

Pág. 287

PARA COMENZAR

- Que una estructura en doble hélice permite separar 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.
- 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.
- 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.
- No, ya que si en un filamento hay una A, en el otro, enfrentada con la A hay una T, que es su base nitrogenada complementaria, y si hay una C, en el otro filamento hay una G, que es su base nitrogenada complementaria. Por tanto, las dos secuencias son completamente diferentes. En general, si en uno hay un segmento con información, en el otro, el segmento complementario carece de información y solo sirve para dar estabilidad.
- La información contenida en el ADN se copia a un ARN mensajero en un proceso denominado transcripción. A partir de ese ARN mensajero, los ribosomas junto con los ARN transferentes que leen los codones (secuencias de tres nucleótidos) especificados en el ARN mensajero, sintetizan las proteínas. Según el código genético establecido, cada codón codifica para un aminoácido específico. Este flujo de información se conoce como el dogma central de la biología molecular:

ADN $\xrightarrow{\text{Transcripción}}$ ARN $\xrightarrow{\text{Traducción}}$ Proteína

- La síntesis de proteínas tiene lugar en el citoplasma celular, mientras que la replicación del material genético tiene lugar en el núcleo.

Pág. 288

- 1 El material genético de la bacteria *Streptococcus pneumoniae*.

Pág. 289

- 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 ^{15}N y otra banda sobre la anterior que correspondería a la doble hélice con ^{14}N .

Esta hipótesis se descartó porque lo que en realidad obtuvo, después de la primera duplicación, fue una banda de posición intermedia entre el ADN con ^{15}N y el ADN con ^{14}N .

- 3 Si las bacterias se dejaban en ^{14}N durante dos divisiones, aparecían dos bandas de ADN en el tubo de la centrifuga, 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.

Pág. 290

- 4 La energía despreñida 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 $3' \rightarrow 5'$.
- 6 $3' \dots \text{TGAGTCCAT} \dots 5'$

Pág. 291

- 7 Si hay un 18% de timina, habrá un 18% de adenina (su base complementaria). Del 64% restante habrá un 32% de guanina y un 32% de citosina.
- 8 Son fragmentos constituidos por unos cincuenta nucleótidos de ARN y unos mil o dos mil nucleótidos de ADN. Estos fragmentos son sintetizados primero por la ARN polimerasa y, posteriormente, son continuados por la ADN polimerasa, en dirección $5' \rightarrow 3'$, sobre diferentes regiones de la hebra patrón.

Pág. 292

- 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. La hebra retardada es la que tiene libre su extremo $5'$, por tanto, se sintetiza de manera discontinua en fragmentos de Okazaki.
- 10 La helicasa rompe los puentes de hidrógeno entre las dos hebras complementarias y las separa.

Pág. 293

- 11 La replicación del ADN en los organismos eucariotas es muy similar a la de los procariontes, aunque hay algunas diferencias:
 - El ADN de las células eucariotas está asociado a histonas, formando nucleosomas.

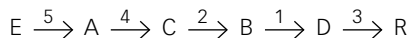
- La longitud del ADN de un cromosoma eucariótico es mucho mayor que la del ADN bacteriano (unos cincuenta milímetros frente a poco más de un milímetro). Además, el proceso es bastante más lento (50 nucleótidos por segundo en eucariotas y 500 nucleótidos por segundo en bacterias), seguramente por la 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 en eucariotas, 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.

Pág. 294

SABER HACER

- 13** El orden de las sustancias en la ruta metabólica junto con el paso que bloquea cada mutante es:



Cada mutante acumulará el compuesto anterior, dado que la falta de enzima bloquea el metabolismo de la sustancia sobre la que actúa.

Pág. 295

- 14** En general, puede considerarse que una secuencia de nucleótidos de 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' ... AUGUUCAUGAACAAAGAA ... 3'
 b) ADN: 3' ... ATGTTTCATGAACAAAGAA ... 5'
 ARNm: 5' ... UACAAGUACUUGUUUCUU ... 3'.

Pág. 296

- 17** El promotor es una región de ADN que no se transcribe y la unidad de transcripción es el fragmento que 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'

Pág. 297

- 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.

Pág. 298

- 21** a) Son posibles los tripletes con U y C, 8 en total: UUU, UUC, UCU, CUU, CUC, CCU, UCC, CCC.
 b) El porcentaje de citosinas es el 70% (0,7), por lo que el porcentaje de tripletes CCC será:
 $0,7 \cdot 0,7 \cdot 0,7 = 0,343$, es decir, un 34,3%.

Los tripletes posibles con 2 U y una C son 3, luego su porcentaje será: $(0,3 \cdot 0,3 \cdot 0,7) \cdot 3 = 0,189$, es decir, un 18,9%.

Pág. 299

- 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 (PP_i) libre.

Pág. 300

- 25** ADN: 3' ... ATGTTTCATGAACAAAGAA ... 5'
 ARNm: 5' ... UACAAGUACUUGUUUCUU ... 3'
 Proteína: Tyr – Lys – Tyr – Leu – Phe – Leu

Pág. 301

- 26** Se conoce como translocación ribosomal.
- 27** El extremo N-inicial es el inicio del péptido y el C-terminal marca el final. Por lo tanto, el extremo N-inicial lo marcará el primer aminoácido del péptido y el extremo C-terminal, el último aminoácido que se añade.

Pág. 303

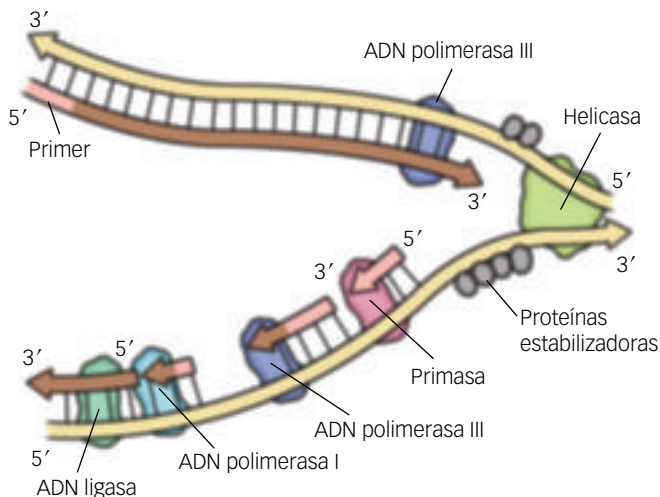
- 28** Las hormonas proteicas no pueden atravesar directamente la membrana plasmática debido al tamaño y naturaleza de

sus moléculas, para hacerlo, se unen a proteínas receptoras específicas de la membrana y se forma el complejo HR. Este proceso provoca que la enzima adenilato ciclasa 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.

Pág. 304

PARA REPASAR

- 29 Oswald Avery, Colin MacLeod y Maclyn McCarty en 1944.
- 30 a) Se han roto los enlaces fosfoéster que unían los nucleótidos de los dos extremos del fragmento separado en un filamento, y los enlaces de hidrógeno que mantenían unidas sus bases nitrogenadas con las bases nitrogenadas del otro filamento.
b) A partir del extremo 3' se añadiría un nucleótido de A, otro de G, otro de G y otro de T, sucesivamente.
c) Estas uniones las lleva a cabo la ADN polimerasa I.
- 31 Tal como Cairns había observado, como las dos cadenas crecían en la misma dirección, una tenía que hacerlo en sentido 5' → 3' (lo cual no implica ningún problema porque esta es la dirección de todas las ADN polimerasas); pero, en cambio, como el filamento complementario es antiparalelo, aparentemente crecía en sentido 3' → 5', algo que era imposible, ya que ninguna ADN polimerasa es capaz de añadir nucleótidos en este sentido.
Los fragmentos que se encontraron eran la evidencia de que, en realidad, este filamento no crecía desde del extremo 5' por adición de nucleótidos, sino por la adición de fragmentos que habían sido sintetizados en la dirección contraria (la que siguen las ADN polimerasas). Sería como la dirección de crecimiento de una cola de personas, que es justo la contraria que la dirección en que caminan las personas que la hacen crecer.
- 32 Se trata de la duplicación del ADN. Ver página 292 del libro del alumno para su desarrollo.



- 33 Porque la síntesis se detiene constantemente, esperando que la enzima helicasa llegue a romper los puentes de hidrógeno de 1000 pares de nucleótidos, y que se vuelva a iniciar la síntesis de un nuevo fragmento de Okazaki.

34

Enzima	Función	Procesos en los que interviene
ADN polimerasa III	Añade nucleótidos de ADN en el extremo 3' de un segmento corto de ARN, que le sirve de cebador.	Replicación del ADN.
Helicasa	Rompe los puentes de hidrógeno entre los dos filamentos complementarios.	Replicación del ADN y síntesis del ARN.
ARN polimerasa	Sintetiza ARN sobre un ADN patrón.	Replicación del ADN y síntesis del ARN.
ADN ligasa	Une fragmentos de ADN.	Replicación del ADN.
Primasa	Sintetiza nucleótidos de ARN que le sirven como punto de inicio a la ADN polimerasa III.	Replicación del ADN.
Topoisomerasa	Elimina las tensiones de la doble hélice cortando los dos filamentos.	Replicación del ADN y síntesis del ARN.
ADN polimerasa I	Elimina los nucleótidos de ARN que encuentra y los reemplaza por nucleótidos de ADN.	Replicación del ADN.

35

Mutantes	Sustancias					
	A	B	C	D	E	F
1	-	+	+	+	+	-
2	-	-	+	+	+	-
3	-	-	-	+	+	-
4	-	-	-	-	+	-
5	-	-	-	-	-	+

- 36 Si es de una célula procariota, la secuencia será:
ADN (transcrita): 3' ... TAGGAGTAC ... 5'
ADN (complementaria): 5' ... ATCCTCATG ... 3'

- 37** Protege al transcrito de la acción de las exonucleasas.
- 38 a)** Si solo se conocen los dos primeros nucleótidos del codón, se podría conocer el aminoácido incorporado en los siguientes casos: Ala, Arg, Gly, Leu, Pro, Ser, Thr y Val.
- b)** Si se conoce el aminoácido incorporado, se podría conocer el codón en dos casos: Met y Trp.
- c)** Los aminoácidos que se sustituyen más fácilmente son los mismos que en el caso anterior: Met y Trp.

39 ARNm: 5' ... G A A G C A G U U U A C ... 3'
 Proteína: Glu – Ala – Val – Tyr

40 Las secuencias de ADN serán las distintas combinaciones posibles de los tripletes indicados:

Polipéptido: H₂N – Cys – Gly – Met – Ala – COOH

ARNm: 5' ... UGU – GGU – AUG – GCU ... 3'
 UGC GGC GCC
 GGA GCA
 GGG GCG

Posibles ADN: 3' ... ACA – CCA – TAC – CGA ... 5'
 ACG CCG CGG
 CCT CGT
 CCC CGC

41 Porque en las células de los tejidos especializados no se expresan todos los genes, sino que en las células de un tejido determinado se expresan unos genes, y en las células de otro tejido se expresan otros. Son estas diferencias de expresión las que posibilitan la existencia de tejidos especializados, a pesar de que todas las células somáticas de un individuo heredan el mismo ADN que tenía el cigoto, que fue la primera célula del individuo.

- 42 a)** Procariotas.
b) Eucariotas.
c) Procariotas.

Pág. 305

PARA PROFUNDIZAR

- 43 a)** La ADN polimerasa puede unir unos 1000 nucleótidos por minuto.
- b)** Son complementarios, antiparalelos y enrollados de manera plectonímica, es decir, que para separarlos hay que desenrollar uno respecto del otro.
- c)** Sí. La aparición de nuevas informaciones es la única posibilidad de que surjan mejoras heredables.
- d)** Se conocen como mutaciones.
- 44** Tendrá 51 aminoácidos: (80 + 73) / 3.
- 45** 2000 proteínas × 150 aminoácidos/proteína = 300 000 aminoácidos. Como cada aminoácido necesita 3 nucleótidos de información, eso significa, 900 000 nucleótidos (300 000 × 3).

Cada 10 nucleótidos comprenden 34 Å, por tanto, los 900 000 nucleótidos tendrán una longitud de 3 030 000 Å.

46 Tan solo uno de los filamentos lleva información para la síntesis de proteínas; por tanto, si hay 12 000 nucleótidos, hay 4000 tripletes (12 000 / 3) que se traducirán en 4000 aminoácidos.

Por otra parte, una proteína de 20 000 daltons (1 dalton es 1 uma o unidad de masa atómica), dado que cada aminoácido pesa de media 100 daltons, tendrá 200 aminoácidos. Así pues, este ADN puede codificar 20 de estas proteínas (4 000 / 200 = 20).

47 Si contiene nucleótidos de U y de A, se habrán formado los tripletes AAA, AAU, AUA, UAA, AUU, UAU, UUA y UUU. Como el triplete UAA indica final de la síntesis, cada vez que por azar se forme, la traducción finalizará; por eso han resultado cadenas muy cortas

48 Son posibles 4 secuencias de ADN, según las distintas combinaciones de los tripletes indicados:

Polipéptido: H₂N - Lys – Met – Glu - COOH

ARNm: 5' ... AAA – AUG – GAA ... 3'
 AAG GAG

Posibles ADN: 3' ... TTT – TAC – CTT ... 5'
 TTC CTC

49

Doble cadena de ADN		ARNm	ARNt	Aminoácidos
3' - C	5' - G	5' - G	3' - C	Ala
G	C	C	G	
T	A	A	U	
A	T	U	A	Trp
C	G	G	C	
C	G	G	C	
A	T	U	A	Stop
C	G	G	C	
T	A	A	U	
G	C	C	G	Arg
C	G	G	C	
A - 5'	T - 3'	U - 3'	A - 5'	

50 R. G. El operón *his*, a diferencia del operón *lac*, presenta una represión por producto final, es decir, cuando hay histidina en el medio, esta se une al represor que se une al operador y bloquea la síntesis de histidina. Por el contrario, si la histidina no se une al represor, este no puede unirse al operador y los genes estructurales que codifican para la histidina se transcriben. El dibujo será similar al de la página 302 del libro del alumno, teniendo en cuenta estas diferencias.

51 Respuesta en la web.

CIENCIA EN TU VIDA

- 52** R. M. Se trata de verificar que, efectivamente, con cordeles más largos, como pueden ser los cromosomas, se tarda mucho más tiempo en desanudar el amasijo que con cordeles más cortos, debido a que se formarán más nudos entre ellos.
- 53** R. M. La topoisomerasa 2 corta uno de los cordeles cuando se encuentra con un nudo y luego une los dos trozos resultantes, deshaciendo el nudo más rápido que si se desenrollaran los dos cordeles girando uno sobre el otro.
- 54** R. M. La topoisomerasa 2 es una enzima que corta el ADN y lo vuelve a unir durante el proceso de replicación, fundamental para que la célula se divida y crezca. Si se consigue inhibir o bloquear esta enzima en células cancerosas, estas no podrían dividirse y se destruirían. Se están estudiando sustancias que actúen como inhibidores de la topoisomerasa para tratamiento contra el cáncer.