

## ACTIVIDADES DE GÉNETICA MOLECULAR:

Nota: Considérense todos los AUG codones de inicio.

1. Dada la siguiente secuencia codificadora de ADN (gen):

5'-ATGGGTGTCAAATGCGTAGATTGA-3'

3'-????????????????????-5'

Sigue el flujo de la información genética y describe los pasos necesarios hasta formar la cadena polipeptídica con su secuencia de aminoácidos. Explica donde tienen lugar estos procesos.

2. ¿Qué tres tipos de ARN intervienen en la síntesis de proteínas? ¿Cuál es su función?

3. ¿Qué es el código genético?, ¿Qué características tiene el código genético?, ¿Qué significa que esta degenerado? ¿Tiene alguna ventaja este hecho?

4. En una hebra de ADN se han encontrado las siguientes proporciones de bases nitrogenadas: adenina, 40 %; timina, 20 %; citosina, 25 %, y guanina, 15 %. ¿Cuáles serán las proporciones de bases nitrogenadas de la cadena complementaria? ¿Y la proporción de cada base nitrogenada de un ARN mensajero transcrito a partir del fragmento encontrado?

5. Un fragmento de ARNm eucariota presenta la siguiente secuencia:

5'...UUC AUG AUC CAC CGA UGA AAU...3'

a) Completa la secuencia de la hebra de ADN molde de la que se ha transcrito la información.

b) Identifica la secuencia de aminoácido que originaría la traducción del fragmento de ARNm teniendo en cuenta el codón de inicio y el de parada.

6. Un fragmento de ADN eucariota presenta la siguiente secuencia:

3'...GAG TAC TAG GTG TCA ACT TGG...5' (hebra molde).

Transcribe la secuencia de ARNm e identifica la secuencia de aminoácidos que originaría la traducción del fragmento de ARNm.

7. La secuencia de bases de una molécula de ARNm es:

... AAC GUC AGG CUU UAG GCA UAA...

a) Escribe la doble cadena de nucleótidos de ADN de la que se copió.

b) Indica qué cadena sirvió de molde para sintetizar el ARNm.

c) Atendiendo al código genético escribe la secuencia de aminoácidos que resulta de la transcripción de la cadena de ARNm.

8. Consulta el código genético y escribe una secuencia posible de ADN que codifique la síntesis del siguiente polipeptido: Serina - Alanina - Glicina - Lisina - Isoleucina - Valina - Prolina – Serina

9. Un estudiante dispone de cuatro muestras de ácidos nucleicos con diferentes porcentajes de bases nitrogenadas. Quiere averiguar cuál o cuáles de las muestras corresponden a ADN y cuáles a ARN. ¿Puedes ayudarlo? De las muestras, ¿cuáles pueden corresponder a ADN y ARN humanos?

	A (%)	C (%)	G (%)	T (%)	U (%)
Muestra 1	25,4	24,7	24,6	-	25,3
Muestra 2	35,2	23,8	18,3	22,7	-
Muestra 3	13	29	33	-	25
Muestra 4	35,2	14,8	14,9	35,1	-

10. Utilizando el “juego en papel” suministrado en clase y el libro, recrea y describe el proceso de traducción realizando dibujos de las diferentes etapas.

### **RESUMEN TRADUCCIÓN=BIOSÍNTESIS DE LAS PROTEÍNAS:**

Llega, se une, se va y avanza:

- Llega el ARNm a un **ribosoma** (en el citosol), que tiene dos lugares o centros: A y P (aminoacil y peptidil) y
- Se coloca de modo que su primer triplete o codón esté en el centro P y su segundo codón esté en el centro A.
- La traducción consta de 3 etapas (previa activación de los aminoácidos (Aas) con ATP y su unión a un ARNt específico, gracias a un enzima)

#### **A) INICIACIÓN DE LA SÍNTESIS** (a y b del dibujo)

- La síntesis comienza por el extremo 5´ y avanza hacia 3´.
- Llega el ARNt primero (unido al sitio P de la subunidad menor del ribosoma), portando el Aa primero (siempre metionina) y su anticodón se une al codón primero del ARNm (por puentes de H), por complementariedad de bases.
- Se une la subunidad mayor del ribosoma.

#### **B) ELONGACIÓN DE LA CADENA POLIPEPTÍDICA**

- Llega el ARNt 2º, portando el Aa 2º y su anticodón se une al codón 2º del ARNm (por p. de H), por complementariedad de bases (dibujo c). Ocupando el sitio A
- Se une el 2º Aa con el anterior (1º), por enlace peptídico (por la peptidil-trasferasa), formándose un dipéptido (dibujo d)
- Se va el ARNt 1º (sin su Aa) y avanza el ribosoma un codón a la derecha (se trasloca) (dibujo e)
- Llega el ARNt 3º, portando el Aa 3º y su anticodón se une al codón 3º del ARNm (por p.de H), por complementariedad de bases (dibujo f)
- Se une el 3º Aa con el anterior (2º del dipéptido), por enlace peptídico, formándose un tripéptido (dibujo g)
- Se va el ARNt 2º y avanza el ribosoma un codón a la derecha (dibujo h)
- Llega el ARNt 4º portando el Aa 4º y su anticodón se une al codón 4º del ARNm (dibujo i)
- Se une el 4º Aa con el anterior (3º del tripéptido), por enlace peptídico (dibujo j)
- Se va el ARNt 3º y avanza el ribosoma un codón a la derecha (dibujo k).

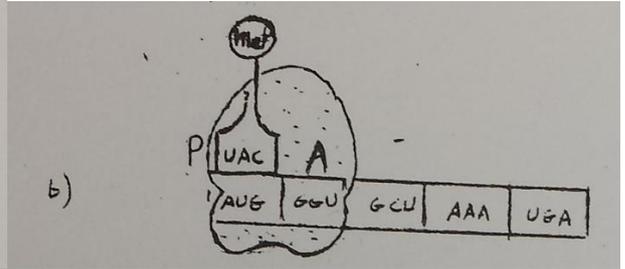
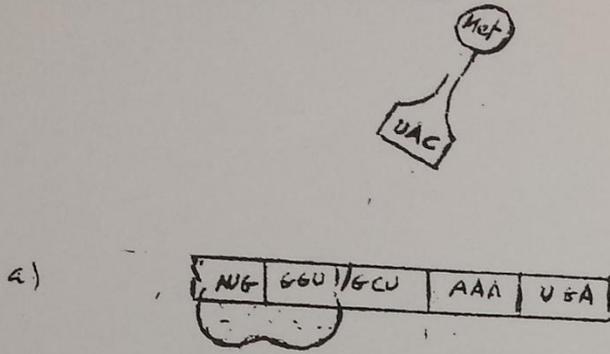
#### **C) TERMINACIÓN**

- Así hasta llegar a un codón “sin sentido” del ARNm , lo cual significa la finalización de la síntesis (se une al sitio A una proteína o factor de terminación). El último ARNt se va y se libera el péptido formado (por la peptidil-trasferasa).

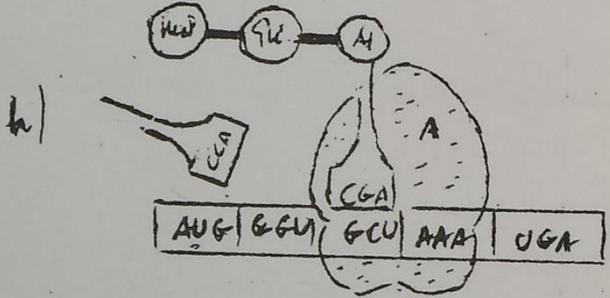
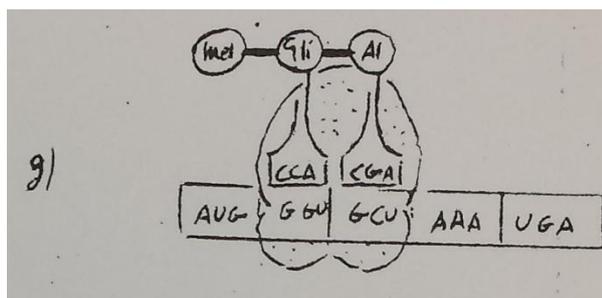
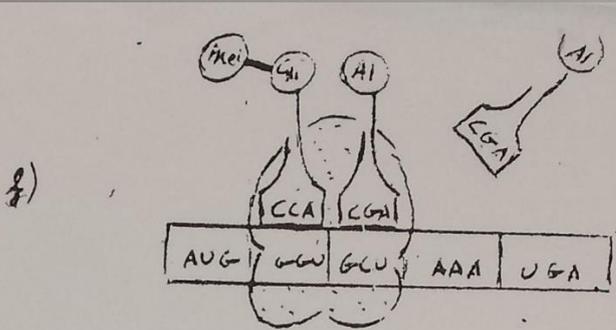
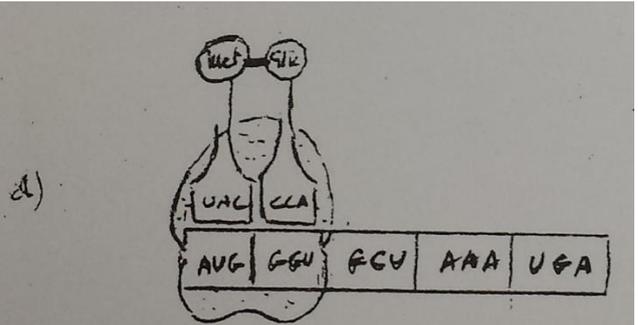
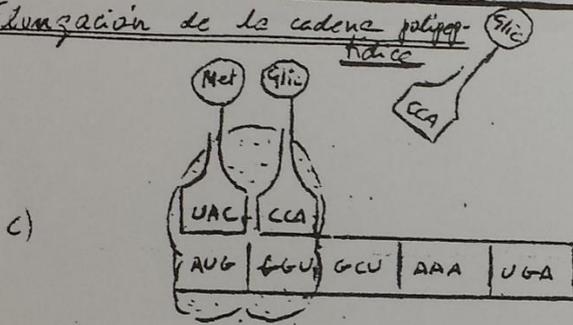
En la activación de los ARNt se gasta energía en forma de ATP. En la formación de los enlaces peptídicos y en la translocación se gasta GTP.

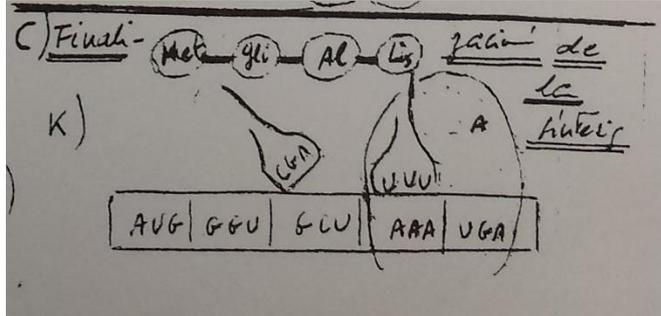
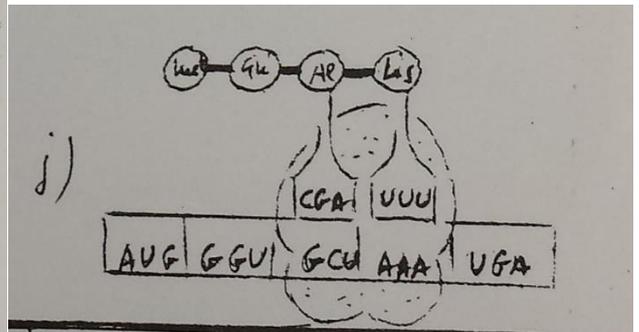
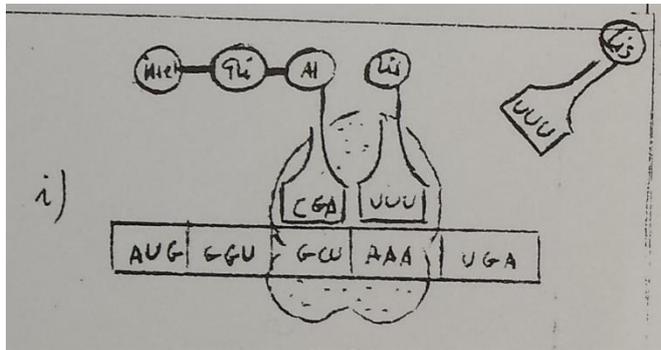
Los nombres de las enzimas: la peptidil-transferasa cataliza la unión (forma los enlaces peptídicos) y la que carga los ARNt con su aminoácido (Aa) es la aminoacil-ARNt-sintetasa.

A) Iniciación de la síntesis



B) Elongación de la cadena polipeptídica







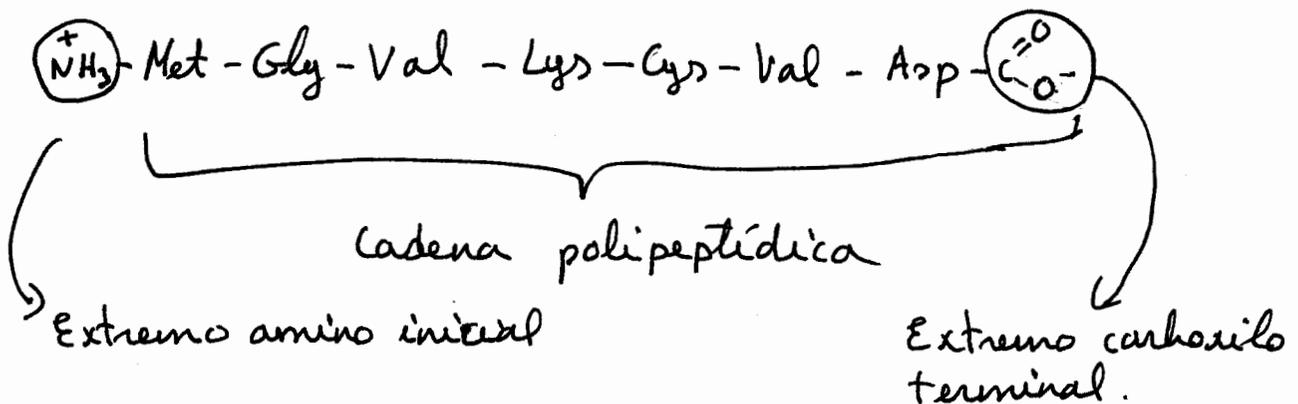
Una vez que tengo el ARNm y se sus codones, puedo obtener la cadena de aminoácidos, utilizando la tabla del código genético. Solo busco el codón correspondiente y miro en la tabla que aminoácido codifica.

Este proceso de síntesis de la proteína o cadena polipeptídica utilizando el ARNm, se llama traducción.

El ARNm debe salir del núcleo y dirigirse al citoplasma. Es en el citoplasma donde tiene lugar la traducción. El orgánulo encargado de hacerla es el ribosoma.

5'-AUG GGU GUC AAA UGC GUA GAU UGA-3' ARNm

↓  
TRADUCCIÓN O SÍNTESIS DE  
PROTEÍNAS. (En el citosol, en  
los ribosomas).



La secuencia de aminoácidos de la cadena polipeptídica es: Metionina - Glicina - Valina - Lisina - Cisteína - Valina - Aspartato.

El ribosoma finaliza la síntesis cuando llega al codón de stop o parada que no codifica para ningún aminoácido.

2.

- ARN mensajero (ARN<sub>m</sub>): es una copia complementaria de un fragmento de ADN, que servirá a su vez de pauta para la síntesis de una cadena polipeptídica. Una vez formado en el núcleo, el ARN<sub>m</sub> pasa al citoplasma, donde se asociará a los ribosomas. Sus triplete de bases se llaman codones.
- ARN ribosómico (ARN<sub>r</sub>): es el más abundante en la célula, constituye los ribosomas, donde está asociado a proteínas básicas. Los ribosomas tienen dos subunidades, cada una de las cuales posee diversos tipos de ARN<sub>r</sub> que se diferencian en el tamaño. Sus uniones biológicas están vinculadas a la estructura del ribosoma y al mecanismo de síntesis proteica.
- ARN de transferencia (ARN<sub>t</sub>): Está localizado en el citoplasma. Actúan como moléculas transportadoras de aminoácidos durante la síntesis proteica. Cada uno de los 20 aminoácidos proteicos posee, al menos, un ARN<sub>t</sub> específico y algunos poseen varios. Las ARN<sub>t</sub> poseen un triplete de bases llamado anticodón, que es complementaria a su correspondiente codón del ARN<sub>m</sub>. En definitiva, una molécula de ARN<sub>t</sub>, lleva su aminoácido correspondiente hasta el ribosoma cuando se requiere.

3.

El código genético viene a ser como un diccionario que trata de establecer una equivalencia entre el lenguaje del ARN, escrito con cuatro bases nitrogenadas o nucleótidos, y el lenguaje de las proteínas, escrito con veinte aminoácidos distintos. La equivalencia se establece entre tres nucleótidos, o triplete del ARN<sub>m</sub>, al que se denomina codón,

y un único aminoácido. El triplete complementario en el ADN y del cual deriva el codón, se llama codógeno. Existe además otro triplete, complementario del codón pero en una zona específica del ARN<sup>t</sup>, que recibe el nombre de anticodón, el cual se une al codón mediante puentes de hidrógeno entre las bases nitrogenadas.

De los 64 triplete posibles, 61 codifican aminoácidos y 3 de ellos no codifican ningún aminoácido, siendo triplete de terminación de mensaje. Al haber muchos más triplete que aminoácidos se ha dicho que el código genético está degenerado, pero la realidad es que supone una ventaja, puesto que un cambio de un nucleótido, en muchas ocasiones, puede no alterar el orden de los aminoácidos en la proteína. Puede haber más de un codón que codifique para el mismo aminoácido.

Después de estudiar muchos organismos se ha concluido que este código es universal, es decir, que el mismo código es empleado por todas las células de todos los organismos vivos e incluso virus.

④ Cadena complementaria: 40% T, 20% A, 25% G, 15% C  
 ARN<sub>m</sub>: 40% U, 20% A, 25% G, 15% C

⑤ 5'...UUC AUG AUC CAC CGA UGA AAU ... 3'  
↳ codón de inicio ↳ codón de stop.

a) Hebra molde de ADN:

3'...AAGTACTAGGTGGCTACTTTA...5'

b) Secuencia de aminoácidos:  
 NH<sub>2</sub>-Met-Ile-Hist-Arg-COO-

