ¿??**

1. Si la hebra codificante de un oligonucleótido de DNA es la siguiente:



a) Escriba la secuencia de la hebra molde del DNA.

b) Escriba la secuencia del mRNA.

c) ¿Cuántos aminoácidos codifica dicha hebra?

d) Si AUG codifica Met; CGA Arg; AGC Ser; AUU Ile y UGA stop (finalización), escriba la secuencia del oligopéptido codificado por dicha hebra.

e) Si se produce una mutación por delección del 10º nucleótido, ¿cuál sería la secuencia del oligopéptido formado?

1. Valorar la precisión de las respuestas: (a) 3'-TAATCGGCTTACTAA-5'; (b) 5'-AUUAGCCGAAUGAUU-3'; (c) 5; (d) Ile-Ser-Arg-Met-Ile y (e) Ile-Ser-Arg

2. Dadas las secuencias de polinucleótidos siguientes:



a) Indique razonadamente, en cada caso, si se trata de ADN ó ARN (1)

b) ¿Son iguales las dos cadenas que componen la doble hélice del ADN? Razone la respuesta (3)

c) Dado el siguiente fragmento de ADN 5'- CGATATAGCCGTTAA - 3', escriba cuál será su ARN mensajero y la secuencia peptídica sintetizada a partir de él, señalando con claridad cual será el extremo N- y C-terminal del péptido producido (6)

(se incluye el código genético en hoja aparte)

2. a) El alumno señalará que la presencia de T es determinante para ADN y la de U para ARN, la ausencia de ambas no indica el tipo de ácido nucleico al que se refiere. b) Asimismo, deberá explicar que las hebras del ADN son antiparalelas y complementarias. c) Por último, apoyándose en la complementaridad de bases y el código genético proporcionado, construirá el ARNm y el péptido sintetizado. Tendrá en cuenta que la síntesis de ARN sucede en dirección 5'→3' y la del péptido se realiza a partir del extremo 5' colocándose como primer aminoácido, el N-terminal.

3. La siguiente secuencia de una monohebra de ADN corresponde al inicio de un gen bacteriano:



a) Escriba la secuencia del ARNm correspondiente, indicando su polaridad. (2)

b) ¿Cuántos aminoácidos puede codificar este fragmento? (2)

c) ¿Qué características del código genético hay que aplicar para calcular el número de aminoácidos?

d) ¿Qué tipo de variación/es debería suceder en este fragmento de ADN para que produjera un polipéptido de 5 aminoácidos? Razone la respuesta. (3)

3. a) El alumno debería de ser capaz de responder que la secuencia del ARNm solicitado es: 5'-AUGUUAAGGGCCCGUUGUGUG - 3' (polaridad 5' _3'), b) que la secuencia puede codificar 7 aminoácidos, c) que en el código genético 3 bases nitrogenadas codifican un aminoácido en un código sin comas ni solapamientos y d) que la variante podría producirse por una mutación, por ejemplo una mutación génica en las bases nitrogenadas del sexto triplete UGU (que si se transformara a UGA determinaría final de cadena).

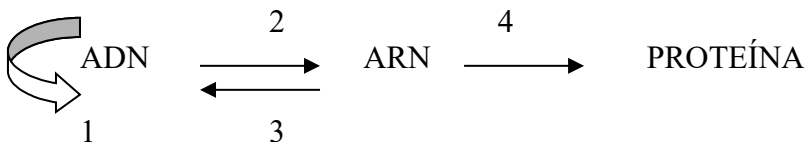
4.- a) Explique el concepto de transcripción. (3)

b) ¿En qué consiste la traducción del mensaje genético? (3)

c) Explique el papel de los ácidos ribonucleicos en el proceso de la traducción

4. Los alumnos conocerán en que consiste el flujo del mensaje genético (transcripción y traducción) y las funciones que desempeñan los diferentes tipos de ARN en la traducción.

5.- Observe el siguiente esquema:



a) ¿Cómo se denomina cada una de las etapas numeradas en el mismo? (3)

b) Indique dos diferencias entre los ARN mensajeros de eucariotas y procariotas (3)

c) ¿Qué es un intrón? (2)

d) ¿Qué es un codón? (2)

5. Valorar que el alumno sepa contestar: a) 1: replicación, 2: transcripción, 3: retrotranscripción o transcripción inversa y 4: traducción. (b) En esta cuestión el alumno mencionará diferencias como maduración, caperuza en el extremo 5', monocistrónico, etc. (c) y (d) Se valorará la precisión y claridad de los conceptos cuestionados. **Intrón:** región del ADN que forma parte de la **transcripción primaria** de ARN, pero a diferencia de los exones, son eliminados del transcrito maduro, previamente a su traducción. ; **codón:** La información genética, en el ARNm, se escribe a partir de cuatro letras, que corresponden a las bases nitrogenadas (A, C, G y U), las cuales van funcionalmente agrupadas de tres en tres. Cada grupo de tres se llama codón y lo que hace es codificar un aminoácido o un símbolo de puntuación (Comienzo, parada).

6. Indique si las afirmaciones siguientes son ciertas o falsas, razonando la respuesta:

a) Si se introduce en el ARNm formado durante la transcripción de un gen estructural un uracilo en la posición donde debería colocarse una citosina se produce una mutación.

b) Tanto en procariotas como en eucariotas, el ARNm puede ser traducido nada más sintetizarse.

c) En el ADN las dos hebras se replican por mecanismos diferentes.

d) Si dos genes estructurales tienen diferentes secuencias de tripletes podremos afirmar que codificarán diferentes cadenas peptídicas.

6. Incluirá respuestas del tipo: a) Falsa: Teniendo en cuenta que la definición de mutación es "todo cambio en el material genético que es detectable y heredable", un cambio como el

propuesto no es una mutación ya que los cambios deberían producirse en el ADN y no en el ARN. b) Falsa: En procariotas puede comenzar la traducción incluso antes de que termine su síntesis ya que el ARNm no se fabrica dentro de ningún núcleo y no hay por lo tanto ningún obstáculo. En eucariotas la síntesis de ARNm se produce dentro del núcleo por lo que debe salir de él para ser traducido. Antes de salir deberá sufrir un proceso de maduración en el que se eliminan las secuencias *intercaladas* (intrones) y se empalmen las secuencias *estructurales* (exones). c) Verdadera: Las ADN polimerasas sintetizan en dirección 5' a 3'. Por ello, una de las hebras se sintetiza de manera continua (la hebra conductora), mientras que la otra (la retardada) lo hace de manera fragmentada (fragmentos de Okazaki). d) Falsa: No puede afirmarse tal cosa ya que el código genético es degenerado, es decir varios tripletes diferentes pueden codificar el mismo aminoácido.

7. Con respecto al flujo de la información genética desde los cromosomas hasta las proteínas:

- Nombre secuencialmente y por orden las biomoléculas por las que pasa la información genética. (3)
- Mencione las estructuras celulares que intervienen en esa ruta. (3)
- Si comparamos una célula hepática con una célula renal del mismo individuo: ¿contendrá su ADN la misma información? Y las proteínas de ambas células ¿serán las mismas? Razone las respuestas. (4)

7. El alumno debe responder: (a) y (b) ADN nuclear, el ARNm (que copia la información del ADN en el núcleo y, tras su procesado, sale al citoplasma), el ARNt (que traducen el mensaje del ARNm en los ribosomas reticulares o libres). (c) Que, puesto que todas las células de un mismo organismo descienden por mitosis de la misma célula (cigoto), todas las células (incluidas las de hígado y riñón) contienen el mismo ADN y, por tanto, la misma información genética (salvo mutaciones posteriores). Asimismo, debería razonar que, aunque todas las células pueden fabricar las mismas proteínas (de hecho, la mayor parte de las proteínas de las células de un organismo son idénticas), cada tipo de célula sintetiza algunas proteínas específicas necesarias para desarrollar su función. Por tanto, algunas proteínas aparecerán exclusivamente en las células hepáticas y otras diferentes en las renales.

8.- La siguiente secuencia polinucleotídica corresponde a un fragmento de inicio de un gen bacteriano:

5' ATGCGAGGGCCCTGCGTGCTG 3'

3' TACGCTCCCGGGACGCACGAC 5'

- Escriba la secuencia de bases del ARNm que se pueda transcribir a partir de dicho fragmento (5) y señale su polaridad (1).
- Indique el número máximo de aminoácidos que puede codificar el ARNm transcrito (2) y el criterio en que se basa para dar su respuesta (2).

8. El alumno conocerá el mecanismo de la transcripción y sabrá que el ARNm es una copia de la secuencia molde de ADN, que se sintetiza según el principio de complementariedad de las bases entre ADN y ARN y que la síntesis tiene lugar en el sentido 5' → 3'. También establecerá la equivalencia entre un codón y un aminoácido y deducirá que se pueden sintetizar un máximo de siete aminoácidos, aunque la fenilmetionina (codificada por el triplete AUG) pueda eliminarse posteriormente. **ACLARAR**

9.- El esquema adjunto muestra el proceso por el que la información contenida en la secuencia de ADN se usa para sintetizar una proteína en una célula eucariota.

5'-ATTTCGATGCGTCCTT-3' ADN

3'-TAAGCTACGCAGGAA-5'

- 1)
5'-AUUCGAUGCGUCCUU-3' ARN
2)
Ile-Arg-Cys-Val-Leu Proteína

- b) ¿Cómo se denominan cada uno de los pasos 1) y 2) indicados con flechas en el esquema? ¿En qué compartimento celular se llevan a cabo cada uno de ellos? (4)
c) A partir del esquema deducir qué codones corresponden a cada uno de los aminoácidos.
d) Una mutación puntual provoca que la primera base del ARN mensajero pase a ser una C en vez de una A. ¿Qué cambio puede originar esto en la secuencia de la proteína?

10.- En la replicación del ADN

- a) Explique qué significa que la replicación es semiconservativa. (2)
b) ¿Qué significa que la replicación del ADN es bidireccional? (2)
c) Explique las semejanzas y diferencias en la síntesis de las dos hebras de ADN en una horquilla de replicación.

10. a) El término "semiconservativa" se refiere a que cada cadena preexistente de ADN sirve de molde para la síntesis de una cadena nueva. b) Formada la horquilla de replicación, la síntesis de ADN se realiza en ambas direcciones de la horquilla. c) El alumno debería comentar las peculiaridades de la síntesis de las hebras conductora y retardada (fragmentos de Okazaki), describiendo las enzimas que participan y la mecánica de la síntesis de ambas hebras.

2006

4. Explica brevemente los aspectos estructurales del modelo de Watson y Crick de la molécula de ADN. ¿Cómo se encuentra codificada la información genética?

Junio 2010

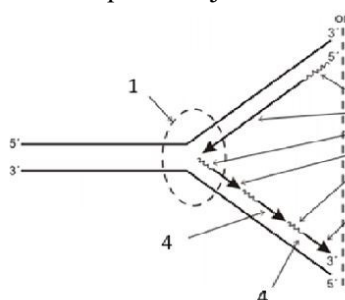
General (Propuesta 5/2010)

- 4.- Indique las moléculas y estructuras subcelulares, necesarias para que se inicie la traducción (síntesis de proteínas) en procariontes en el citosol de una célula.

De forma concisa explicará los elementos necesarios para iniciar la síntesis citosólica de proteínas. Brevemente: **Para la activación** de aminoácidos, los 20 aminoácidos, los ARNt de los aminoácidos, las enzimas tRNA aminoacil sintetasa específicas, ATP como donador de energía. **Para el inicio de la síntesis**, los ribosomas con sus dos subunidades separadas, el ARNm que será traducido, los factores proteicos de iniciación IF₁, IF₂, IF₃ y GTP como donador de energía.

Específica (Propuesta 6/2010)

- 4.- El esquema adjunto corresponde a un importante proceso biológico:



- a) ¿Qué proceso representa? ¿En qué fase del ciclo celular se produce?
b) ¿Qué finalidad tiene este proceso?
c) 2 y 3 son las cadenas de nueva síntesis, indique la denominación de cada una de ellas.
d) ¿Qué representan 1, 4 y 5?
e) ¿Por qué tiene que producirse la estructura marcada como 4?

- a) Representa la **replicación** (o **duplicación**) del ADN. Ocurre en la **fase S** del ciclo celular.
- b) Su finalidad es duplicar cada doble hélice de ADN y obtener dos copias con secuencias de nucleótidos idénticas. Esto posibilita que una célula se pueda dividir en dos células, ambas con idéntica información genética.
- c) 2 es la **hebra conductora** y 3 la **retardada** (o rezagada).
- d) 1 representa la **horquilla de replicación** (considero que también sería válido mencionar la enzima **helicasa**), 4 los **fragmentos de Okazaki** y 5 el **cebador de RNA**.
- e) Los fragmentos de Okazaki son necesarios ya que la polimerasa sintetiza siempre en dirección $5' \rightarrow 3'$ y al ser simultánea la replicación de ambas hebras es necesario que la rezagada se sintetice en fragmentos.

Septiembre 2010**General** (Propuesta 4/2010)

4.- Respecto a la expresión génica:

- a) El proceso de traducción se realiza siguiendo diferentes etapas. Describa los elementos que participan en la etapa de iniciación y cómo se realiza. (8).
- b) ¿Cuál es la enzima responsable de que se inicie el proceso de transcripción? (2)

El alumno conocerá los mecanismos de transcripción y traducción. Deberá indicar todos los componentes de la etapa de iniciación de la traducción: Subunidades ribosomales, ARNm con su codón de iniciación, ARNt-Met y explicará dicho proceso pudiéndose ayudar de un esquema. En el apartado b) podrá responder con respuestas del tipo: ARN polimerasas.

Específica (Propuesta 3/2010)

4.- Un fragmento de ADN presenta la siguiente secuencia de bases:

5'... TTCGTTACACCCGCCTCTGGTGCA...3'
3'... AAGCAATGTGGGCGGAGACCACGT... 5'

Utilizando como molde la hebra correspondiente, tras su expresión da lugar a un fragmento de proteína con la siguiente secuencia de aminoácidos:

...Phe-Val-Thr-Pro-Ala-Ser-Gly-Ala...

- a) ¿Cuál sería el fragmento correspondiente al ARN mensajero? (4)
- b) ¿Cuál será el codón de la prolina (Pro)? (2) ¿y en el caso de la alanina (Ala)? (2). Razone la respuesta. (2)

Debe calificarse la precisión y capacidad del alumno para explicar las respuestas: a) ARNm $5' \text{UUCGUUACACCCGCCUCUGGUGCA } 3'$; b) El codón de la prolina es CCC, y la alanina presenta dos codones: GCC y GCA, haciendo hincapié en que el código genético es degenerado, porque varios tripletes o codones codifican para un mismo aminoácido.

Junio 2011 Propuesta 4 /2011.

4.- a) Dado el siguiente fragmento de ADN monocatenario

$3' \dots \text{TAC GGA GAT TCA AGA GAG} \dots 5'$ y del correspondiente ADN mutante

$3' \dots \text{TAC GGG ATT CAA GAG AG} \dots 5'$ ¿Qué tipo de mutación se ha producido? (3)

- b) ¿La mutación incluida en el apartado (a) puede conllevar alteraciones graves?, razona la respuesta. (2)
- c) Indicar qué son las aneuploidías y euploidías. (2)
- d) Poner tres ejemplos de agentes mutágenos exógenos. (3)

El alumno indicará que en el ADN mutado se ha producido una pérdida de un nucleótido (delección) y se correspondería con una mutación grave, ya que se produce un corrimiento en el orden de lectura y, por tanto, se alteran todos los tripletes siguientes. Se expondrá que la aneuploidía y euploidía son mutaciones genómicas y, por tanto, alteraciones en el número de cromosomas propio de una especie. Se valorará la precisión del alumno en la definición de ambas mutaciones y en el acierto en los ejemplos de agentes mutágenos exógenos.

Septiembre 2011 Propuesta 3/2011.

4. Observa el siguiente segmento de ADN:

5' G C T T C C C A A 3'
 3' C G A A G G G T T 5'

		CODIGO GENETICO					
		SEGUNDA BASE					
PRIMERA BASE		U	C	A	G	TERCERA BASE	
		U	UUU Phe UUC UUA UUG Leu	UCU UCC Ser UCA UCG	UAU Tyr UAC UAA FIN UAG FIN		
C	CUU CUC CUA CUG Leu	CCU CCC CCA CCG Pro	CAU His CAC CAA CAG Gln	CGU Arg CGC CGA CGG	U C A G		
A	AUU AUC Ile AUA AUG Met	ACU ACC ACA ACG Thr	AAU Asn AAC AAA AAG Lys	AAG Ser AGC AGA AGG Arg	U C A G		
G	GUU GUC GUA GUG Val	GCU GCC GGA GGC Ala	GAU Asp GAC GAA GAG Glu	GGU Gly GGC GGA GGG	U C A G		

- a) Escribe la molécula de ARN que se transcribiría a partir de este segmento. Considera que la ARN polimerasa usa la hebra superior como molde cuando va a sintetizar ARN. Marca los extremos 5' y 3' del ARN. (2)
- b) Consultando el código genético, escribe la secuencia de aminoácidos que se produciría al traducir este ARN. Marca los extremos carboxilo y amino de este péptido. (2)
- c) Repite la operación asumiendo ahora que la hebra usada como molde por la ARN polimerasa es la inferior. (4)

d) Con esta información, ¿Podrías saber a ciencia cierta cuál de las dos cadenas de este fragmento de ADN se usa como molde? Explica por qué. (2)

El alumno responderá:

- a) 5' U U G G G A A G C 3' (Conviene recordar que la ARN polimerasa lee la hebra molde de ADN en dirección 3' → 5' y sintetiza la hebra de ARN en dirección 5' → 3')
- b) N – Leu Gly Ser – C
- c) 5' G C U U C C C A A 3' y N – Ala Ser Gln – C
- d) La respuesta correcta es que no se puede deducir.

El fragmento es pequeño y no existen codones de inicio de la traducción o de parada en ninguno de los dos casos que pudieran servir de pista. Se valorará que en la explicación el alumno denote conocer el concepto de que las dos hebras del ADN contienen información que puede potencialmente transcribirse y traducirse en proteína.

Junio 2012 Propuesta nº 1/ 2012.

- 4.- a) Indique las funciones de las siguientes enzimas que participan en la replicación del ADN: helicasa y topoisomerasa. (2)
- b) ¿Qué es la transcripción? Indique y explique brevemente sus etapas. (5)
- c) Transcriba la siguiente secuencia de ADN (2)

5'- GCCGTATGCCCA TAG-3'

d) ¿Qué nombre reciben las secuencias de inicio a las que se une la ARN polimerasa?
(1)

- a) El alumno reconocerá la helicasa como enzima que separa las hebras molde, la topoisomerasa elimina las tensiones de las hebras.
- b) La transcripción es el proceso de síntesis de ARN a partir de ADN. Las etapas son inicio, elongación y terminación y se valorará la claridad en la explicación.
- c) La secuencia complementaria será 5'- CTAUGGGCAUACGGC -3' (???, ERROR, no hay T en el ARN, la secuencia también puede escribirse 3' CGGCAUACGGGUAUC 5').
- d) Las secuencias de inicio son las secuencias promotoras.

Septiembre 2012 Propuesta nº 4 / 2012.

4.- En relación con la información genética y sus alteraciones:

- a) Si un polipéptido tiene 110 aminoácidos, indica cuántos nucleótidos tendrá el fragmento del ARNm que codifica a esos aminoácidos. Razone la respuesta. (1)
- b) ¿Qué significa que el código genético está degenerado? (1)
- c) En un fragmento de ADN que codifica a un polipéptido se produce una mutación puntual, que afecta a un par de bases. Cuando la célula sintetice el polipéptido, a éste le podría haber ocurrido uno de los cuatro hechos siguientes:
 1. Que se codifique el mismo aminoácido que el sintetizado antes de la mutación.
 2. Que un aminoácido sea sustituido por otro.
 3. Que el nuevo polipéptido sintetizado sea más corto.
 4. Que el nuevo polipéptido sintetizado sea más largo.

Basándote en tus conocimientos del código genético, explica por qué puede darse cada uno de estos resultados. (8)

- a) El alumno debe responder que el fragmento de ARNm tiene 330 nucleótidos porque cada aminoácido está codificado por un codón de tres nucleótidos.
- b) La mayoría de los aminoácidos están codificados por más de un codón.
- c) Debe razonar que la **situación 1** se produce cuando la mutación ha cambiado un codón por otro que también codifica para el aminoácido en cuestión debido a la degeneración del código. La **situación 2** se da cuando la mutación hace aparecer un codón que codifica para otro aminoácido (probablemente cambios en la primera o segunda posición del codón). La **situación 3** se produciría si el cambio hace que aparezca un codón de terminación (uno de los tres posibles). La **situación 4** puede originarse si el cambio hace que desaparezca un codón de terminación.

Junio 2013 Propuesta nº 3 / 2013.

4.- Responda sobre la traducción:

- a) ¿Cuál es la función de estos elementos en dicho proceso?: Ribosoma, ARNm, ARNt, anticodón, sitio peptídico. (5)
- b) ¿Cuáles son las fases de dicho proceso? (3)
- c) ¿Todas las proteínas recién sintetizadas en eucariotas poseen metionina en su extremo N-terminal? Razone la respuesta. (2)

- a) El alumno indicará que el ribosoma es donde se realiza la síntesis proteica, el ARNm el que lleva la información para sintetizar la proteína, el ARNt es el

encargado de transportar los aminoácidos hasta el ribosoma, el anticodón está formado por tres bases nitrogenadas que son complementarias con las bases del codón en el ARNm. El sitio peptídico es el lugar del ribosoma donde se sitúa la cadena polipeptídica en formación.

b) Las fases de la traducción son iniciación, elongación y terminación.

c) En eucariotas el extremo N-terminal siempre contiene metionina ya que el codón de iniciación de la traducción está formado por AUG lo que supone que el primer ARNt lleva unido el aminoácido N-metionina.

Septiembre 2013 Propuesta 1 / 2013.

4.- En relación al material genético y su metabolismo:

a) Indique que es el código genético y explique qué quiere decir que está degenerado.

b) Defina el proceso de transcripción e indique sus etapas.

c) Indique qué son los fragmentos de Okazaki y qué enzima se encarga de su síntesis.

d) Señale las modificaciones durante la maduración de un transcrito primario de mRNA de eucariotas.

e) Escriba la secuencia de mRNA a partir de la siguiente secuencia de DNA e indique cuál es el número máximo de aminoácidos que puede codificar y explíquelo razonadamente:

3'- CCATTGGGCCACCAGGAT-5'

a) El código genético es el conjunto de reglas que determinan la correspondencia entre la secuencia de nucleótidos del mRNA y la secuencia de aminoácidos en la proteína, se dice que está degenerado ya que la mayor parte de los aminoácidos están codificados por más de un codón.

b) La transcripción consiste en la síntesis de una molécula de RNA por unión complementaria a una de las cadenas de DNA que sirve de molde o plantilla. Consta de tres etapas: inicio, elongación y terminación.

c) Los fragmentos de Okazaki son pequeños fragmentos de DNA que se sintetizan durante la replicación de la cadena de DNA retardada y la enzima que se encarga de su síntesis es la DNA polimerasa.

d) Durante la maduración del mRNA tiene lugar: corte de intrones y unión de exones o **splicing**, modificación de los extremos 5' (adición de la caperuza de metilguanosa trifosfato) y 3' (adición de cola de poliA).

e) El alumno tendrá que poner la secuencia complementaria teniendo en cuenta que en el RNA aparece Uracilo y la polaridad de la hebra y el número máximo de aminoácidos que puede codificar es de 6 teniendo en cuenta que cada aminoácido está codificado por un codón.

Junio 2014 Propuesta nº 5/ 2014

4. En relación al proceso de replicación:

a) Realice un dibujo e identifique en él todos los componentes que participan tanto en la cadena conductora como en la retrasada. (4)

b) ¿Por qué la síntesis es continua en una de las cadenas y discontinua en la otra? (2)

c) Si se produce una mutación puntual por sustitución de una base por otra distinta, ¿qué alteraciones esperaríamos encontrar? (2)

d) Cite alguna enzima que participe en la reparación del DNA y señale su función. (2)

a) Se realizará un dibujo claro de la horquilla de replicación en el que se incluyan los siguientes elementos: hebra conductora, hebra retrasada, helicasa, fragmentos de Okazaki, DNA polimerasa, etc. (ARN polimerasa o primasa, primers, ADN polimerasas I y III, ADN ligasa, proteínas estabilizadoras)

- b) Se explicará que en la horquilla de replicación la síntesis de DNA es bidireccional y que la DNA polimerasa solo añade nucleótidos en sentido $5' \rightarrow 3'$, por lo tanto sobre la hebra de DNA $3' \rightarrow 5'$ la transcripción será continua mientras que sobre la hebra de DNA $5' \rightarrow 3'$ no se puede sintetizar una hebra complementaria continua en dirección $3' \rightarrow 5'$, por lo que se van sintetizando pequeños fragmentos en dirección $5' \rightarrow 3'$, los fragmentos de Okazaki, que posteriormente se unirán por la acción de las ligasas.
- c) Se explicará que tras una mutación puntual por sustitución se puede producir un cambio de aminoácido en la proteína que se origina, o bien, puede no tener ningún efecto debido a que el código genético está degenerado y un mismo aminoácido está codificado por varios codones.
- d) Respecto a la reparación del DNA el alumno podrá señalar como enzimas a las endonucleasas o las exonucleasas indicando su función.

Septiembre 2014 Propuesta nº 6/ 2014

4. En relación al material genético conteste a las siguientes cuestiones:

- Defina los términos replicación semiconservativa y topoisomerasa. (2)
- Explique dos características del código genético. (2)
- Defina mutación génica y mutación cromosómica. (2)
- Indique el orgánulo y las moléculas que intervienen en el proceso de traducción y enumere sus etapas. (4)

En (a) y (c) se valorará la claridad y exactitud de las definiciones. En (b) el alumno podrá indicar que el código genético está **formado por tripletes**, que es **degenerado**, es **universal**, **carece de solapamientos**, etc. En el proceso de traducción intervienen los ribosomas (libres o unidos a la membrana del retículo endoplasmático rugoso), un mRNA y los aminoacil-tRNA y consta de tres etapas inicio, elongación y terminación.

a) **Replicación semiconservativa**: es la forma en la que se replica el ADN de los seres vivos. Cada hebra de la doble hélice sirve de molde para la síntesis de una hebra nueva, de manera que las dos hélices resultantes están formadas por una hebra antigua y otra de nueva síntesis. Fue propuesta como teoría por Watson y Crick y corroborada por el experimento de Meselson y Stahl en 1957.

Topoisomerasa: enzimas encargadas de eliminar las tensiones y los superenrollamientos producidos en la molécula de ADN durante su replicación.

c) **Mutación génica**: produce alteraciones en la secuencia de nucleótidos de un gen. **Mutación cromosómica**: cuando las mutaciones afectan a las secuencia de los genes de un cromosoma.

Junio 2015 Propuesta nº 6 / 2015

4.- Respecto a la transcripción:

- Explique en qué consiste e indique el enzima que lleva a cabo este proceso. Cite las etapas en las que se divide este proceso. (5)
- Indique dos diferencias entre la transcripción en procariotas y en eucariotas. (2)
- Defina promotor, burbuja de transcripción e intrón. (3)

a) Se definirá transcripción como el proceso por el que se sintetiza ARN a partir de ADN por la acción de la ARN polimerasa. Sus etapas se identificarán como iniciación, elongación y terminación.

b) Entre otras diferencias en la transcripción podrá indicar el número de ARN polimerasas que intervienen, que los genes son continuos en procariontes y discontinuos en eucariontes, etc.

c) Se valorará la claridad en las definiciones requeridas.

Promotor: región de ADN que no se transcribe y que controla la iniciación de la transcripción de una determinada porción de ADN o ARN. Contiene unas secuencias (secuencias de consenso) a las que se une la ARN polimerasa. Determina cuál de las dos cadenas debe ser transcrita. A veces es común a varios genes (operón). **Burbuja de transcripción** (o burbuja de replicación, o replicón): estructura circular formada entre dos horquillas de replicación enfrentadas, en su centro se localiza el origen de replicación. **Intrón:** es una región del ADN que no forma parte de la transcripción primaria de ARN, a diferencia de los exones que son regiones que codifican para una determinada proteína. Los intrones se eliminan durante la maduración.

Septiembre 2015 Propuesta nº 5/ 2015

4.- a) Identificar los procesos celulares (A), (B) y (C) e indicar la ubicación celular de estos procesos en células eucariotas y procariontes. (4)



b) La hebra molde de la región codificante de un gen eucariota que codifica para ARNm contiene la siguiente proporción de bases nitrogenadas: A = 24,7 %, G = 26,0 %, C = 25,7% y T = 23,6 %. Indicar cuál será la proporción de bases del ARNm transcrito primario. ¿Esta proporción será la misma en el ARNm maduro? Razonar la respuesta. (3)

c) Definir los siguientes conceptos: deleción, aneuploidía y poliploidía. (3)

a) Se identificarán (A) replicación, (B), transcripción y (C) traducción. Se explicará que en células eucariotas la replicación y transcripción se llevan a cabo en el núcleo celular y la traducción en el citoplasma, mientras que en procariontes, carentes de núcleo celular, ocurren en el citoplasma.

b) Teniendo en cuenta la complementariedad entre bases, se concretará la siguiente proporción de bases nitrogenadas: A = 23,6 %, G = 25,7 %, C = 26,0 %, U = 24,7 %. Se deberá razonar que en eucariotas los intrones se transcriben pero no se traducen por lo que son eliminados durante el proceso de maduración.

c) Se valorará la claridad y precisión en las definiciones.

Deleción: es un tipo especial de anomalía estructural cromosómica que consiste en la pérdida de un fragmento de ADN de un cromosoma. Esta pérdida origina un desequilibrio, por lo que las deleciones están incluidas dentro de las reordenaciones estructurales desequilibradas. El portador de una deleción es monosómico respecto a la información genética del segmento correspondiente del homólogo normal, por eso en ocasiones las deleciones son denominadas monosomías parciales. **Aneuploidía:** el término hace referencia al cambio en el número cromosómico, que pueden dar lugar a enfermedades genéticas. Un aneuploide es un individuo cuyo número de cromosomas difiere del tipo silvestre o euploide en parte de su dotación cromosómica, debido a un cromosoma extra o ausente, que siempre se asocia con una deficiencia en el desarrollo físico, mental o ambos. Generalmente, la dotación cromosómica aneuploide sólo difiere de la salvaje en uno o pocos cromosomas. La aneuploidía se puede observar frecuentemente en células cancerosas. En los animales sólo son viables las monosomías y las trisomías, ya que las nulisomías son letales en

individuos diploides. **Poliploidía:** fenómeno por el cual se originan células, tejidos u organismos con tres o más juegos completos de cromosomas.

Junio 2016 Propuesta nº 2 / 2016

4.- En relación con la replicación: a) Defina en qué consiste y nombre **la enzima** encargada de este proceso. (2) b) Explique por qué se dice que es semiconservativa, bidireccional y asimétrica. (5) c) Defina horquilla de replicación, cebador y fragmentos de Okazaki. (3)

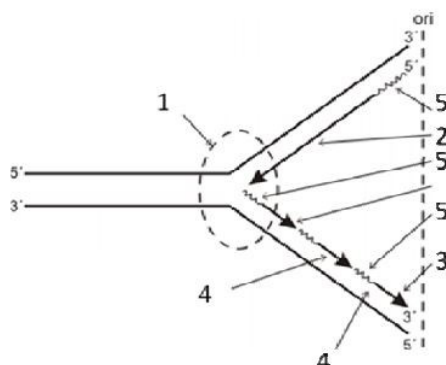
4.- a) Se podrá definir replicación como el proceso por el cual a partir de una molécula de ADN de doble hélice se obtienen dos moléculas de ADN con la misma secuencia de bases. La enzima encargada de este proceso es la **ADN polimerasa**, aunque el proceso completo es llevado a cabo por un complejo conjunto de enzimas b) **Semiconservativo** hace referencia a que las dos moléculas de ADN obtenidas tienen una cadena recién sintetizada y otra cadena procedente del ADN original; **bidireccional** a que la síntesis de ADN tiene lugar en dirección 5'→3' en una de las cadenas y 3'→5' en la cadena complementaria; y **asimétrica** a que la hebra 5'→3' del ADN se sintetiza de forma continua (hebra conductora) mientras que la hebra 3'→5' lo hace de forma discontinua (hebra retardada) debido a que la polimerasa solo sintetiza en dirección 5'→3'. c) Se valorará la precisión en la definición de los términos solicitados. **Horquilla de replicación:** ; **cebador:** ; **fragmentos de Okazaki:**

Septiembre 2016 Propuesta nº 1 / 2016

4.- En relación al código genético responder a las siguientes cuestiones: a) Escriba la secuencia de una cadena con la que podría formar una doble hélice el segmento de ADN siguiente: 5'-ATTCTTGGCATTTCGC-3'. Si se iniciara la replicación de la secuencia dada, con un fragmento de Okazaki, explique ayudándose de un dibujo, en qué sentido avanzaría la replicación. (4) b) Dado el segmento de una cadena de ADN siguiente: 3'-TACAAGTTTGGTTACTTG-5' ¿Cuál sería la secuencia de bases en una cadena de ARNm transcrita a partir de ese segmento de ADN? ¿Cuál sería la secuencia de aminoácidos codificada por el ARNm? (6)

		Segunda base				
		U	C	A	G	
Primera base	U	UUU } Phe UUC } UUA } UUG } Leu	UCU } UCC } Ser UCA } UCG }	UAU } Tyr UAC } UAA } Stop UAG } Stop	UGU } Cys UGC } UGA } Stop UGG } Trp	U C A G
	C	CUU } CUC } Leu CUA } CUG }	CCU } CCC } Pro CCA } CCG }	CAU } His CAC } CAA } Gin CAG }	CGU } CGC } Arg CGA } CGG }	U C A G
	A	AUU } Ile AUC } AUA } AUG } Met	ACU } ACC } ACA } ACG }	AAU } Asn AAC } AAA } AAG } Lys	AGU } Ser AGC } AGA } AGG } Arg	U C A G
	G	GUU } GUC } Val GUA } GUG }	GCU } GCC } GCA } GCG }	GAU } GAC } Ala GAA } GAG }	GGU } GGC } GGA } GGG }	U C A G
		Tercera base				

4.- En el apartado a) se determinará la secuencia 3'-TAAGAACCGTAAGCG-5' como complementaria y se valorará la precisión de la explicación y del esquema representado (ver esquema a continuación). En el apartado b) se indicará como ARNm 5'-AUGUUCAACCAAUGAAC-3' y 5'-met-phe-lys-pro-met-asn-3' la secuencia de aminoácidos codificada.



La replicación con un fragmento de Okazaki avanzaría en dirección 3'--> 5',
añadiendo nucleóticos en dirección 5'-->3'

Junio 2017 ...alguno daría un riñón...

Septiembre 2017