

3. Anabolismo heterótrofo: Biosíntesis de proteínas (autoduplicación del ADN, transcripción, traducción).

- Replicación, transcripción y traducción
- Replicación: Papel de la ADN polimerasa. Burbujas y horquillas de replicación. Hebra conductora, hebra retardada, cebador o primer, fragmentos de Okazaki. Concepto de telómeros y telomerasas.
- Características del código genético. Importancia del código.
- Transcripción. Papel de la ARN polimerasa. Fases: iniciación, elongación, terminación y maduración. Exones e intrones.
- Concepto de retrotranscripción.
- Traducción: elementos implicados. Polisomas. Activación de los ARNt. Iniciación, elongación y terminación. Concepto de codones de inicio y codones mudos o de parada (No es necesario saber los codones).

3. ANABOLISMO HETERÓTROFO.

3.1.- El anabolismo heterótrofo.

El **anabolismo heterótrofo** es la formación de moléculas complejas a partir de otras más sencillas. Éstas se denominan **moléculas precursoras**. Este proceso se realiza tanto en células heterótrofas como en autótrofas. En el anabolismo heterótrofo podemos distinguir dos fases: una primera de **biosíntesis de monómeros** (a partir de los precursores – glucosa) y una segunda de **biosíntesis de polímeros** (a partir de los monómeros – glucógeno). Las moléculas orgánicas precursoras pueden proceder de:

1. Catabolismo de las sustancias de reserva (en células heterótrofas y autótrofas).
2. Digestión de los alimentos (sólo en células heterótrofas).
3. Fotosíntesis o quimiosíntesis (sólo en células autótrofas).

En muchos casos las vías anabólicas heterótrofas y catabólicas son muy parecidas en sentido inverso, pero no iguales. Esto se debe a que no todas las enzimas pueden actuar en sentido inverso. Cuando una enzima no puede realizar una ruta metabólica inversa, se necesitan otra u otras enzimas que la realicen, de esta forma aparecen otros metabolitos distintos y por tanto se considera una ruta metabólica diferente.

Este es un sistema que tienen las células para poder determinar el sentido necesario del metabolismo en cada caso y de esa forma evitar el caos metabólico.

El anabolismo heterótrofo podemos dividirlo en anabolismo de los glúcidos, lípidos, proteínas y ácidos nucleicos.

Procesos del Anabolismo		
GLÚCIDOS	Ác. Pirúvico	Glucosa (gluconeogénesis y es casi la inversa de la glucólisis)
	Glucosa	Glucógeno
LÍPIDOS	Acetil-Co A	Ácidos grasos
PROTEÍNAS	Aminoácidos	Proteínas
ÁC. NUCLEICOS	Nucleótidos	ADN (Replicación)
		ARN (Transcripción)

Estos procesos son de síntesis de moléculas complejas a partir de otras más simples, por tanto

vamos a necesitar un aporte energético. Ese aporte lo realiza el ATP, que al oxidarse cede su energía para que se formen moléculas más complejas, por tanto estas reacciones son endergónicas (necesitan energía para almacenarla en forma de enlace químico). El ATP procederá del catabolismo, de la fotosíntesis o de la quimiosíntesis.

En vegetales la mayor parte de la energía se utilizará en sintetizar glúcidos, mientras que en animales será para sintetizar proteínas. La mayoría de las rutas del anabolismo heterótrofo suceden en el citosol, excepto:

1. La síntesis de ácidos nucleicos que se da en el núcleo, mitocondrias y cloroplastos.
2. La síntesis de proteínas que se da en los ribosomas.
3. La síntesis de fosfolípidos y colesterol que se da en Retículo endoplasmático.
4. La glucosilación de lípidos y proteínas que se da en el R. E. y se continúa en el A. G.

3.2 REPLICACIÓN DEL ADN

El ADN, portador de la información genética, debe transmitirse fielmente a cada una de las células hijas obtenidas tras la división celular. Por lo tanto, antes de producirse ésta, es imprescindible que el ADN forme una réplica exacta de si mismo, para disponer de dos copias iguales. Este proceso se conoce con el nombre de replicación o duplicación del ADN y tiene lugar durante la **fase S** ("síntesis") de la interfase.

MECANISMO DE REPLICACIÓN DEL ADN.

Aunque la replicación fue estudiada inicialmente en células procariotas, luego se comprobó que el mecanismo es similar en las eucariotas. En ambos casos se dan dos etapas: iniciación y elongación.

- **Inicio de la replicación.**

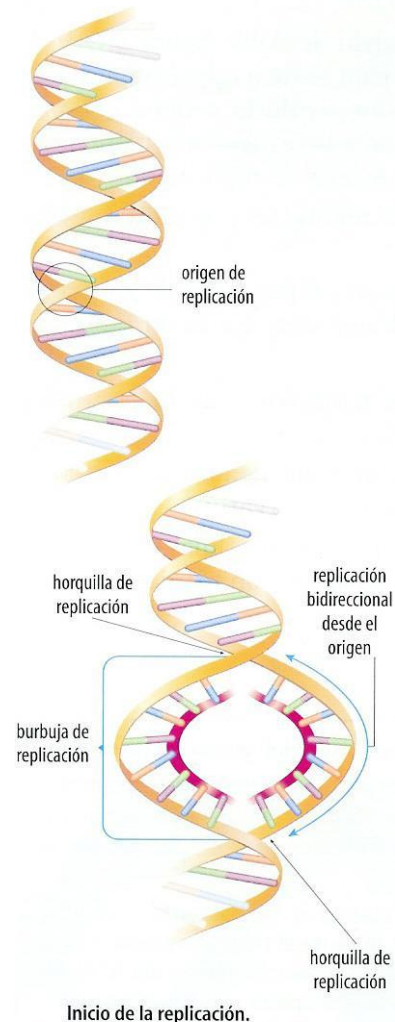
La replicación comienza en ciertas zonas del ADN donde existen determinadas secuencias de nucleótidos (abundan las secuencias GATC). A estos puntos se les llama "origen de replicación".

El proceso se inicia con una enzima denominada **helicasa** que separa las dos hebras de ADN al romper los puentes de H entre las bases nitrogenadas complementarias.

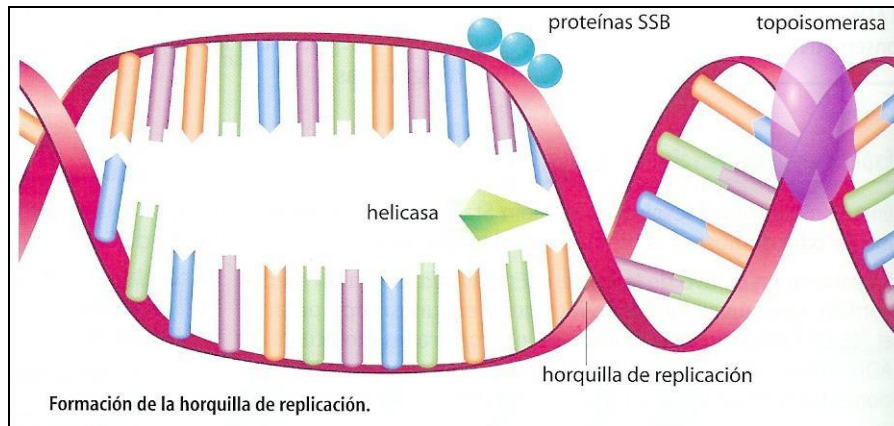
Las separaciones de las cadenas, provoca superenrollamientos en las zonas vecinas, por lo que existen otras enzimas, las **topoisomerasas**, que eliminan la tensión. Para ello cortan una de las dos hebras (topoisomerasa I) o las dos (topoisomerasa II o girasa en procariotas) y una vez eliminadas las tensiones, las empalman nuevamente.

Una vez separadas las dos hebras se mantienen así por la unión de unas **proteínas SSB** ("single strand binding proteins", proteínas de unión a la hebra sencilla).

En el lugar de origen de la replicación se ha formado una **burbuja de replicación** en la que hay dos zonas, con forma de Y, denominadas **horquillas**



de replicación, donde se van a sintetizar las nuevas hebras de ADN. La burbuja de replicación se va extendiendo a lo largo del cromosoma en los dos sentidos, de ahí que se diga que la replicación es **bidireccional**.

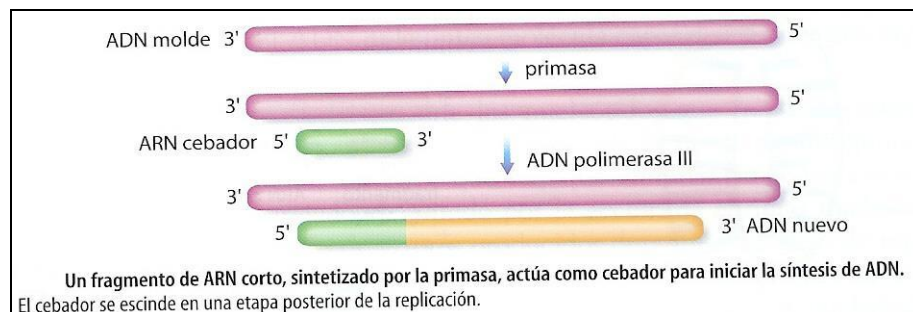


- **Alargamiento.**

A continuación comienza la síntesis de las hebras complementarias sobre cada una de las originales. El proceso se lleva a cabo mediante la enzima **ADN polimerasa III**, que tiene las siguientes características:

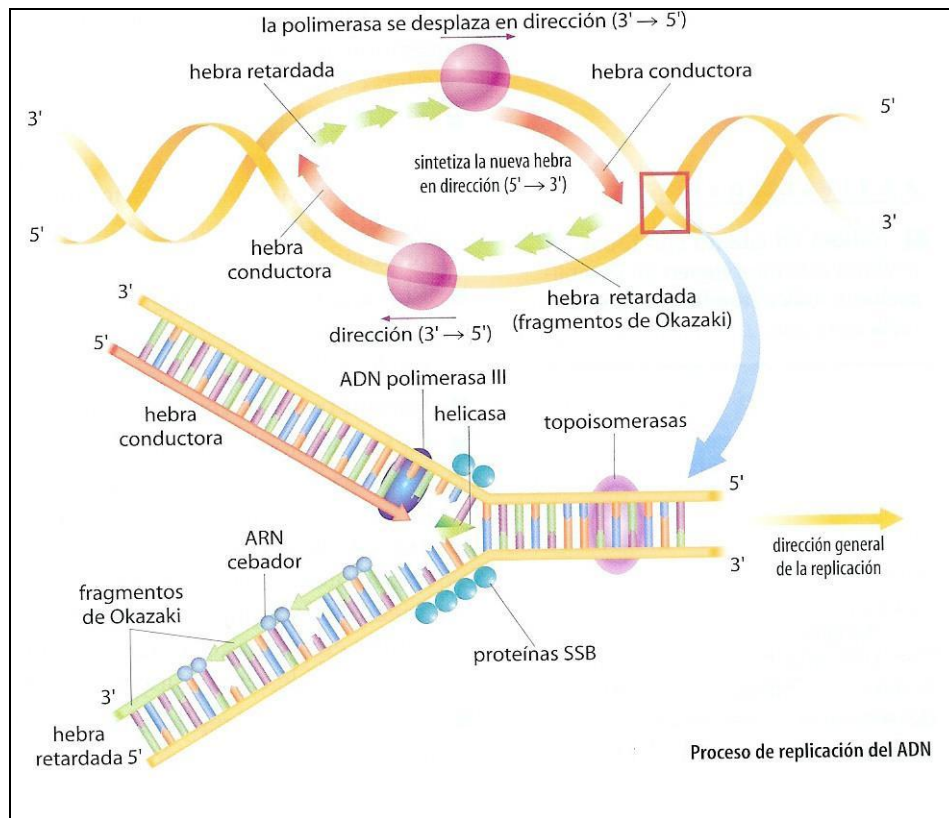
- Recorre la hebra molde en sentido $3' \rightarrow 5'$.
- Va uniendo los nuevos nucleótidos en sentido $5' \rightarrow 3'$. Para ello utiliza nucleótidos trifosfato. La energía necesaria para el proceso, la proporcionan los propios nucleótidos, al perder dos de sus grupos fosfato (PP_i).
- Ninguna ADN polimerasa puede iniciar la síntesis por sí misma, pues sólo puede añadir nucleótidos sobre el extremo $3'$ libre de una cadena de polinucleótidos. Por este motivo es necesario que exista una cadena corta de ARN (de unos 40 o 50 nucleótidos) denominada **cebador** o **primer**.

El cebador es sintetizado por la enzima **primasa** (una ARN-polimerasa).



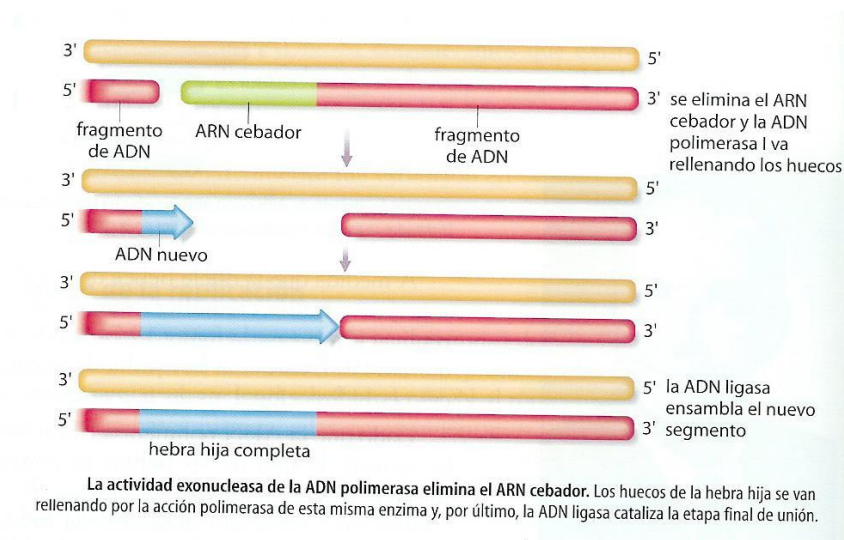
Dado que la ADN polimerasa III recorre el ADN molde en sentido $3' \rightarrow 5'$, la síntesis de una de las hebras es continua y se denomina **hebra conductora**. Sin embargo, la otra hebra es antiparalela, por lo que la ADN polimerasa debería recorrerla en sentido $5' \rightarrow 3'$, añadiendo nucleótidos a la hebra en formación en sentido $3' \rightarrow 5'$, lo cual no es posible. La síntesis, en este caso, es discontinua y se produce en segmentos separados. Esta cadena se llama **hebra retardada**, pues su síntesis es más lenta que la hebra conductora. Los segmentos de ADN

sintetizados de este modo se conocen como **fragmentos de Okazaki** (cada fragmento está formado por el cebador de ARN y unos 1000 o 2000 nucleótidos de ADN).



Posteriormente, interviene la **ADN polimerasa I**, que primero elimina los segmentos de ARN cebador, gracias a su acción exonucleasa (rotura de enlaces fosfodiéster a partir de un extremo libre), y luego, gracias a su actividad polimerasa, rellena los huecos con ADN.

Finalmente, hay otra enzima, la ADN ligasa que une todos los fragmentos.



Por último, cada hebra recién sintetizada y la que ha servido de molde se enrollan originando una

doble hélice.

A pesar de todas estas etapas, el proceso de replicación es muy rápido. En *E. coli*, por ejemplo, se unen 45.000 nucleótidos /minuto.

CORRECCIÓN DE ERRORES DURANTE LA REPLICACIÓN.

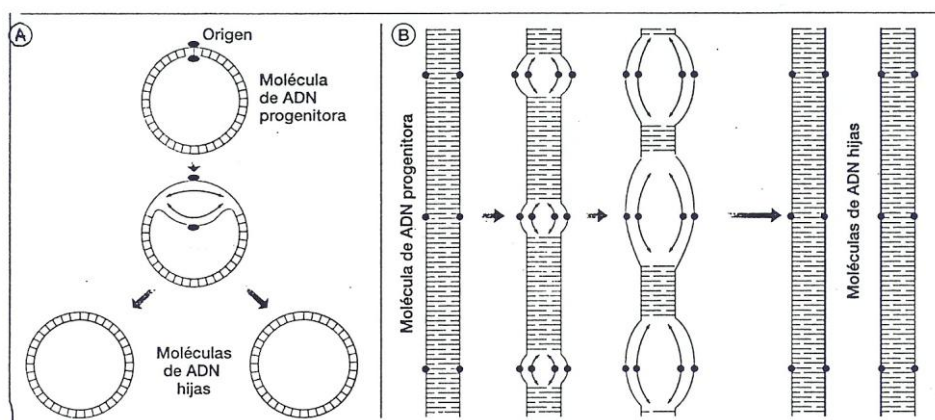
Durante la replicación es frecuente que se produzcan errores y se incorporen nucleótidos que no tengan correctamente apareadas sus bases. La ADN polimerasa I y III actúan entonces como exonucleasas eliminando los nucleótidos mal colocados (la I y III tienen actividad exonucleasa 3'→ 5' y la I además 5'→ 3', lo que le permite eliminar el ARN cebador).

Aunque el mecanismo de corrección de errores es muy eficiente, a veces queda alguno sin corregir. Esos errores (mutaciones) pueden ser importantes en la evolución.

DIFERENCIAS ENTRE EL PROCESO REPLICATIVO EN PROCARIOTAS Y EUCARIOTAS.

El proceso de replicación es similar en las bacterias y en las células eucariotas. Cabe destacar algunas diferencias:

- El ADN en los eucariotas está asociado a histonas. Se ha comprobado que las histonas originales se mantienen en la hebra conductora, mientras que se forman nuevas histonas que se unen a la hebra de ADN retardada.
- El tamaño de los fragmentos de Okazaki es menor en los organismos eucariotas (100 a 200 nucleótidos) que en los procariotas (1000 a 2000) nucleótidos).
- Existen 3 ADN polimerasas en los procariotas (I, II y III, la II interviene en procesos de reparación del ADN) y 5 en los eucariotas: α , β , γ , δ , y ϵ , (la γ interviene en la replicación del ADN mitocondrial).
- Teniendo en cuenta que la longitud del ADN de un cromosoma eucariótico es mucho mayor que la del ADN bacteriano, y que, seguramente debido a la presencia de histonas, el proceso



Diferencias en la replicación del ADN entre células procariotas (A) y eucariotas (B).

- es bastante más lento, en los eucariotas no hay un solo origen de replicación, sino cientos. Cada unidad de replicación se denomina replicón.

Los cromosomas de las células eucariotas al ser lineales presentan un problema añadido, que no se da en el ADN circular de las bacterias.

En eucariotas el proceso de replicación del ADN se va completando normalmente hasta llegar a los extremos del cromosoma, los telómeros. En ellos, cuando se elimina el último ARN cebador, la hebra retardada quedará incompleta, ya que la ADN polimerasa no podrá rellenar el hueco, al ser incapaz de sintetizar en dirección 3'→ 5'. Este acortamiento de los telómeros (calculado entre 50 y 200 pb por cada división celular) supone la disminución progresiva de la longitud del cromosoma, fenómeno asociado a los procesos de envejecimiento y muerte celular.

El ADN de los telómeros está constituido por secuencias de seis nucleótidos que se repiten numerosas veces. La hebra de extremo 3' es rica en guanina (AGGGTT en la especie humana) y lógicamente, la del extremo 5' es rica en citosina. A medida que las células se van dividiendo (y envejeciendo), los telómeros se van acortando. Pero dado el carácter repetitivo y no codificante de éstos, inicialmente esa pérdida de los extremos de cada cromosoma no tiene consecuencias, pero llega un momento en que afecta a regiones codificantes, entonces la función celular se ve perjudicada y la célula termina por morir.

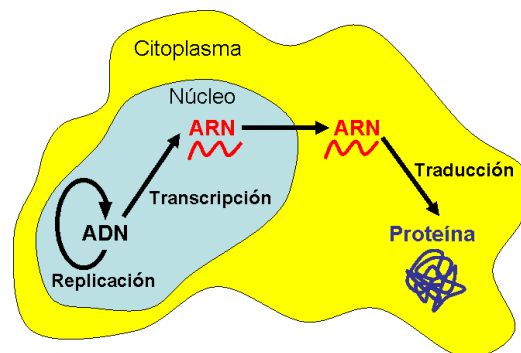
En las células madre de los gametos, las células cancerosas o las de los tejidos embrionarios, que se dividen continuamente, existe una enzima, llamada **telomerasa** y constituida por una parte proteica y un ARN, que actúa como molde para alargar la hebra del extremo 3' (saliente). Esta prolongación, catalizada por la telomerasa, sirve como molde, para la síntesis, por parte de la ADN polimerasa alfa, del extremo 5' que quedó incompleto.

3.3. TRANSCRIPCIÓN.

Este proceso consiste en copiar una parte del mensaje genético (ADN) a ARN para poder ser utilizado en la síntesis de proteínas (ya que los ribosomas sólo pueden funcionar con ARN y el ADN se encuentra en el núcleo mientras que los ribosomas están en el citoplasma).

Es un paso previo a la síntesis de proteínas. También es importante para la regulación de la expresión génica que consiste en inhibir o expresar determinados genes para sintetizar o no determinadas proteínas según las necesidades celulares.

Flujo de la información genética en eucariontes



La transcripción consiste en la formación de una cadena de ARN a partir de una de las dos hebras del ADN (según el gen que contenga la información para la síntesis de la proteína a sintetizar). Esta copia la realiza la enzima **ARN- Polimerasa** que tiene las siguientes características:

- Une nucleótidos en sentido 5' 3' y lee de una hebra molde en sentido 3' 5'.
- Utiliza nucleótidos trifosfato que liberan energía al romper el enlace.
- Necesita un ADN molde para establecer la secuencia de bases del ARN (la cadena que se va sintetizando al ser complementaria al ADN es igual a la otra hebra, sólo cambiando la T por la U)

- Comienza la síntesis a partir de regiones o zonas específicas del ADN, denominadas región o genes promotores (esta región no se copia).

1. Transcripción en procariontes

La transcripción ocurre del siguiente modo:

- Se lleva a cabo mediante una sola ARN-Pol (con dos subunidades β y β').
- Se une a un factor de reconocimiento, denominado **factor σ (sigma)**, capaz de reconocer y fijarse a la región promotora. Estas regiones suelen ser zonas del ADN ricas en A y T, como por ejemplo TATAATG.
- Una vez fijada la ARN-Pol se libera el factor sigma.
- La ARN-Pol desenrolla la doble hélice y comienza la síntesis, (lee en sentido 3':5' y sintetiza en sentido 5':3').
- La síntesis termina cuando la ARN-Pol llega a una zona de ADN que posee muchas bases G y C (señal de terminación). Para reconocer esa zona interviene el **factor rho (ρ)**.
- La velocidad es alta, de unos 30-40 nucleótidos por segundo.
- Posteriormente se lleva a cabo un proceso de maduración que originará los ARNm y ARNr.
- Hay un mayor número de errores, pero se pueden tolerar ya que no pasan a la descendencia.

2. Diferencias de transcripción en eucariotas y procariontes

Entre las células eucariotas y procariontes se dan las siguientes diferencias en cuanto al mecanismo de transcripción:

- En eucariotas es más complejo, por ejemplo hay más factores proteicos.
- En eucariotas hay tres polimerasas, con más subunidades:
 - o ARN-Pol I, para transcribir el ARN ribosómico.
 - o ARN-Pol II, para transcribir el ARN mensajero.
 - o ARN-Pol III, para transcribir el ARN transferente.

3. Maduración del ARN.

El ARN recién transcrito no es todavía funcional, para serlo debe sufrir una serie de modificaciones conocidas como maduración, por ejemplo:

- Eliminación de intrones y unión de exones entre sí.
- Unión de proteínas al ARNr.
- Etc.

3.7. EL CÓDIGO GENÉTICO.

Se denomina código genético a la relación entre la secuencia de bases nitrogenadas del ARNm y la secuencia de aminoácidos de una proteína.

Existen 64 posibles combinaciones de tres bases que dan lugar a los 20 aminoácidos. Cada combinación de tres bases se denomina **triplete o codón**.

El código genético tiene las siguientes características:

- a) Formado por una secuencia lineal de bases nitrogenadas, llamadas triplete o codón, por ejemplo CCA
- b) Entre los codones sucesivos no hay espacios ni separaciones.
- c) Es universal, es el mismo para todas las células de todas las especies.
- d) Es degenerado, hay más tripletes que aminoácidos. Salvo dos aminoácidos los demás están codificados por más de un codón, lo que supone una ventaja, al poder cambiar una base sin que cambie el aminoácido y por tanto la proteína.
- e) Existe un solo codón de iniciación AUG y tres de finalización UAG, UGA y UAA.

Segunda base do códon

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

3.4. TRADUCCIÓN

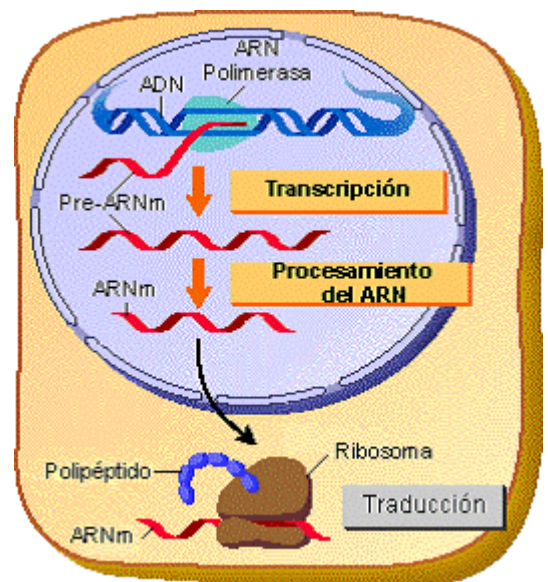
Cada ARNm tiene la información necesaria para la síntesis de la proteína correspondiente.

Ocurre en los ribosomas, en el citoplasma.

Se produce la unión de los aminoácidos mediante el enlace peptídico.

Es parecida en eucariotas y procariontas (que será la que veremos a continuación).

Previamente a la síntesis de la proteína se necesita que los aminoácidos se activen. Esto ocurre en el citoplasma y no en los ribosomas. Cada aminoácido se une a un ARNt, gracias a la **Aminoacil-ARNt sintetasa**. Es necesaria energía del ATP. La unión del aa al ARNt se produce por el extremo 3'. La molécula resultante se denomina **Aminoacil-ARNt**.



Cada ARNt reconoce a su aa correspondiente y a su ARNm gracias a una zona específica de tres bases, denominada **anticodón** que es complementaria al codón del ARNm.

Una vez activados los aminoácidos, tiene lugar la síntesis de proteínas o traducción que se produce en tres etapas: iniciación, elongación y terminación.

A) INICIACIÓN

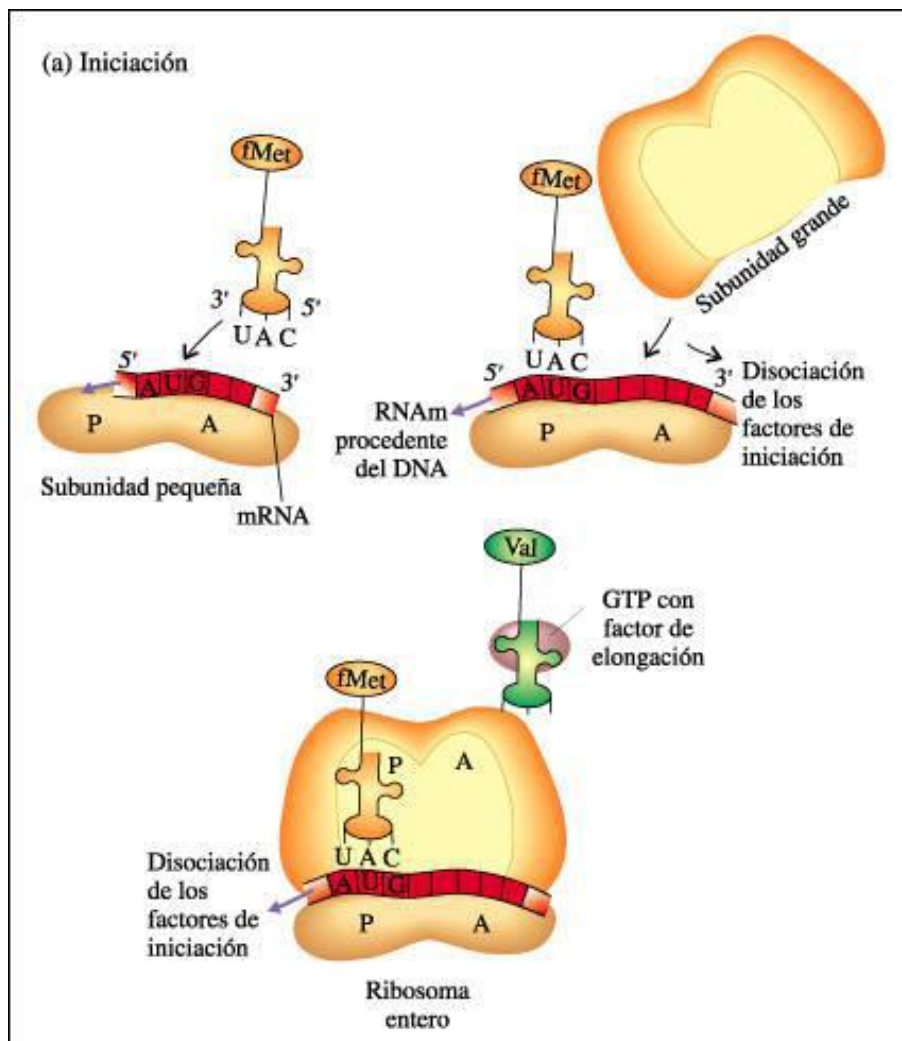
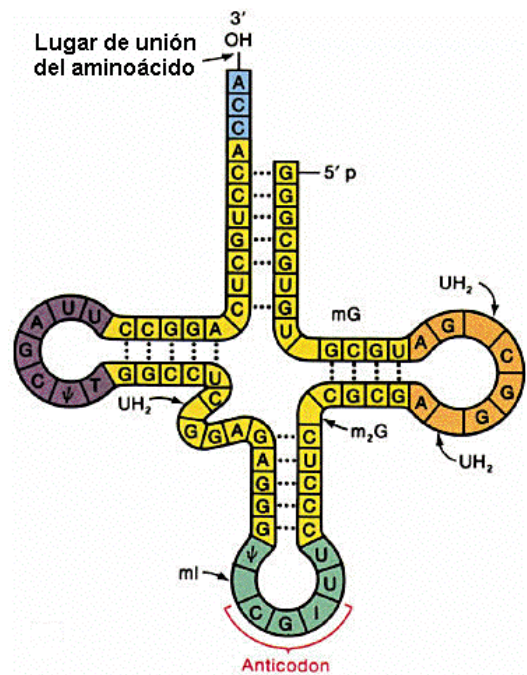
El ARNm se une por su extremo 5' a la subunidad menor del ribosoma. Para ello se necesitan factores de iniciación.

Se fija el primer aminoacil-ARNt al codón correspondiente. El primer codón o codón de iniciación es siempre AUG, por lo tanto siempre el primer anticodón es UAC y el primer aminoácido es Metionina (aunque luego en muchas proteínas es eliminado).

Se produce el acoplamiento de la subunidad menor.

En el ribosoma hay sitio para dos codones. Sobre el primer sitio, **sitio P** se coloca el codón AUG y sobre el segundo sitio, **sitio A**, queda libre para acoplarse un nuevo aminoacil-ARNt.

El proceso de iniciación requiere energía que es proporcionada por el GTP.



B) ELONGACIÓN

Se va sintetizando la cadena peptídica por la unión de los sucesivos aminoácidos.

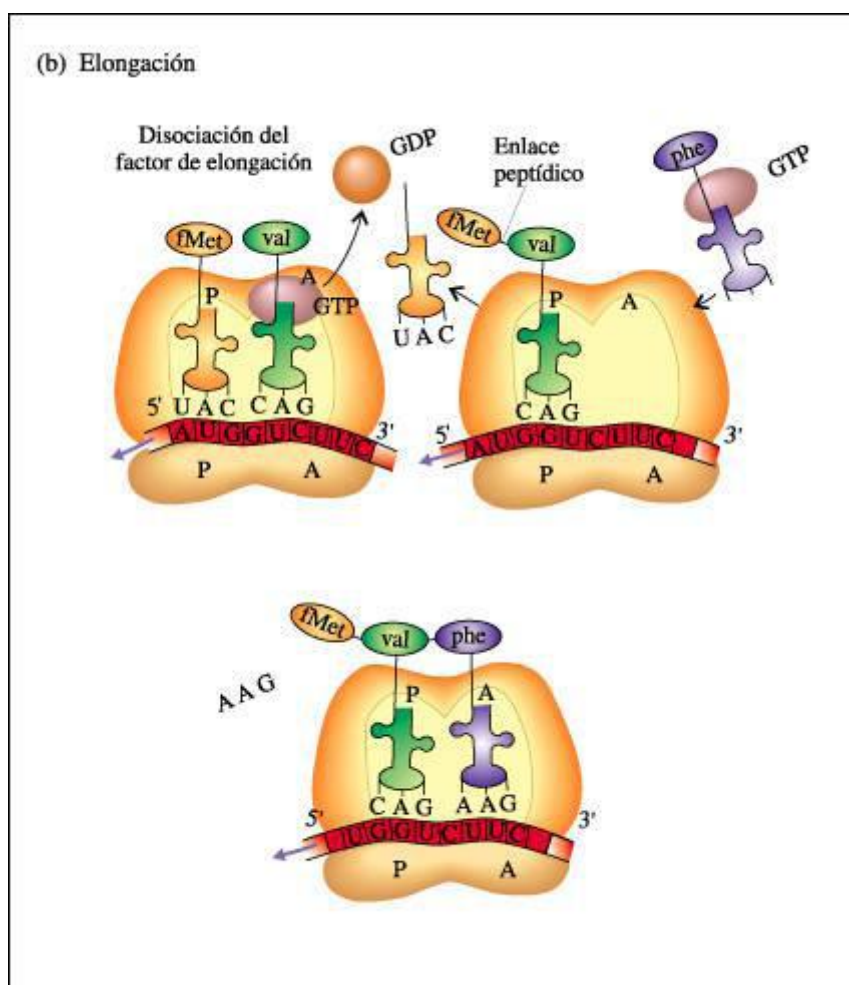
Tiene lugar en tres subetapas:

a) Unión de un aminoacil-ARNt al sitio A complementario al codón que se encuentre. Se necesitan factores de elongación y energía del GTP.

b) Formación del enlace peptídico. Se unen los aminoácidos correspondientes a los aminoacil-ARNt del sitio P y del sitio A gracias a la enzima peptidiltransferasa. Al unirse el primer aminoácido al mismo tiempo se libera de su ARNt, formándose así un dipéptido.

c) **Translocación.** Se produce un desplazamiento del ARNm sobre el ribosoma de manera que el segundo codón y su ARNt que ocupaban el sitio A pasan al sitio P, quedando libre el sitio A que es ocupado por un nuevo aminoacil-ARNt complementario al codón correspondiente. Se forma un nuevo enlace peptídico y así sucesivamente.

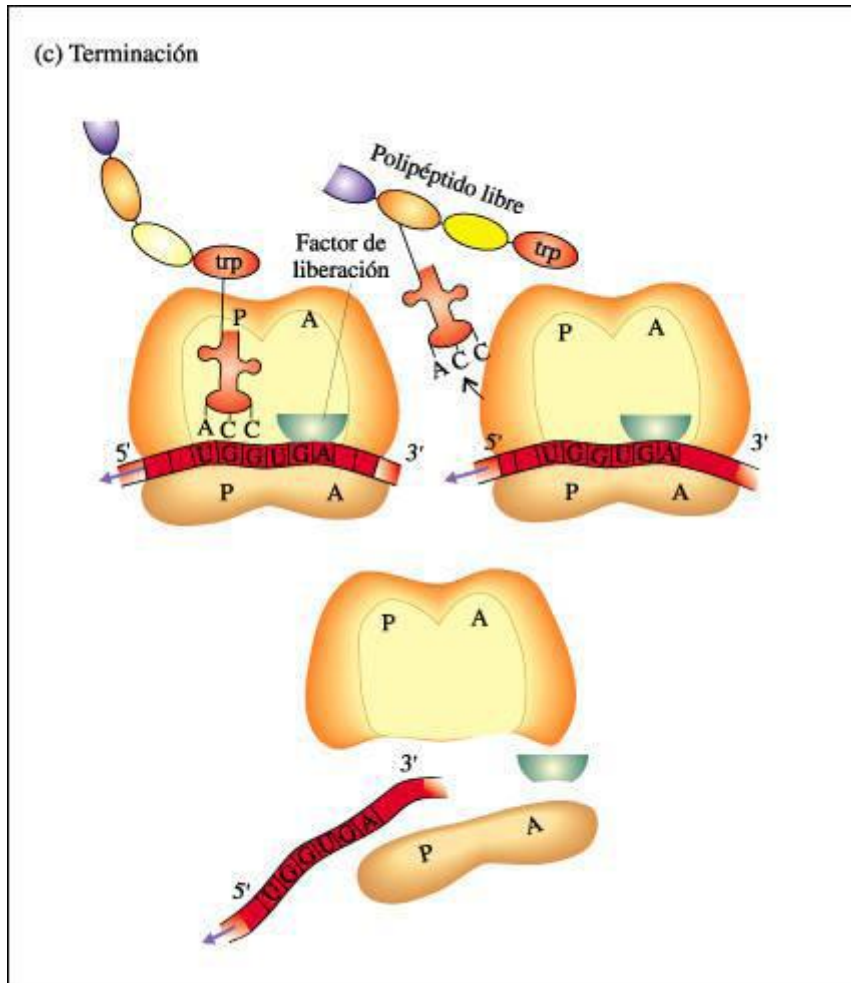
De esta manera la secuencia del ARNm (codones) determina la secuencia de aminoácidos de la proteína.



C) TERMINACIÓN

Existen tres codones de terminación, UAA, UAG y UGA para los que no hay ARNt con los aminoácidos correspondientes. Por esta razón cuando aparece uno en el el sitio A, no se sitúa ningún aminoacil-ARNt en el sitio A y la cadena peptídica se acaba. También intervienen factores de terminación.

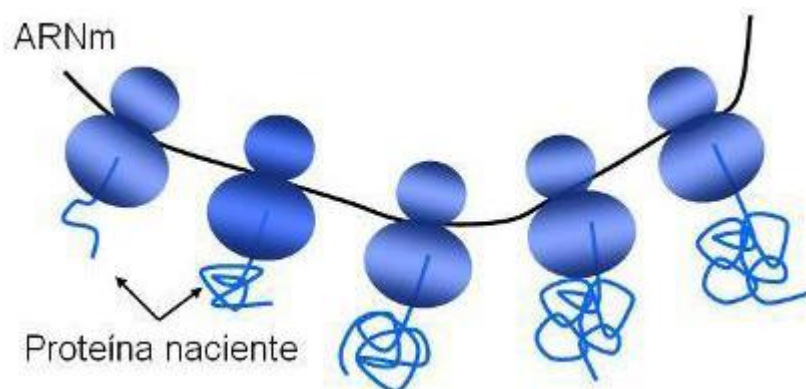
Una vez concluida la síntesis, se libera la proteína que al mismo tiempo que se ha ido sintetizando ha ido adoptando su estructura terciaria, las dos subunidades ribosómicas se separan y el ARNm puede volver a utilizarse para ser leído y sintetizar una nueva proteína



(aunque normalmente es destruido).

La velocidad de síntesis es alta 1400 aac/min.

Pueden acoplarse complejos de ribosomas o **polirribosomas** que van leyendo a la vez el mismo ARNm y sintetizando varias copias de la misma proteína.



Traducción en eucariotas

Destacamos las siguientes diferencias:

- Entre la transcripción y la traducción hay una separación física: la membrana nuclear.
- Los ARNm son más estables.

- Los ARNm son **monocistronicos**, es decir, sólo llevan información para sintetizar una proteína. En cambio, en procariontas pueden ser **policistronicos**, pueden llevar información para varias proteínas.
- Los ribosomas son diferentes, 80 S en eucariotas y 70 S en procariontas.
- En procariontas el primer aminoácido no es metionina, sino formilmetionina.
- Los factores de iniciación y de elongación son diferentes.
- Etc.

BLOQUE 1.TEST

¿Cómo se denomina el proceso por el cual se obtiene glucosa a partir de metabolitos no glucídicos? (2011)

- Gluconeogénesis
- Glucogenogénesis
- Glucogenolisis
- Glucolisis

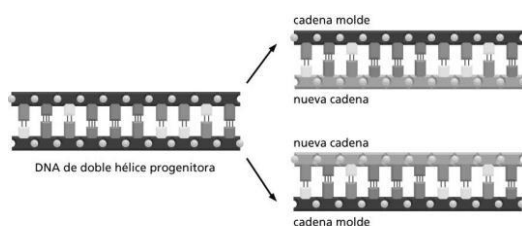
La maduración del ARNm en el proceso de transcripción consiste en: (2011)

- La eliminación de los aminoácidos iniciales y finales.
- La formación de varias copias en los polisomas.
- La eliminación de los intrones
- La introducción de una cadena de polinucleótidos de adenina

Dada la siguiente cadena 3'GGCCAGTA5', indica cual sería la secuencia de una copia complementaria obtenida tras la autoduplicación. (2011)

- 5'CCGGGUCAU3'
- 5'CCGGGTCAT3'
- 3'GGCCAGUA5'
- 3'GGCCAGTA5'

¿Qué proceso tiene lugar en el esquema? (2011-4)

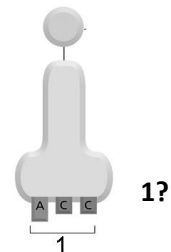


- Replicación
- Traducción
- Transcripción
- Meiosis

¿Cuál de las siguientes estructuras está relacionada con la traducción? (2011-4)

- Polirribosomas
- Centriolos
- Reticulo endoplásmico liso
- Lisosomas

La figura representa un esquema del ARN de transferencia ¿cómo se denomina la región señalada con el número 1? (2011-4)



- Codón
- Código genético
- Anticodon
- aminoácido

¿en qué proceso metabólico interviene la enzima helicasa? (2011-4)

- en la transcripción
- En el ciclo de Krebs
- En la autoduplicación
- En la transaminación.

Durante la replicación, la corrección de errores es llevada a cabo por:

- ARN primasa
- Helicasa
- ADN polimerasa
- Ligasa

La función del ARN de transferencia es.

- Tener un codón complementario al anticodon
- Llevar aminoácidos hasta el ribosoma
- Transferir información genética desde el núcleo hasta el citoplasma
- Hacer la transcripción.

Para la secuencia 5'-ATCGATCGATTGG-3'

¿Cuál es la secuencia de ADN complementaria CORRECTA?

- 3'-CCAATCGATCGAT-5'.
- 5'-CCUUTCGUTCGAU-3'.
- 5'-CCAATCGATCGAT-3'.
- 5'-TAGCTACGTAACC-3'.

¿Cómo se denomina el proceso de síntesis de ADN a partir de ADN?

- Traducción.
- Replicación.
- Retrotranscripción.
- Transcripción.

Se puede definir al proceso de replicación del DNA como:

- a) Dispersivo, bidireccional y anabólico
- b) Semiconservativo, bidireccional y anabólico
- c) Semiconservativo, unidireccional y catabólico
- d) Semiconservativo, bidireccional y catabólico

La molécula de ADN posee:

- 1. Bases nitrogenadas (A, T, G, C y U), desoxirribosa y grupos fosfato.
- 2. Bases nitrogenadas (A, T, G, C), desoxirribosa y grupos fosfato.
- 3. Bases nitrogenadas (A, T, G, C), ribosa y grupos fosfato.
- 4. Bases nitrogenadas (A, C, G, T), desoxirribosa y aminoácidos.

¿Qué base nitrogenada está ausente del ARN?

- 1. Uracilo
- 2. Citosina
- 3. Guanina
- 4. Timina

El código genético se refiere al orden de las bases nitrogenadas en la molécula de:

- 1. ADN
- 2. ARN mensajero
- 3. ARN transferente
- 4. ARN ribosómico

¿Qué tipo de enlace ensambla los aminoácidos para formar una proteína?

- 1. Enlace eléctrico.
- 2. Enlace O-glucosídico.
- 3. Enlace por puente de hidrogeno
- 4. Enlace peptídico.

La unión de los nucleótidos para formar ácidos nucleicos se realiza mediante un enlace de tipo:

a) Puente de Hidrógeno b) O-glucosídico c) Peptídico d) Fosfodiester

¿Qué ácido nucleico está compuesto por A, G, C, T?

a) ARN mensajero b) ARN transferencia c) ARN ribosómico d) ADN

¿En qué orgánulo de lleva a cabo la síntesis y modificación de proteínas?

a) Núcleo b) Membrana citoplasmática c) Mitocondrias d) Retículo endoplasmático rugoso

Se puede definir al proceso de replicación del DNA como:

- a) Dispersivo, bidireccional y anabólico
- b) Semiconservativo, bidireccional y anabólico
- c) Semiconservativo, unidireccional y catabólico
- d) Semiconservativo, bidireccional y catabólico

La traducción consiste en:

- 1) La formación de una proteína a partir de aminoácidos en los ribosomas.
- 2) La formación de una molécula de ARNm a partir del ADN
- 3) La formación de 2 cadenas idénticas de ADN.
- 4) La formación de ADN a partir de ARNm en los ribosomas.

¿En qué orgánulo tiene lugar la síntesis de proteínas?

- 1) Ribosomas
- 2) Centríolos
- 3) Cromosomas
- 4) Aparato de Golgi

Los genes eucariotas son discontinuos, por eso:

- a) Tienen intrones que se traducen pero no se transcriben
- b) Maduran y se hacen más cortos
- c) Tienen una longitud tres veces superior a la cadena de aminoácidos
- d) Están formados por ARN y transcriptasa inversa.

Qué es un codón?

- 1. Un triplete de ADN.
- 2. Un triplete de ARNm
- 3. Un triplete de ARNt.
- 4. Un gen.

Dada la siguiente cadena de DNA 3'GGCCCAGTA 5', indica cuál sería la secuencia del mensajero:

- a) 5'CCGGGUCAU 3'.
- b) 5'CCGGGTCAT 3'.
- c) 3'GGCCCAGUA 5'.
- d) 3'GGCCCAGTA 5'.

¿Cómo se denomina al proceso de síntesis del ARN mensajero?

- a) Traducción
- b) Transcripción
- c) Duplicación
- d) Retrotranscripción

El anticodón es característico

- a) del ARNt.
- b) del ADN.
- c) del ARNm.
- d) del ARNr

El ARN de transferencia:

- a) Se forma por la unión de dos cadenas polinucleotídicas antiparalelas
- b) Contiene información precisa de la proteína que va a sintetizar
- c) Forma parte de los ribosomas y se clasifica según su coeficiente de sedimentación
- d) Cada ARNt transporta un aminoácido específico

Las histonas son:

- a) Proteínas globulares
- b) Proteínas fibrilares
- c) Heteroproteínas
- d) Lipoproteínas

En el proceso de transcripción:

- a) Se forma una molécula de ADN utilizando como molde una hebra de ADN
- b) Se forma una proteína utilizando como molde una hebra de ADN
- c) Se forma una proteína utilizando como molde una hebra de ARN
- d) Se forma una molécula de ARN utilizando como molde una hebra de ADN

Si un codón es UCG, el anticodón será:

- a. TCG
- b. GCT
- c. GCU
- d. AGC

La transcripción consiste en:

- a) La formación de una proteína a partir de aminoácidos en los ribosomas.
- b) La formación de una molécula de ARNm a partir del ADN
- c) La formación de 2 cadenas idénticas de ADN.
- d) La formación de ADN a partir de ARNm.

¿Cómo se denomina el proceso de síntesis de ADN a partir de ARN?

- a) Replicación
- b) Traducción
- c) Retrotranscripción
- d) Transcripción

¿Cómo se denomina el proceso de síntesis de ADN a partir de ADN?

- a) Traducción.
- b) Replicación.
- c) Retrotranscripción.
- d) Transcripción

PREGUNTAS BLOQUE 2: Describa brevemente (con un máximo de 4 renglones) los siguientes conceptos:

1- Anabolismo heterótrofo 2- Traducción 3-Replicación; 4 Helicasa. 5.Gluconeogénesis 6.- Retrotranscripción 7.- Intrón 8.Fragmento de Okazaki 9 Transcripción 10. Ligasa. 11. Transcripción 12. Replicación

BLOQUE 3. CUESTIONES CORTAS. Responda las siguientes cuestiones:

1. Desarrolla un texto de no más de 10 líneas en la que se relacionen de manera coherente los siguientes conceptos: ribosoma, transcripción, ARN polimerasa, cadena molde de ADN, ARN mensajero, proteína.

2.- ¿Qué es el código genético? Explica sus características ¿Qué significa que sea degenerado?

3.Realiza la transcripción inversa de la siguiente secuencia:

3' CUA AUGU 5'.

Especifica en qué consiste el proceso y qué tipo de virus lo realizan.

4.- Explica en qué consiste la “replicación o duplicación del ADN”

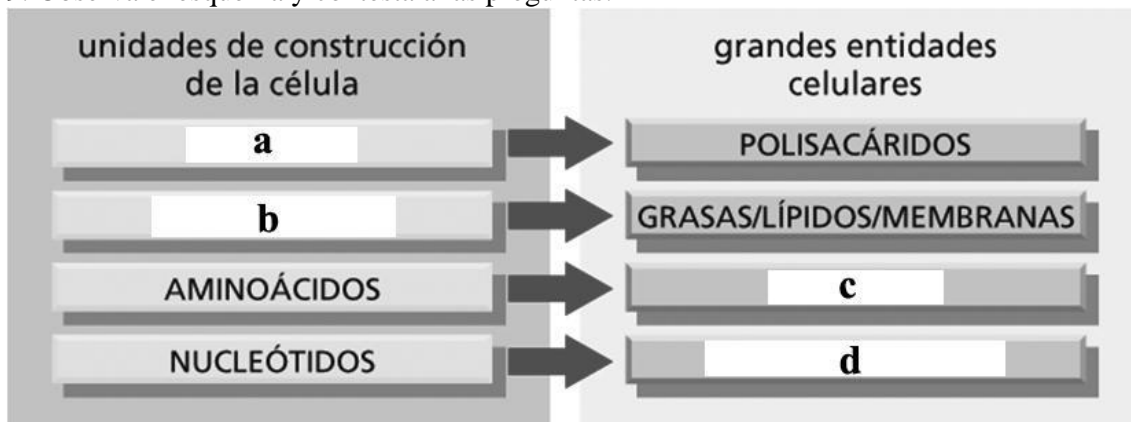
5. Explica en qué consiste la “transcripción”

6º Explica el proceso de síntesis de proteínas, destacando las diferencias principales entre las células procariotas y las eucariotas.

7. ¿Qué significa que la replicación del ADN es semiconservativa y bidireccional?

8. Indique en qué lugar concreto de una célula eucariota se producen los siguientes procesos: síntesis de proteínas, fotosíntesis, transcripción, glucogenogénesis.

9. Observa el esquema y contesta a las preguntas.



a) Escriba el nombre de las moléculas representadas con las letras a, b, c y d

b) Dibuja esquemáticamente la molécula representada con la **letra b** suponiendo que sea insaturada. Explica la diferencia entre acilglicéridos, céridos y fosfolípidos.

c) La **letra d** corresponde a diferentes tipos de moléculas que se forman a partir de la unión de nucleótidos, ¿cuáles son estas moléculas? Indica en qué compartimento celular se localiza cada una de ellas.

d) ¿Con qué letra del esquema relacionarías la composición química de un anticuerpo?

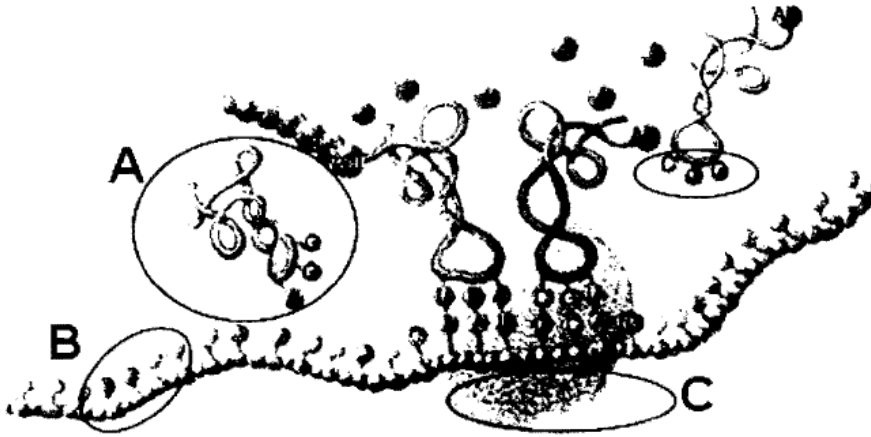
10. Utilizando como molde la hebra de ADN:

3'AGGGGAAAATGCGTGTGT5'

¿Qué secuencia se obtendría tras el proceso de replicación? ¿Y tras el de transcripción?

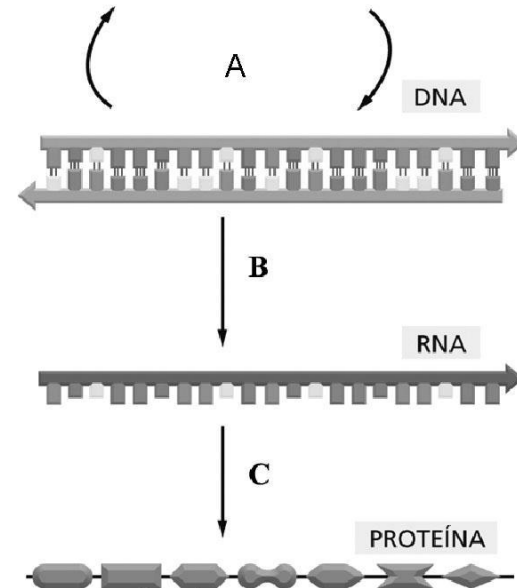
BLOQUE 4. CUESTIONES SOBRE IMÁGENES. Responda las siguientes cuestiones:

1.-Cómo se denomina el siguiente proceso? ¿Cuál es su finalidad? Identifique las moléculas marcadas en el esquema con las letras A, B, C.

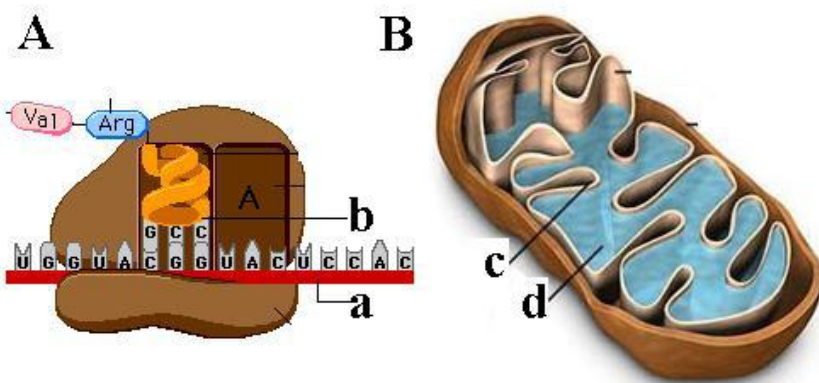


- ¿A qué fases del proceso corresponden las letras A, B y C del dibujo? Indica una enzima que intervenga en cada uno de los procesos.
- ¿En qué orgánulo celular tiene lugar cada uno de los diferentes procesos? Indica la función del ARN t.
- Explica la relación que hay entre la estructura de la proteína y su función.
- ¿Podría ocurrir este proceso en un retrovirus? Razona tu respuesta.

2. Conteste a las siguientes preguntas:



3. Conteste a las preguntas en relación con los ORGÁNULOS CELULARES que representa el esquema:



- ¿Qué orgánulos representan las imágenes A y B? ¿Cuál es la función principal de cada uno?
- Indique en que tipo de células se encuentran estos orgánulos.
- ¿Qué moléculas representan las letras a y b del esquema A? Indique las principales

similitudes y diferencias entre ambos.

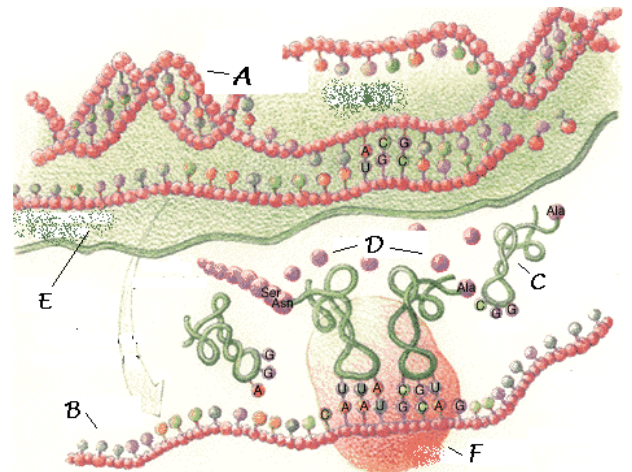
d. Indique la estructura general de los aminoácidos. ¿Cómo se clasifican? ¿Qué son los aminoácidos esenciales?

e. Cite tres funciones de las proteínas y ponga un ejemplo de cada una de ellas.

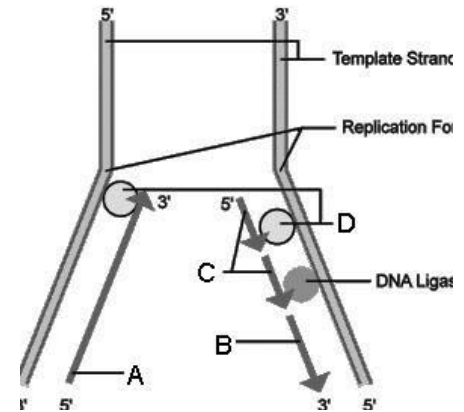
f. ¿Qué partes del orgánulo de la figura B representan las letras c y d? Indique un proceso que tenga lugar en cada uno de ellos.

4. Conteste a las preguntas en relación con el METABOLISMO

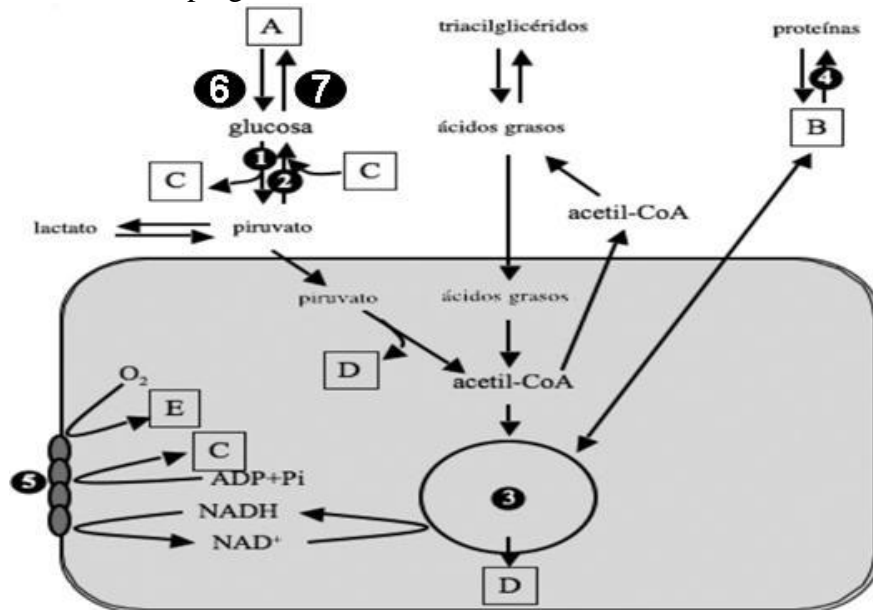
- a.-¿Qué procesos se representan en el siguiente esquema?¿Cuál es la finalidad de cada uno?.
- b.-Nombra las moléculas y orgánulos señaladas con las letras.
- c.-Indique la función de todas las estructuras representadas (A, B, C, D, E y F)
- d.-¿Qué es un codón? ¿Y un anticodón?
- e.-¿Qué es el código genético? Comente sus características más importantes
- f.- Comente las diferencias entre el ADN y el ARN.



5. Utilizando el esquema de la derecha identifica la hebra conductora y la hebra retardada. Explica qué son los fragmentos de Okazaki y qué letra los representa



6. Observe el siguiente esquema del metabolismo y conteste a las preguntas



- a. ¿Qué es la gluconeogénesis? Identifíquela en el esquema.
- b.-¿Mediante qué proceso se almacena glucosa en el organismo? Identifíquelo
- 7. A partir de la secuencia de ADN enunciada indique la secuencia de ARNm que se generaría y el péptido resultante. ¿Qué es el código genético?

3' TACGGTAAGTTCGGCGTGACT 5'

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

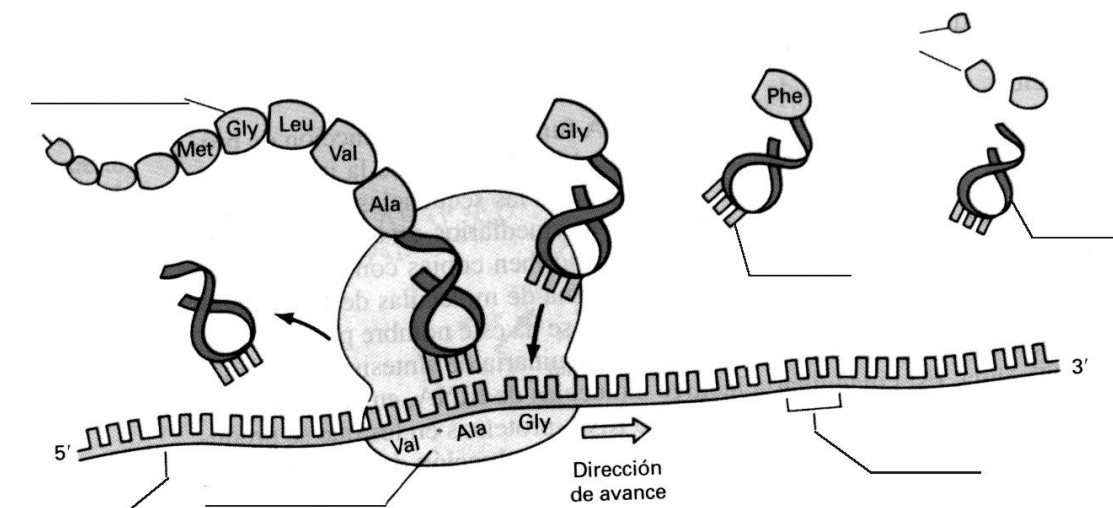
8.Observe siguiente esquema y a las siguientes cuestiones: proceso

el conteste

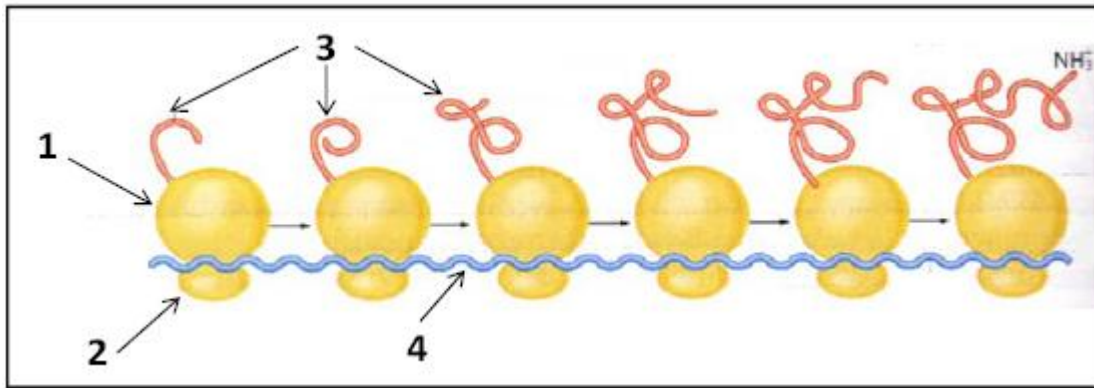
¿Qué está

representado?

¿Qué estructuras representan las letras a, b, c y d? ¿Qué orgánulos celulares realizan esta función?



9. Explique qué representa el siguiente esquema y cuál es su función. Indique los componentes señalados con flechas. ¿En qué sentido está orientado el componente 4?



10.- El esquema representa las cuatro vías principales implicadas en el metabolismo de los glúcidos (señaladas con los números 1,2, 3 y 4), identifique la 3 y 4 y explique si se trata de rutas anabólicas o catabólicas. Razone la respuesta.

11. Explique en un máximo de 10-15 líneas el proceso que está representado en el esquema:

