

## PROBLEMAS 1: CODIGO GENETICO

**1-Dada la siguiente secuencia de nucleótidos de un segmento de ADN que se traduce a un polipéptido de seis aminoácidos:**

**ADN 3' TACGATAATGGCCCTT T TATC 5'**

**ADN 5' ATGCTATTACCGGGAAA ATAG 3'**

Utilizando el código genético:

- Deduzca la secuencia de ribonucleótidos en el ARN mensajero.
- Escriba la secuencia de aminoácidos del polipéptido producido.
- Utilizando el código genético, indica una posible mutación en el ADN que dé lugar a un ARN que no origine ninguna alteración en la proteína codificada.
- Utilizando el código genético, indica una posible mutación en el ADN que dé lugar a un ARN que origine un cambio de un aminoácido por otro en la proteína codificada.
- Utilizando el código genético, indica una posible mutación en el ADN que dé lugar a un ARN que origine un corrimiento del marco de lectura en la proteína codificada.
- Utilizando el código genético, indica una posible mutación en el ADN que dé lugar a un ARN que origine la interrupción de la síntesis de la cadena proteica

**2- Suponga que en otro planeta de nuestra galaxia se han encontrado proteínas que contienen 125 aminoácidos diferentes, ácidos nucleicos con cinco bases nitrogenadas distintas y un código genético que al igual que el nuestro está organizado en tripletes:**

- ¿Son suficientes 5 nucleótidos distintos para codificar 125 aminoácidos diferentes?
- ¿Podría existir un mecanismo de traducción semejante al de nuestro planeta?
- ¿Podrían la iniciación y la finalización de la traducción ser semejantes a las de nuestro planeta?

**3-Si se emplean los siguientes ARNm sintéticos de secuencia conocida en un sistema de traducción "in vitro" capaz de sintetizar proteínas se obtienen los polipéptidos indicados en la siguiente tabla:**

Mensajero sintético	Secuencia del polipéptido sintetizado
Poli UG (...UGUGUGUGUG...)	NH <sub>2</sub> -cys-val-cys-val-cys-val-... NH <sub>2</sub> -val-cys-val-cys-val-cys-...
Poli GUGG (...GUGGGUGGGUGGGUGG...)	NH <sub>2</sub> -val-gly-gly-trp-val-gly-gly-trp-val-gly-gly-trp-...

	NH <sub>2</sub> -gly-gly-trp-val-gly-gly-trp-val-gly-gly-trp-val-... NH <sub>2</sub> -gly-trp-val-gly-gly-trp-val-gly-gly-trp-val-gly-... NH <sub>2</sub> -trp-val-gly-gly-trp-val-gly-gly-trp-val-gly-gly-...
<b>Poli UUGU</b> (...UUGUUUGUUUGUUUGU...)	NH <sub>2</sub> -val-cys-leu-phe-val-cys-leu-phe-val-cys-leu-phe-... ... NH <sub>2</sub> -cys-leu-phe-val-cys-leu-phe-val-cys-leu-phe-val-... ... NH <sub>2</sub> -leu-phe-val-cys-leu-phe-val-cys-leu-phe-val-cys-... ... NH <sub>2</sub> -phe-val-cys-leu-phe-val-cys-leu-phe-val-cys-leu-... ...

**cys = cisteína, gly = glicina, leu = leucina, phe = fenilalanina, trp = triptófano, val = valina**

Tenga en cuenta que cuando se está descifrando el código genético no se sabe si este es o no degenerado.

- Indique los triplete que contiene cada mensajero sintético.
- ¿Por qué los polipéptidos sintetizados comienzan en cada caso por un aminoácido distinto?
- ¿Qué codones podrían ser total o parcialmente descifrados a partir de estos datos?
- ¿Indican estos resultados que el código genético es degenerado?

**4-Se obtiene una muestra de ADN, se transcribe a su ARNm y se purifica. Se separan entonces las dos hebras del ADN y se analiza la composición de bases de cada hebra del ADN y del ARNm. Se obtienen los datos recogidos en la tabla más abajo:**

	A	G	C	T	U
Hebra 1	19.0	26.0	31.0	23.9	0
Hebra 2	24.2	30.8	25.7	19.3	0
ARNm	18.8	25.8	31.5	0	24.2

¿Qué hebra del DNA es la que sirve como molde para la síntesis del ARNm? Fundamente su respuesta

- Hebra 1
- Hebra 2
- Ambas hebras, 1 y 2
- Ninguna hebra, ni 1 ni 2
- La información es insuficiente para decidir

5-En el siguiente esquema del Dogma de la biología molecular, nombre los procesos marcados con “?”

