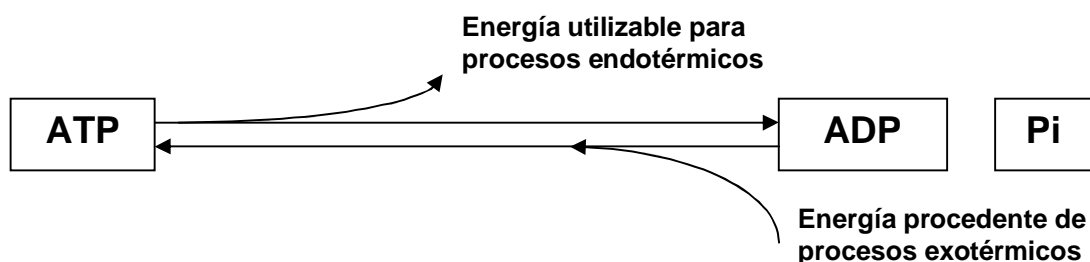


ÁCIDOS NUCLÉICOS - SOLUCIONARIO

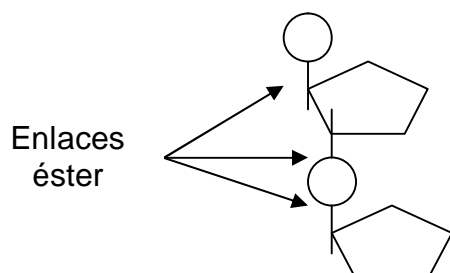
1. Soluciones:

ARN-r :	tiene función estructural
Histonas:	proteínas que se asocian al ADN
Ribosa:	monosacárido del ARN
AMP:	nucleótido
ARN-t:	posee un anticodon característico
Uracilo:	base pirimidínica
Adenina:	base púrica
Virus:	contienen ADN o ARn

2. Se trata de una molécula de adenosintrifosfato (ATP). Su importancia radica en que sirve para almacenar, transportar y liberar energía en el lugar de la célula que se precise; podríamos decir que se trata de un “coenzima energético”. Esto es posible porque el enlace que corresponde al último grupo fosfórico es un “enlace rico en energía”, por tanto absorbe energía durante su formación y la libera al romperse; de este modo, se puede aprovechar la energía que desprenden los procesos exotérmicos (p.ej., la degradación de la glucosa en la mitocondria), guardándola en el ATP y liberándola para hacer posibles los procesos endotérmicos.



3. En un dinucleótido hay 3 enlaces éster.



4. El ADN de cualquier célula es bicatenario y, entre ambas cadenas, las bases nitrogenadas están apareadas respetando la complementariedad de bases : A-T y G-C. Así pues, si en un determinado ADN hay un 13% de adenina debe haber la misma proporción de timina; es decir, entre ambas reúnen el 26% del total de las bases nitrogenadas; el resto (74%) se distribuye, a partes iguales, entre guanina (37%) y citosina (37%).

5. El incremento de la temperatura aumenta la agitación térmica de las cadenas del ADN, pudiendo llegar a romper los enlaces de puente de hidrógeno que las mantienen unidas, y provocando su separación (desnaturalización de la molécula). La temperatura necesaria para que se produzca la desnaturalización será tanto más elevada cuanto mayor sea el número de puentes de hidrógeno que haya que romper. De acuerdo con esto, el orden en que se desnaturalizarán estas tres moléculas será: en primer lugar la molécula c) (35 puentes de hidrógeno); a continuación, la molécula b) (55 puentes de hidrógeno); finalmente, la molécula a) (69 puentes de hidrógeno).
6. En cualquier ADN bicatenario, el porcentaje de bases púricas (A y G) es igual al de bases pirimidínicas (T y C) porque, debido a la complementariedad de bases, $A = T$ y $G = C$ y, por tanto, $A+G = T+C$.
7. El esquema representa los distintos niveles de empaquetamiento del ADN en el núcleo de la célula eucarionte: doble hélice del ADN → estructura del “collar de perlas” (ADN asociado a histonas formando nucleosomas) → estructura del “solenoides” (arrollamiento del “collar de perlas”, que constituye la fibra de cromatina, que aparece dispersa en el núcleo durante la interfase celular) → formación de “bucles” (plegamiento de la fibra de cromatina) → plegamiento de los “bucles” → estructura del cromosoma (empaquetamiento máximo visible sólo durante la división celular; en este caso, se trata de un cromosoma durante la metafase).
8. Para que un material molecular pueda ser utilizado como “material hereditario” debe cumplir los siguientes requisitos:
 - a. Debe ser capaz de contener información de un modo estable y preciso; esta información debe poderse ampliar tanto como se necesite en función de las necesidades biológicas.
 - b. Debe ser capaz de expresar esa información en la propia célula, lo que permitirá controlar la actividad y el desarrollo celular.
 - c. Debe ser capaz de transmitir esa información, completa y sin errores, a la descendencia (información heredable).

La molécula de ADN satisface todos estos requerimientos:

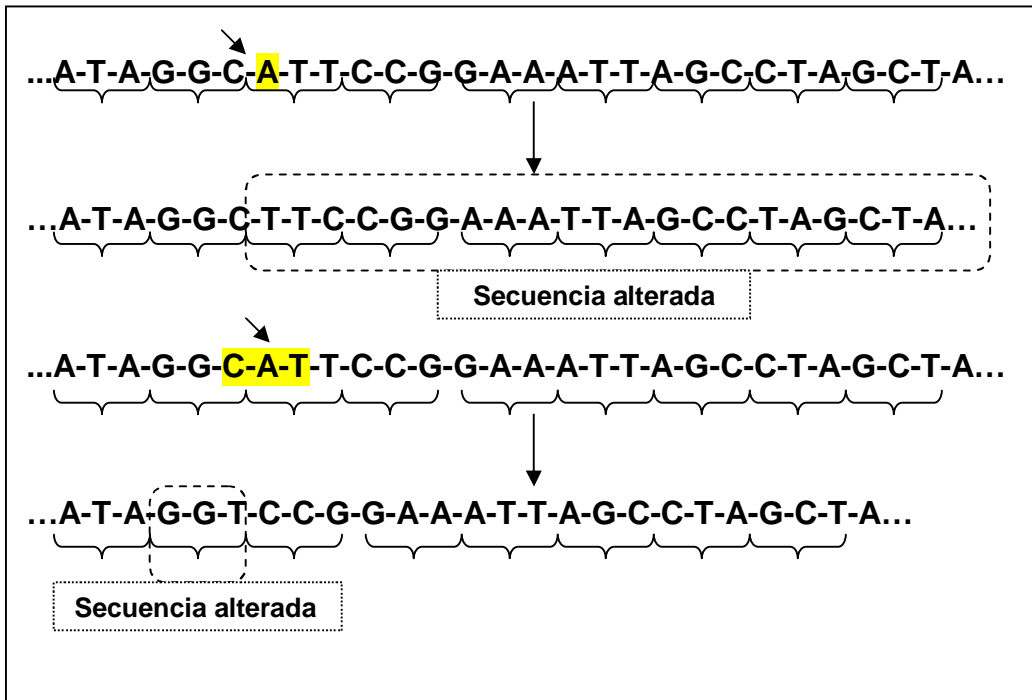
- Es capaz de contener información, en su secuencia de bases nitrogenadas, de acuerdo con un código universal (el código genético). Esta información se puede ampliar, porque las secuencias de bases nitrogenadas se pueden prolongar tanto como queramos (las cadenas de polinucleótidos que forman el ADN pueden alargarse indefinidamente).
- Es capaz de expresar su información en la célula, gracias al proceso de la transcripción, que permite “copiar” en un ARN-m la información del ADN, que luego será traducida en el citoplasma, en forma de proteínas. Este proceso es posible gracias a la complementariedad de bases, que caracteriza a la estructura de la molécula del ADN.

- Es capaz de transmitir su información a la descendencia, gracias a su capacidad para generar copias idénticas de sí mismo en el proceso de la autoduplicación, que se basa en la complementariedad de bases de la molécula del ADN.

9. Respuestas:

- a. F. Los ribosomas no están limitados por ningún tipo de membrana.
- b. F. Las histonas son proteínas que se asocian al ADN en la cromatina, y que estabilizan su estructura gracias a su carácter básico. Debido a este carácter básico, tienden a captar H^+ del medio en el que se encuentran, por lo que presentarán carga positiva.
- c. F. Los ARN-m adoptan una estructura lineal, con muy pocos plegamientos, lo que facilita su traducción en el ribosoma.
- d. F. Cualquier ribosoma es capaz de sintetizar cualquier tipo de proteína, puesto que la información para su síntesis la proporciona el ARN-m y no el ribosoma.
- e. F. En el ADN, la unión entre las dos cadenas de polinucleótido que forman la molécula se realiza mediante enlaces de hidrógeno establecidos entre las bases nitrogenadas complementarias.
- f. V. El “primer” es un fragmento de polinucleótido de ARN que actúa como cebador para que la ADN-polimerasa pueda continuar la cadena, sintetizando polinucleótido de ADN. La formación del “primer” requiere que se vayan uniendo nucleótidos, mediante la formación de enlaces de tipo fosfodiéster; el enzima que cataliza este proceso es la ARN-polimerasa: se trata de una sintetasa (o ligasa) pues interviene en la formación de nuevos enlaces, que permiten unir moléculas más pequeñas para generar otras de mayor tamaño.
- g. V. La ARN-polimerasa es un enzima que sintetiza nueva cadena de polinucleótido de ARN, utilizando como “molde” un fragmento de una cadena de ADN (respetando la complementariedad de bases). Es capaz de colocar por sí misma el primer nucleótido de la cadena en formación, por lo que no necesita de un “cebador”.
- h. F. Es cierto que, en el código genético, un mismo aminoácido puede venir codificado por más de un triplete de ADN (por ello, decimos que el código es degenerado). Es falso que un mismo triplete de ADN pueda codificar para más de un aminoácido, porque esto supondría que el código genético fuera absolutamente impreciso y no tuviera ninguna utilidad.
- i. F. La supresión de un solo nucleótido en una cadena de ADN altera toda la secuencia informativa tras el punto donde se produjo; por eso,

su efecto sobre la proteína codificada por ese fragmento es muy drástico. Sin embargo, la supresión de tres nucleótidos altera la secuencia en una región más pequeña, por lo que su efecto es menor.



- j. F. Todas las células de un organismo pluricelular son descendientes (por sucesivas divisiones celulares) de la misma célula original (el cigoto). Como, previamente, se ha producido la autoduplicación del ADN, durante la división celular cada célula hija recibe una copia idéntica del ADN que poseía la célula madre (por tanto, en cada división celular, se conserva la información). Así pues, todas las células que descienden del mismo cigoto poseen idéntica información que él. Esta regla general encuentra su excepción en las células reproductoras, que han de servir como gametos: se originan mediante un mecanismo de división celular especial (la meiosis), que reduce a la mitad el número de cromosomas; entonces, podemos decir que los gametos no poseen ni la misma información ni el mismo número de cromosomas que el resto de las células de ese organismo.

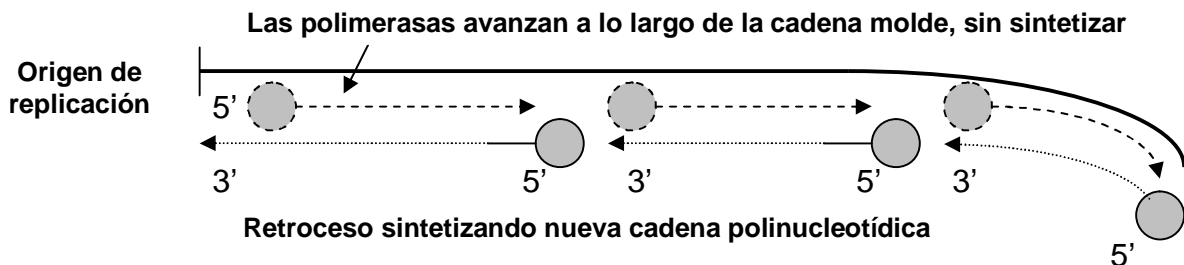
10. Respuestas sobre el esquema:

- Los números representan: (1).- autoduplicación del ADN ; (2).- transcripción (síntesis de ARN-m); (3).- transcripción inversa (retrotranscripción); (4).- traducción (biosíntesis de proteínas).
- Todos estos procesos, excepto la retrotranscripción (exclusiva de determinados virus), se producen en las células eucariontes. La autoduplicación del ADN transcurre en el núcleo celular. La transcripción también se produce en el núcleo celular. La traducción se localiza en los ribosomas citoplasmáticos.

11. En la autoduplicación del ADN están implicados los siguientes enzimas:

- Helicasas, girasas y topoisomerasas. Son enzimas encargados de separar las dos cadenas del ADN, girándolas al mismo tiempo para conseguir deshacer el arrollamiento plectonómico; son responsables de que se abra la burbuja de replicación.
- ARN-polimerasa. Es el enzima encargado de sintetizar el fragmento de polinucleótido ARN que sirve como cebador ("primer"), para que la ADN-polimerasa pueda continuar la síntesis del ADN.
- ADN-polimerasa. Es el enzima que va situando los nucleótidos adecuados (de acuerdo con la complementariedad de bases) y uniéndolos para constituir las nuevas cadenas de ADN que se van sintetizando (utilizando como molde las cadenas del ADN original).
- Nucleasas. Eliminan los nucleótidos de ARN que constituyen los "primer" que inician cada uno de los fragmentos de ADN que se sintetizan durante la autoduplicación.
- Ligasas. Incorporan los nucleótidos de ADN apropiados para rellenar los huecos que ha dejado la eliminación de los "primer".

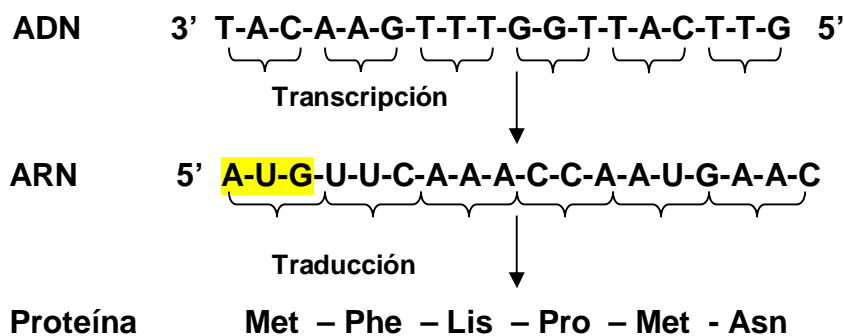
12. Tanto la ARN-pol (que sintetiza el polinucleótido de ARN que sirve como cebador), como la ADN-pol (que continúa la cadena sintetizando polinucleótido de ADN), sólo pueden sintetizar nuevo polinucleótido en sentido $5' \rightarrow 3'$ (recorriendo la cadena original, que sirve como molde, en sentido $3' \rightarrow 5'$). Por eso, en cada cadena, a partir del origen de replicación, la síntesis se produce de modo continuo en un sentido (en el sentido permitido), pero ha de realizarse de modo discontinuo en el sentido contrario. En este caso, la ARN-pol primero, y la ADN-pol después, se adelantan a lo largo de la cadena molde para, luego, retroceder sintetizando en el sentido permitido; este proceso se repite a medida que se va abriendo la burbuja de replicación; por tanto, la síntesis es discontinua, se hace mediante fragmentos de polinucleótido, que poseen un pequeño cebador de ARN y el resto de ADN (los fragmentos de Okazaki). Finalmente, en cada uno de estos fragmentos, se eliminarán los nucleótidos de ARN siendo sustituidos por otros de ADN. Para terminar, se unirán todos los fragmentos para constituir una cadena continua (complementaria a la cadena original que sirvió como molde).



13. No, porque el código genético es degenerado. Un mismo aminoácido puede venir codificado por varios tripletes diferentes de ADN, por lo que, a la vista de la secuencia de aminoácidos de una proteína, nunca podríamos tener la seguridad de cuál es la secuencia de ADN que la originó.

14. De acuerdo con el código genético, son 4 los tripletes (codones) que codifican para la glicina: GGU, GGC, GGA, GGG. Hay 6 tripletes que codifican para la serina, de los cuales sólo AGU y AGC podrían formarse por sustitución de una sola base nitrogenada, a partir de GGU y GGC, respectivamente. El único triplete que codifica para la metionina es AUG, por lo que no es posible llegar a obtenerlo por sustitución de una sola base. Los codones sin sentido son UAA, UAG y UGA; sólo el último de ellos se puede obtener sustituyendo la primera guanina del triplete GGA, que codifica para la glicina.

15. Respuesta:



16. El esquema representa los procesos que permiten que la información contenida en el ADN nuclear se exprese en el citoplasma celular, en forma de proteínas. El nº 1 identifica la doble hélice de ADN, que contiene la información en su secuencia de bases nitrogenadas, de acuerdo con el código genético. El nº 2 señala la burbuja de replicación, que se abre para permitir la transcripción del fragmento de ADN que contiene la información que se debe expresar. El nº 3 representa el transcrito primario, que se obtiene cuando la ARN-pol recorre la cadena molde sintetizando polinucleótido de ARN. El nº 4 es el ARN-mensajero, obtenido tras la maduración del transcrito primario (eliminación de los intrones, añadido de un nucleótido trifosforilado como “caperuza” y de una “cola” de poliadenina). El nº 5 es el ribosoma, lugar donde se produce la traducción, mediante la síntesis de una proteína específica, del mensaje traído por el ARN-m. El nº 6 es la proteína que se va sintetizando en el ribosoma, mediante la unión de los correspondientes aminoácidos por enlaces peptídicos.

17. Para poder iniciar la síntesis proteica se necesita:

- a. Que se produzca la unión de la subunidad pequeña del ribosoma con la cadena de ARN-m, cuyo mensaje se va a traducir.
- b. Que se añada el primer aminoacil-ARN-t (complejo formado por la unión de un ARN-t a un aminoácido específico, en función de cuál sea su anticodon).
- c. Que se una la subunidad grande del ribosoma.
- d. Todo esto es posible gracias a la presencia de un conjunto de “factores de iniciación” y “coenzimas energéticas” (como el ATP) que permiten que se forme todo este complejo.

18. Respuestas:

- a. Si el peso molecular medio de un aa es de 120 dal, una proteína cuyo peso molecular sea de 2.550.018 dal, deberá estar constituida por 25.000 aa. Dado que la tasa de traducción es de 2 aa / s, se necesitarían un total de 12.500 s para sintetizar completamente la proteína.

Proteína (n aminoácidos)

$$120.n - (n-1).18 = 2.550.018$$

$$120n - 18n - 18 = 2.550.018$$

$$102n = 2.550.000$$

$$n = 25.000 \text{ aa}$$

- b. No podríamos dar una respuesta precisa, porque, durante la transcripción, se "copia" la cadena de ADN ininterrumpidamente (tanto los intrones como los exones). De este transcrito primario se eliminarán, posteriormente, los intrones para dar lugar a la secuencia codificante definitiva (el ARN-m). Esto quiere decir, que el transcrito primario es mucho más largo (no sabemos cuánto) que el ARN-m (de éste si podríamos decir que consta de 25.000 codones, es decir, 75.000 nucleótidos). Si nos basamos en este dato, podemos asegurar que el tiempo sería necesariamente superior a 2.500 s ($75.000 / 30 = 2.500$)

19. Las células eucariontes regulan la expresión de sus genes utilizando los siguientes procedimientos:

- a. Regulando el empaquetamiento del ADN con las histonas.
- b. Mediante control de tipo hormonal.
- c. Utilizando sistemas de regulación tipo "operón":
 - i. Sistemas de regulación negativa (inducibles o represibles).
 - ii. Sistemas de regulación positiva (mediante activadores).

20. La evolución se produce sobre la base de la selección natural: los individuos mejor adaptados tienen más posibilidades de sobrevivir y, por tanto, de reproducirse y transmitir a la descendencia sus características ventajosas; así, de generación en generación, la población va modificando sus características, adoptando aquellas que resultan más ventajosas en su lucha por la supervivencia (más adaptativas). El mecanismo de la selección natural sólo es posible en poblaciones variadas genéticamente (heterogéneas), que ofrecen individuos con diferentes características (unas más adaptativas que otras). La variabilidad en las poblaciones se origina, desde los primeros momentos de la vida en la Tierra, por las mutaciones espontáneas que se producen en el material genético; sólo posteriormente se añade otra fuente de variabilidad: la mezcla genética que permiten los mecanismos de la reproducción sexual. La mutación es, por tanto, fuente de la variabilidad genética, que es la base del proceso evolutivo.