



MATERIAL DIDÁCTICO

NOTAS DEL CURSO SOBRE BIOLOGÍA MOLECULAR

AUTOR:

Dra. Claudia Haydée González de la Rosa

Departamento de Ciencias Naturales

ISBN: 978-607-477-441-2

Enero 2010

MATERIAL DIDÁCTICO

Tipo de publicación: **Docencia. Notas de Curso**

Fecha: **11 de Enero del 2010**

Nombre del autor: **Dra. Claudia Haydée González De la Rosa**

Departamento: **Ciencias Naturales**

Nombre de la Licenciatura: **Ingeniería Biológica**

Nombre de la UEA: **Biología Molecular**

RESUMEN

Llamamos materiales didácticos a las diferentes herramientas o utensilios que utilizan los profesores y los alumnos en el desarrollo del proceso de enseñanza-aprendizaje. Unos tienen carácter globalizador y orientativo de todo el proceso (como los libros de texto) y otros son elementos de carácter auxiliar, como las presentaciones animadas en computadora, los problemarios, los cuestionarios, etc. En el medio educativo, en un sentido amplio se entiende por cualquier instrumento que pueda servir como recurso para que mediante su lectura se ofrezcan oportunidades de aprender, recordar o practicar algo, o bien, con su uso se intervenga en el desarrollo de alguna función de la enseñanza. Es decir, los materiales comunican contenidos para su aprendizaje y pueden servir para estimular el proceso enseñanza-aprendizaje, total o parcialmente.

Según la Legislación Universitaria, se entiende por "paquete didáctico" a la recopilación de material (notas, ejercicios, problemario del curso, cuestionarios, etc.) cuyo propósito es apoyar la enseñanza de una o varias unidades de enseñanza-aprendizaje en los cursos de educación superior.

Tomando en cuenta las consideraciones previas, me permito someter a su evaluación el presente paquete didáctico dividido en dos secciones, que cubre algunos contenidos del programa de estudios de la UEA Biología Molecular y cuyo objetivo principal es el de ofrecer a los alumnos una herramienta útil que les ayude en su proceso de aprendizaje de la UEA. La primera sección comprende una serie de preguntas separadas en 4 partes que corresponden a diferentes temas. Las respuestas a cada una de las preguntas se encuentran al final de la sección. Esta sección le permitirá al alumno realizar una autoevaluación, para que conozca su dominio del tema y aumente su autoconfianza al contrastar su progreso en la UEA. La segunda sección consta de un repertorio de problemas y ejercicios resueltos, también dividida en 4 partes que corresponden a diferentes temas y que ayudarán a los alumnos a comprender mejor los conceptos y a aplicarlos a casos prácticos concretos.

JUSTIFICACIÓN

El material didáctico es un recurso que ayuda a que los alumnos aprendan a pensar, a decidir, a crear, a resolver situaciones, a compartir y a superar la rutina, porque contribuye a resolver los desafíos de la UEA. Los recursos didácticos son los medios o instrumentos que debe utilizar el profesor para alcanzar los objetivos planeados anticipadamente; facilitan la enseñanza y mejoran el aprendizaje, refuerzan la acción del educador pero no lo sustituye. El material didáctico funciona como recurso para captar y dirigir la atención de los alumnos a cuestiones particulares e importantes, ilustrar, reforzar o ejemplificar el tema, que dan seguimiento a lo expuesto previamente en clases. El medio impreso es uno de los instrumentos más antiguos de transmisión de conocimientos. Podríamos pensar que en esta era de digitalización y de transmisión electrónica de información, el medio impreso es obsoleto, sin embargo, la facilidad de lectura y de transporte en nuestro entorno hacen aún palidecer a las nuevas tecnologías educativas.

El diseño y planeación de actividades de enseñanza y aprendizaje es una actividad en la que tenemos que poner en juego nuestra creatividad, experiencia, habilidad y conocimientos para pensar en alternativas atractivas. Entre las ventajas de contar con material didáctico tenemos la economización en tiempo, pues se presenta en forma concreta algunos conceptos o temas difíciles y abstractos, facilita la comprensión y retención del tema, amplía el conocimiento, promueve la reflexión y el análisis crítico, reafirma el conocimiento y despierta el interés del alumno. Además, el uso del presente recurso didáctico permite ejercitar en el alumno la habilidad de entender y responder cuestionarios de opción múltiple y de falso/verdadero, así como en la visualización de algunos conceptos de Biología Molecular.

Contenido

Sección 1. Preguntas

Parte I. Estructura del ADN, replicación del ADN en procariontes y eucariontes, mecanismos de daño al ADN y sistemas de reparación, transcripción del ADN, <i>splicing</i>	1
Parte II. Código genético, traducción, modificaciones postraduccionales, regulación de la expresión genética en procariontes.....	12
Parte III. Regulación de la expresión genética en eucarionte.....	21
Parte IV. Clonación del ADN <i>in vitro</i> e <i>in vivo</i> , hibridación, secuenciación.....	27
Respuestas.....	29

Sección 2. Problemas y ejercicios

Parte I. Introducción a la Biología Molecular y replicación del ADN en procariontes.....	31
Parte II. Código genético, traducción, modificaciones postraduccionales, regulación de la expresión genética en procariontes.....	32
Parte III. Regulación de la expresión genética en eucarionte.....	33
Parte IV. Ingeniería genética y sus aplicaciones, clonación del ADN <i>in vitro</i> e <i>in vivo</i> , hibridación, secuenciación.....	35
Resultados.....	38

Abreviaciones utilizadas	41
---------------------------------------	----

Bibliografía recomendable	41
--	----

Parte I

Temas considerados: estructura del ADN, replicación del ADN en procariontes y eucariontes, mecanismos de daño al ADN y sistemas de reparación, transcripción del ADN, *splicing*.

1. ¿Cuántos nucleótidos hay en 238 nm de una cadena de ADN que forma parte de una doble hélice tipo B?
2. ¿Cuántas vueltas dan 48 pares de bases de una doble hélice de ADN tipo B?
3. ¿Qué longitud en nanómetros tienen 13 vueltas completas de una doble hélice tipo B?
4. Si una célula tiene un porcentaje de GC de 48%, ¿cuál es el porcentaje de T?

5. Elija el enunciado correcto:

- A) La doble hélice del ADN es antiparalela debido a que cada hebra tiene 2 extremos: uno es el 5' y el otro es el extremo 3'.
- B) La doble hélice del ADN es complementaria, es decir, es posible deducir la secuencia de una hebra conociendo la secuencia de la otra.
- C) El término CG se refiere a un par de bases enlazadas por puentes de hidrógeno, es decir, localizadas en cadenas complementarias,
- D) El término CpG hace referencia a nucleótidos adyacentes en una misma hebra de ADN, con un enlace fosfodiéster de conexión.
- E) Todas las anteriores son correctas.

6. Elija el enunciado correcto:

- A) Las histonas son moléculas de ARN con carácter ácido que permiten el superenrollamiento del ADN.
- B) En el proceso de plegamiento del ADN en eucariontes, hay una asociación regular con histonas, esta asociación es llamada nucleoide.
- C) Además del ADN nuclear, existe ADN en las mitocondrias y en los cloroplastos.
- D) En el genoma humano no existen secuencias de ADN repetidas.
- E) Los transposones son segmentos de ADN repetitivo, que pueden moverse de una localización a otra en el genoma y que sólo están presentes en los virus.

7. Elija el enunciado correcto:

- A) Durante la replicación del ADN a una cadena hija se le llama cadena líder y a la otra, cadena rezagada.
- B) La ADN polimerasa agrega un desoxinucleótido al grupo hidroxilo 3' libre de la cadena de ADN en crecimiento.
- C) La síntesis 5'→3' de la cadena lenta tiene dirección opuesta respecto de la que sigue la horquilla de replicación, por lo tanto, debe realizarse en forma discontinua.
- D) La longitud del fragmento de ADN que se replica es denominado replicón.
- E) Todas las anteriores son correctas

8. Elija el enunciado correcto:

- A) Las ADN polimerasas dirigidas por ADN propensas a error se encuentran abundantemente en todas las células humanas.
- B) La actividad exonucleasa 3'→5' de las ADN polimerasas se encarga de corregir errores
- C) La ADN polimerasa δ es específica para sintetizar la cadena líder en la replicación estándar de eucariontes.

- D) Sólo A y B son correctas
- E) Sólo B y C son correctas

9. Elija el enunciado correcto:

- A) La información genética puede fluir de ARN a proteína y viceversa.
- B) Se llama lugar AP a un lugar en la proteína donde falta un aminoácido.
- C) Se llama lugar AP a un lugar en el ADN donde falta una base nitrogenada.
- D) Las mutaciones pueden ser producidas por agentes químicos y errores en la síntesis del ADN.
- E) Los incisos C y D son correctos.

10. Seleccione el enunciado correcto:

- A) El transcrito tiene la misma secuencia de bases (excepto por el cambio de Adenina por Uracilo) que la cadena no plantilla, por eso, se le llama cadena Sentido
- B) A la cadena plantilla se le conoce como Antisentido o Codificante.
- C) El ARN ribosomal es transcrito por la ARN polimerasa II y tiene forma de hoja de trébol.
- D) Las ARN polimerasas de eucariotas tienen sólo 2 subunidades.
- E) En la transcripción, el ADN se desenrolla y el ADN plantilla forma un híbrido ADN-ARN transitorio.

11. Seleccione el enunciado incorrecto:

- A) La heterocromatina es la cromatina inactiva transcripcionalmente.
- B) La eucromatina es la cromatina activa transcripcionalmente.
- C) Ambas cromatinas se replican en la fase S del ciclo celular.
- D) Un ARN mensajero policistrónico es aquél que codifica para una sola proteína
- E) El *splicing* es el proceso de eliminación de intrones y unión de exones.

12. Elija el enunciado correcto

- A) Un par GC presenta dos puentes de hidrógeno y el par AT sólo uno
- B) Todo el genoma humano sirve como plantilla para sintetizar moléculas de ARN mensajero
- C) Los pares GC del ADN de doble cadena son más fuertes que los pares AT.
- D) El azúcar que forma parte del esqueleto del ADN forma una red intramolecular de puentes de hidrógeno.
- E) Los ácidos nucleicos nunca presentan estructura tridimensional de tipo helicoidal.

13. Elija el enunciado correcto:

- A) El ADN, ARN y polipéptidos son grandes polímeros definidos por una secuencia lineal de unidades simples.
- B) El ADN tiene una estructura básica lineal de residuos de azúcar y fosfato alternados.
- C) El azúcar en el ADN es la desoxirribosa, que tiene 5 carbonos.
- D) Residuos sucesivos en el ADN están unidos por enlaces fosfodiéster.
- E) Todas son correctas.

14. Elija el enunciado correcto:

- A) Fijada al átomo de carbono 5' de cada residuo de azúcar del ADN, hay unida una base nitrogenada.
- B) Las bases nitrogenadas son anillos heterocíclicos de carbono y nitrógeno.
- C) La adenina y guanina son pirimidinas
- D) La citosina y timina son purinas
- E) La hipoxantina es una base nitrogenada muy frecuente en el ADN.

15. Elija el enunciado correcto:

- A) La diferencia entre un nucleósido y un nucleótido, es la base nitrogenada.
- B) Un nucleótido es un nucleósido con un solo fosfato.
- C) El uracilo es una base nitrogenada muy frecuente en el ADN.
- D) La ribosa y la desoxirribosa son azúcares presentes en el ADN.
- E) Todas las anteriores son incorrectas.

16. Elija el enunciado correcto:

- A) El ADN y ARN son polianiones (por las cargas de los grupos fosfato).
- B) El ADN y ARN son moléculas básicas (por los azúcares).
- C) Los enlaces no covalentes son interacciones moleculares irreversibles.
- D) La estabilidad de los ácidos nucleicos depende principalmente de enlaces covalentes, pero también participan enlaces no covalentes, como los puentes de hidrógeno.
- E) Los incisos A y D son correctos.

17. Elija el enunciado correcto

- A) Regiones seleccionadas del ADN sirven como plantillas para sintetizar moléculas de ARN
- B) El azúcar que forma parte del esqueleto del ADN forma una red intramolecular de puentes de hidrógeno.
- C) Los ácidos nucleicos nunca presentan estructura tridimensional de tipo helicoidal.
- D) Los pares GC presentan una distancia intermolecular mayor que los pares AT.
- E) Un par GC presenta dos puentes de hidrógeno y el par AT presenta tres dos puentes de hidrógeno.

18. Elija el enunciado correcto con respecto a la estructura del ADN:

- A) El enlace fosfodiéster 5'-3' permite unir el átomo de carbono 2' de un azúcar con el átomo de carbono 5' del azúcar contiguo.
- B) El ADN es una doble hélice, donde 2 hebras son sostenidas entre si por enlaces covalentes entre hidrógenos.
- C) La estructura helicoidal del ADN tipo B tiene 10 pares de bases por vuelta, es una hélice con vuelta a la derecha y es la más abundante en condiciones fisiológicas.
- D) Las estructuras helicoidales del ADN tipo A y del ADN tipo B son hélices izquierdas.
- E) La estructura helicoidal Z-ADN tiene 20 pares de bases por vuelta.

19. Elija el enunciado correcto con respecto a la estructura del ADN:

- A) El superenrollamiento del ADN le permite ocupar menos volumen.
- B) El superenrollamiento del ADN sólo ocurre ocasionalmente, en la fase S del ciclo celular.
- C) El superenrollamiento del ADN plectonómico ocurre sólo en parásitos.
- D) El superenrollamiento toroidal es cuando el ADN interacciona con proteínas ácidas, como el citoesqueleto.
- E) Sólo A y B son correctas.

20.Cuál de los siguientes es un desoxirribonucleósido:

- A) 5' difosfato de adenosina 3' monofosfato.
- B) 3' fosfato de la 2'desoxiriboguanosina.
- C) 2' desoxicitosina.
- D) 3',5' fosfato cíclico de guanosina
- E) AMP.

21. Elija el enunciado correcto con respecto a la organización genómica:

- A) El nucleoide es el ADN circular presente en procariontes.
- B) Algunas bacterias tienen en el citoplasma moléculas pequeñas de ADN circular llamado plásmido.
- C) El material genético en eucariotas se encuentra organizado en los cromosomas del núcleo.
- D) El ADN asociado con proteínas es llamado cromatina
- E) Todas son correctas.

22. Elija el enunciado correcto:

- A) La replicación es el proceso de síntesis del ARN
- B) La maquinaria de replicación es muy diferente entre bacterias y humanos.
- C) La replicación de ADN en *E.coli* se inicia con la formación de una horquilla de replicación por las nucleasas
- D) La replicación de ADN en *E.coli* se inicia con el reconocimiento del sitio OriC.
- E) Las proteínas de unión a cadena única (proteínas SSB) son importantes para cerrar la horquilla de replicación.

23. La síntesis de ADN se distingue entre eucariotes y procariotes porque:

- A) Los procariotes no requieren Primasas.
- B) Los eucariotes poseen múltiples orígenes de replicación.
- C) Los procariotes poseen extremos teloméricos.
- D) Las ADN polimerasas eucariotes sintetizan ADN de 3'→5'
- E) Las opciones anteriores son todas falsas.

24. La replicación de ADN en *E.coli* se inicia:

- A) Con el reconocimiento del sitio Sos por las proteínas rho.
- B) Con la formación de una horquilla de replicación por las nucleasas
- C) Con el reconocimiento del sitio OriC.
- D) Con el desenrollamiento de cualquier zona del ADN por la helicasa.
- E) Por un evento distinto de los anteriores

25. Elija el enunciado correcto con respecto a la replicación del ADN:

- A) La replicación es el proceso de síntesis del ADN
- B) Se desenrollan las 2 cadenas del ADN por acción de una helicasa y cada cadena de ADN dirige la síntesis de una cadena de ADN complementaria
- C) Se forman 2 dúplex hijas, cada una de ellas idéntica a la molécula original
- D) Todas las anteriores son correctas
- E) Ninguna de las anteriores es correcta

26. Elija el enunciado correcto con respecto a la replicación del ADN:

- A) La principal enzima encargada de la replicación del ADN se llama ADN polimerasa y utiliza como precursores 5 desoxinucleósidos: AMP, CMP, UMP, GMP, TNP.
- B) Sólo en bacterias, la replicación se inicia en puntos específicos, denominados Orígenes de diseminación.
- C) La burbuja de replicación, en forma de Y, se requiere sólo por momentos específicos durante la fase S del ciclo celular.
- D) Todas las anteriores son correctas
- E) La replicación es semiconservativa, porque cada dúplex de ADN replicado consiste de una cadena *nueva* y una *cadena vieja*.

27. Elija el enunciado incorrecto con respecto a la replicación del ADN:

- A) Los fragmentos de Okazaki tienen de 100 a 1000 nucleótidos de largo.
- B) Sólo la cadena rápida se sintetiza de modo continuo.
- C) Los fragmentos de Okazaki se unen de manera covalente por medio de la enzima Ligasa.
- D) La maquinaria de replicación no está conservada, es muy diferente entre bacterias y humanos.
- E) Las helicasas llevan a cabo la apertura de la doble hélice una vez que se eliminó el superenrollamiento y requieren ATP.

28. Elija el enunciado correcto con respecto a la replicación del ADN:

- A) Las topoisomerasas previenen el superenrollamiento del ADN durante el proceso de replicación.
- B) Las proteínas de unión a cadena única (*SSB*) son importantes para cerrar la horquilla de replicación.
- C) Las ligasas catalizan la formación del enlace fosfodiéster entre un OH 2' y un fosfato 5' adyacentes.
- D) Un ejemplo de ARN polimerasa dirigida por ADN es la telomerasa.
- E) La RNasa H se encarga de sintetizar el cebador que la ADN polimerasa requiere para incorporar desoxinucleótidos.

29. Elija el enunciado correcto:

- A) En eucariontes, la replicación ocurre en la fase G1 del ciclo celular.
- B) La procesividad le permite a la ADN polimerasa III aumentar la velocidad de incorporación de desoxi-ribonucleótidos.
- C) Una vez iniciada la replicación, puede detenerse en múltiples ocasiones, no es necesario que el genoma entero se duplique.
- D) La replicación en bacterias es bidireccional, pero en humanos sólo ocurre de manera unidireccional.
- E) Ninguna de las anteriores es correcta.

30. Elija el enunciado correcto con respecto al concepto de replicón:

- A) Es la unidad de replicación que contiene un origen.
- B) Cada replicón se enciende una sola vez en cada ciclo celular.
- C) El ADN de eucariontes tiene varios replicones.
- D) Los replicones de eucariontes no se encienden simultáneamente.
- E) Todas las anteriores son correctas.

31. Elija el enunciado incorrecto con respecto a la replicación:

- A) Las secuencias que causan la terminación de la replicación en *E. coli* son llamados sitios *ter*.
- B) La secuencia *oriC* contiene copias de una secuencia que es blanco de metilación por la Dam metilasa.
- C) Los fragmentos de Okazaki se encuentran en la cadena líder.
- D) Los fragmentos de Okazaki son unidos covalentemente por la acción de la ligasa.
- E) La cadena lenta se genera debido a que el ADN es antiparalelo y las ADN polimerasas sintetizan ácidos nucleicos sólo en dirección 5' → 3'.

32. Un factor de transcripción puede definirse de la siguiente manera:

- A) Se trata de una proteína que al reconocer una señal del ADN en la región promotora o cerca de ella favorece la unión estable de la ARN polimerasa y de las proteínas del complejo de inicio de la transcripción.

- B) Se trata de una partícula ribonucleoproteica que regula el paso de los transcritos primarios a mRNA
- C) Se trata de una proteína que al reconocer una señal del ADN en la región estructural del gene fortalece la unión estable de la ARN polimerasa y evita que la transcripción termine antes de tiempo.
- D) Se trata de una proteína que se expresa en las células durante la fase S a fin de permitir que los procesos de transcripción no afecten al proceso de duplicación del ADN.
- E) Las cuatro definiciones anteriores no encajan con las características de estos factores.

33. Elija la opción correcta con respecto a la transcripción en procariontes:

- A) La secuencia de los espaciadores en promotores bacterianos no es importante, pero sí la longitud.
- B) Sólo existe un tipo de factor sigma.
- C) Existen 3 tipos de terminadores en bacterias: los extrínsecos, los intrínsecos y los dependientes de gamma γ
- D) La terminación Rho dependiente consiste en que la proteína Rho reconoce una secuencia de ADN y se le une, ocasionando una pausa en la transcripción.
- E) La formación de una estructura secundaria del ADN (*hairpin*) es una fase muy importante en la terminación extrínseca.

34. Elija la opción incorrecta (transcripción en eucariontes):

- A) En los promotores TATA menos no se requiere de la proteína TBP.
- B) En los promotores TATA menos, el Inr proporciona el elemento de posicionamiento.
- C) La caja GC es reconocida por el factor SP1.
- D) Los coactivadores tienen la capacidad de unirse a otras proteínas en lugar de al ADN directamente
- E) La caja CAAT puede ser reconocida en promotores diferentes por factores diferentes.

35. La subunidad de la ARN polimerasa de *E. coli* que reconoce a los sitios promotores se llama:

- A) α^{28}
- B) β
- C) β'
- D) γ
- E) σ

36. Elija el enunciado correcto con respecto a los genes:

- A) Están flanqueados por señales, que indican su inicio y su fin, y que regulan su expresión.
- B) Se hallan organizados de modo que cada gen queda en un cromosoma independiente.
- C) Se organizan en los procariotes de manera igual que en los eucariotes.
- D) Todos se encuentran en una de las 2 cadenas del ADN, siempre la misma para todos los genes.
- E) No se pueden delimitar, porque la información está dispersa y entremezclada.

37. Elija el enunciado correcto con respecto a la los promotores:

- A) Son señales que regulan el fin de la transcripción en todos los organismos.
- B) Son proteínas que regulan el inicio de la síntesis de ADN.
- C) Son señales que regulan el sitio en el que se inicia la transcripción y la frecuencia de expresión del gen.

D) Son un grupo de proteínas activadoras de la transcripción que regulan la expresión de genes.

E) Son un ejemplo de acción en *trans*.

38. El evento más importante para regular la transcripción es la iniciación, ya que:

A) La ARN polimerasa es una enzima que raramente termina un transcrito entero.

B) La ARN polimerasa posee baja afinidad por el ADN y sólo puede alargar el ARN de manera continua en presencia de factores de transcripción.

C) La ARN polimerasa en fase de elongación presenta una síntesis tan progresiva que, una vez iniciada la síntesis no se despegaba hasta encontrar las señales de terminación.

D) Hay casi tantas ARN polimerasas como genes y cada enzima debe encontrar su sitio de inicio.

E) La iniciación no es una etapa regulable.

39. Seleccione el enunciado correcto con respecto a la transcripción:

A) La habilidad de un gen para ser expresado, es regulada por proteínas que se unen al ADN.

B) De acuerdo a sus necesidades, las diferentes células transcriben distintos genes.

C) Las ARN polimerasas utilizan las unidades de transcripción como plantillas para sintetizar moléculas de ARN de tamaño equivalente.

D) Los transcritos primarios son modificados para generar productos de expresión maduros.

E) Todos los anteriores son correctos.

40. Seleccione el enunciado correcto con respecto a la transcripción:

A) Las ARN polimerasas son las enzimas encargadas de la síntesis de ARN, utilizan ADN como plantilla y ATP, CTP, GTP y UTP como precursores.

B) Las ARN polimerasas tienen necesidad de un cebador para iniciar.

C) La dirección de síntesis de las ARN polimerasas es 3'→5'

D) En eucariotes las 2 cadenas del ADN actúan como plantilla de la ARN polimerasa al mismo tiempo.

E) Las ARN polimerasas sintetizan moléculas de ARN de tamaño mayor al del gen.

41. Seleccione el enunciado correcto con respecto a la transcripción:

A) Los *enhancers* se localizan a distancias cortas del sitio de inicio de la transcripción y su función es silenciar la expresión génica.

B) Los factores de transcripción tienen acción *trans*.

C) Los elementos promotores tienen acción *cis*.

D) Ninguna de las anteriores es correcta.

E) B y C son correctas.

42. Seleccione el enunciado incorrecto con respecto a la transcripción en eucariotes:

A) La poliadenilación se refiere a la añadidura secuencial de residuos de adenilato (AMP) al extremo 3' de un ARNm para formar una cola poli-(A).

B) La polimerasa poli-A añade 10 residuos de adenilato al extremo 5' de los ARNm.

C) El *capping* es la unión de un 7-trifosfato de metilguanosa al extremo 5' del transcrito primario.

D) Dos moléculas de ARNm diferentes pueden ser transcritas a partir del mismo gen por medio de *splicing* alternativo.

E) La caja TATA se encuentra localizada entre -25 y -35.

43. Elija la opción correcta con respecto a la transcripción:

- A) La síntesis de ARN se lleva a cabo dentro de una burbuja de transcripción.
- B) Conforme la ARN polimerasa se mueve a lo largo del ADN, la burbuja de transcripción también se mueve.
- C) La dirección de la síntesis es 5' → 3'
- D) Durante la fase de iniciación de la transcripción en procariontes, existen eventos abortivos.
- E) Todas las anteriores son correctas

44. Elija la opción correcta con respecto a la transcripción en procariontes:

- A) El núcleo enzimático de la ARN polimerasa de *E. coli* no distingue entre promotores y otras secuencias de ADN.
- B) Existen características conservadas dentro de los promotores bacterianos.
- C) Algunas de las características conservadas dentro de los promotores bacterianos son la secuencia -10 y la secuencia -50.
- D) El inicio de la transcripción usualmente es una metionina.
- E) A y B son correctas

45. Elija la opción incorrecta con respecto a la transcripción:

- A) Las ARN polimerasas I y III reconocen un grupo restringido de Promotores y utilizan pocos factores accesorios.
- B) La ARN polimerasa III transcribe ARNt y ARN pequeños y algunos de sus promotores están río abajo del inicio de la transcripción.
- C) La mayoría de los promotores para la ARN polimerasa I y II se encuentran río arriba del inicio de la transcripción
- D) La ARN polimerasa I transcribe ARNm y la ARN polimerasa II transcribe ARNr
- E) Los promotores utilizados por la ARN polimerasa II muestran más variación en secuencia.

46. Elija la opción incorrecta con respecto a las ARN polimerasas:

- A) La actividad más prominente es de la ARN polimerasa I y reside en el nucleolo.
- B) Las ARN polimerasa II y III están localizadas en el nucleoplasma.
- C) El dominio CTD consiste de múltiples repetidos de 7 aminoácidos y está presente en todas las ARN polimerasas
- D) La actividad menos prominente es de la ARN polimerasa III.
- E) La ARN polimerasa II se inhibe rápidamente a bajas concentraciones de α -amanitina

47. Elija la opción incorrecta con respecto a las ARN polimerasas:

- A) El único tipo de promotor en los genes transcritos por la ARN polimerasa I es una secuencia bipartita
- B) La secuencia bipartita en los promotores del inciso A consta del elemento de control río arriba (UCE) y del *core promoter*.
- C) Hay 2 clases de promotores en los genes transcritos por la ARN polimerasa III, los Internos y los que están río arriba del inicio de la transcripción.
- D) Hay 2 tipos de promotores internos (en los genes transcritos por la ARN polimerasa III), ambos con estructura bipartita.
- E) Ninguna de las anteriores es correcta.

48. Elija la opción correcta:

- A) Los factores generales de transcripción son requeridos en todos los promotores para el inicio.
- B) Los factores generales, junto a la ARN polimerasa II, constituyen el aparato de transcripción basal.
- C) La caja CAAT y la caja GC son secuencias reconocidas por los factores de transcripción río arriba.
- D) Los factores río arriba (*upstream*) actúan en cualquier promotor que contenga el sitio de unión apropiado y aumentan la eficiencia del inicio de la transcripción.
- E) Todas las anteriores son correctas.

49. Elija la opción incorrecta con respecto a la transcripción en eucariontes:

- A) Las secuencias a las que se unen los factores de transcripción inducibles son llamadas cajas TATA.
- B) Los factores inducibles tienen un papel regulador, son sintetizados o activados en tiempos o tejidos específicos
- C) La secuencia Inr y la caja TATA son secuencias reconocidas por los factores generales de transcripción y determinan el punto de inicio.
- D) Los genes de mantenimiento celular (*housekeeping*) se transcriben en cualquier tipo celular.
- E) El número y posición de las secuencias reconocidas por los factores de transcripción río arriba es variable.

50. Elija la opción correcta con respecto a la transcripción en eucariontes:

- A) Los potenciadores (*enhancers*) son reconocidos por los factores río arriba y pueden estar muy distantes del promotor.
- B) La proteína TBP es el componente clave en el posicionamiento de la ARN polimerasa II.
- C) En el sitio de inicio de la transcripción hay una tendencia a que la primera base de un ARN_{hn} sea A, flanqueada por pirimidinas.
- D) La minoría de los promotores que carecen de caja TATA son llamados TATA menos.
- E) Todas las anteriores son correctas.

51. Elija la opción incorrecta con respecto a la transcripción en eucariontes:

- A) La proteína TBP se une al ADN por el surco menor, doblándolo y provocando una deformación en la estructura.
- B) En la transcripción realizada por la ARN polimerasa II, el factor TFIIE reconoce a la caja GC.
- C) El factor de transcripción TFIID está compuesto por la proteína TBP y varias TAFs.
- D) La iniciación requiere que los factores de transcripción actúen en un orden definido para construir un complejo al cual se une la ARN polimerasa II.
- E) TFIIH tiene actividad ATPasa, helicasa y cinasa, puede fosforilar el dominio CTD.

52. Elija la opción correcta (*splicing*):

- A) En el *splicing*, los exones del transcrito primario son removidos
- B) Las señales de *splicing*, GT y AG, se encuentran en la región exónica
- C) El *splicing* procede secuencialmente a lo largo del precursor.
- D) El *splicing* puede producirse en ARN que carezca de *capping* o cola de poliA
- E) El sitio de ramificación es una secuencia que sólo los intrones de procariontes tienen.

53. Elija la opción incorrecta con respecto al *splicing*:

- A) Los sitios GT, AG y el sitio de ramificación son reconocidos por un grupo de RNPsn que forman un complejo denominado *spliceosoma*
- B) Las RNPsn del *splicing* se denominan partículas U
- C) Cada partícula U contiene un único ARNs n y varias proteínas.
- D) Las únicas partículas U que participan en el *splicing* son U1, U2, y U3.
- E) U1 es la encargada del reconocimiento del SD 5', formándose el complejo E.

54. Elija la opción correcta con respecto al *splicing*:

- A) La unión que forma el lazo va de la posición 3' de la G del sitio SA al 1' de la A del sitio de ramificación.
- B) U1 es el encargado del reconocimiento del SD 5' y forma el complejo E.
- C) La formación del complejo A es cuando U7 se une al sitio de ramificación.
- D) El complejo B1 se forma cuando las proteínas ribosómicas U4, U5 y U6 se unen al SD del intrón.
- E) El complejo C3 es cuando U4 es liberado del complejo C2 y se cataliza la formación del lazo.

55. Elija la opción incorrecta:

- A) Con el *splicing* alternativo, un mismo gen puede dar lugar a más de un tipo de secuencia de ARNm.
- B) El triplete CCA-3' característico de los ARNt es añadido por una Nucleotidil-transferasa de ARNt
- C) El procesamiento y maduración de los ARNr requiere de las proteínas ARNsno exclusivas de *E. coli*.
- D) La mayoría de los ARNr son sintetizados como parte de una única molécula que es procesada posteriormente para generar los productos maduros.
- E) La complementaridad de bases entre los ARNs n y el ARNm inmaduro es importante durante el proceso de *splicing*.

56. La luz ultravioleta produce mutaciones debido a:

- A) Que induce desaminación oxidativa de la adenina y de la citocina.
- B) Que produce la eliminación de una base de la secuencia de bases.
- C) Que induce la formación de dímeros timina.
- D) Que genera aumento de los tautómeros menos frecuentes de la bases.
- E) Ninguno de estos incisos explica el efecto de la luz UV.

57. Elija el enunciado correcto:

- A) Las transiciones y transversiones son mutaciones puntuales.
- B) La transición es el cambio de una purina por una pirimidina.
- C) El cambio de una A por una G es una transversión.
- D) En las mutaciones por inserción, la fuente del material insertado usualmente son los elementos transponibles.
- E) Sólo A y D son correctos.

58. Elija el enunciado correcto:

- A) Algunos sitios específicos de un gen presentan más mutaciones que lo esperado por azar y reciben el nombre de *sitios calientes (hotspot)*.
- B) No todas las mutaciones llevan a un cambio detectable en el fenotipo y reciben el nombre de mutaciones silentes.
- C) Un origen de mutaciones son los errores de copiado durante la replicación.

D) Las alteraciones espontáneas, como los ataques hidrolíticos y el daño oxidativo, también son causa de mutaciones.

E) Todas las anteriores son correctas.

59. Elija el enunciado correcto:

A) Las radiaciones ultravioleta producen mutaciones porque rompen una de las hebras de la molécula del ADN.

B) En la reparación del ADN por escisión de bases, se localizan bases distintas a las 4 que componen el ADN, una ADN glicosilasa eliminan la base, la AP endonucleasa rompe los enlaces fosfodiéster de la desoxirribosa sin base unida, la ADN polimerasa añade el nucleótido eliminado y la ligasa cierra el polinucleótido.

C) Las radiaciones ultravioleta producen mutaciones porque eliminan bases de la estructura del ADN.

D) La escisión de nucleótidos es el mecanismo de reparación del ADN menos utilizado por las células.

E) Ninguna de las anteriores.

60. Con respecto a la reparación del ADN por escisión de nucleótidos, elija la aseveración correcta:

A) Repara casi cualquier daño que suponga un cambio grande en la estructura del ADN.

B) Un complejo multienzimático recorre el ADN en busca de distorsiones en la doble hélice.

C) En eucariotes, los dímeros de pirimidina causados por la luz solar son reparados por este mecanismo.

D) Xerodermia pigmentosa es una enfermedad en la que está alterado este mecanismo de reparación.

E) Todas las anteriores

61. Con respecto a los sistemas de reparación para las roturas de doble cadena de ADN, elija el enunciado correcto:

A) En la reparación del ADN por unión homóloga de extremos se utiliza el otro cromosoma para reparar el daño sin pérdida de nucleótidos

B) Se llevan a cabo por medio de una polimerasa propensa al error

C) La unión no homóloga de extremos generalmente supone la pérdida de uno o varios nucleótidos en el sitio de unión.

D) La unión homóloga de extremos sólo puede realizarse en células diploides.

E) Sólo B es incorrecta

62. El sistema que localiza apareamientos defectuosos puede identificar cuál de las dos hebras es la parental, en función de:

A) El contenido en G+C de cada hebra.

B) El grado de metilación de cada hebra.

C) La longitud de cada hebra.

D) La temperatura de fusión de cada hebra

E) Ninguna de las anteriores

Parte II

Temas considerados: código genético, traducción, modificaciones postraduccionales, regulación de la expresión genética en procariontes.

1. Elija la opción correcta:

- A) El código genético no es ambiguo porque existen varios codones que codifican para un aminoácido.
- B) El código genético es degenerado porque un codón sólo codifica un aminoácido.
- C) El código genético es universal.
- D) Los marcos de lectura son las posibles formas de leer una secuencia de ácidos nucleicos, dependiendo del punto de inicio.
- E) Los marcos de lectura siempre inician con el codón de inicio AUG y termina con un codón de terminación.

2. El código genético no es ambiguo pero si es degenerado, es decir:

- A) Una secuencia de bases en el ARNm da lugar a una secuencia única de aminoácidos, pero una secuencia de aminoácidos puede provenir de diferentes secuencias de bases.
- B) La secuencia de aminoácidos que se obtiene de leer un mensaje depende del sitio en que se inicie la lectura.
- C) La lectura de los mensajes puede hacerse en dirección 5'→3' y también de 3'→5'
- D) Los mensajes no contienen toda la información que contiene el ADN genómico correspondiente.
- E) Dicha afirmación es una tontería.

3. La hipótesis del bamboleo de las bases implica que:

- A) Cuando la ARN polimerasa se une, el apareamiento entre las bases es inexacto.
- B) No se necesitan 61 ARNt distintos porque un sólo ARNt puede leer más de un codón.
- C) Cuatro bases del anticodón se aparean con tres bases del codón.
- D) El codón y el anticodón se reconocen sólo si las bases pueden rotar.
- E) Ninguna de las opciones anteriores es correcta.

4. Elija la opción incorrecta con respecto a la traducción:

- A) Polisoma se refiere a ribosomas asociados a retículo endoplásmico.
- B) Los polisomas en bacterias son más grandes que en eucariotas, debido al gran tamaño del ARNm.
- C) En eucariotas hay en promedio 8 ribosomas unidos a un ARNm.
- D) Las proteínas del ribosoma juegan un papel estructural que propicia el mantenimiento del ARNr en una conformación adecuada para llevar a cabo la función catalítica.
- E) Los ribosomas tienen un sitio P, uno A y uno E.

5. Elija la opción correcta con respecto a la traducción:

- A) Todos los aminoácidos están representados por un sólo codón, llamado sinónimo.
- B) En la conformación de los sitios A y P contribuye principalmente la subunidad ribosomal mayor.
- C) El único aminoacil-ARNt que entra directamente a el sitio P es el que inicia la cadena polipeptídica
- D) Los aminoácidos parecidos estén representados por codones muy diferentes.
- E) Todos los ARNt cargados con metformina tienen un grupo formilo unido al grupo carboxilo del aminoácido

6. Elija la opción incorrecta con respecto a la traducción:

- A) El grupo formilo de la metionina de inicio es eliminado de manera específica por una formilasa que regenera el extremo amino
- B) En las proteínas donde la metionina no constituye el aminoácido terminal, ésta es eliminada por una aminopeptidasa.
- C) Las fases de la traducción son: Activación de los aminoácidos, Iniciación, Alargamiento y Terminación.
- D) Hay una sola enzima aminoacil ARNt sintetasa, capaz de reconocer a todos los aminoácidos.
- E) La aminoacil ARNt sintetasa cataliza la unión del aminoácido al brazo aceptor del ARNt.

7. La subunidad 60 S de los ribosomas eucariotes:

- A) Posee ARNr 16 S, 5 S y 23 S, ARNt y 35 proteínas diferentes.
- B) Posee ARNr 30 S y 5 S mas proteínas que pesan 15 S
- C) Posee ARNr 28 S, 5 S y 5.8 S asociados a más de 40 proteínas distintas.
- D) Posee ARNr 30 S y 20 S y proteínas que no afectan su coeficiente de sedimentación.
- E) No posee ninguna de las características enunciadas arriba.

8. Los ARNt se caracterizan por poseer:

- A) Un brazo variable, un asa 5'CCA, un brazo DHU y el anticodón.
- B) La forma de un trébol de tres hojas en su estructura tridimensional.
- C) Un brazo TΨC, un brazo D, un brazo anticodón, un asa variable y un extremo 3'CCA.
- D) Un brazo con un codón y un brazo fosforilable.
- E) Características no descritas en los incisos anteriores.

9. Elija la opción incorrecta con respecto a la traducción:

- A) El ARNt es el adaptador, porque reconoce tanto al aminoácido como al codón.
- B) El ARNt representa un único aminoácido, unido covalentemente.
- C) El ARNt contiene un codón que es complementario al anticodón que representa su aminoácido.
- D) Cuando el ARNt es *cargado* con el aminoácido correspondiente a su anticodón, se llama aminoacil-ARNt
- E) Ocurre un enlace éster entre el grupo carboxilo del aminoácido y el OH 2' o 3' del ribonucleótido de A de la secuencia invariable CCA de los ARNt.

10. Elija la opción incorrecta con respecto a la traducción:

- A) El ARNt tiene una estructura terciaria en forma de L.
- B) La modificación del aminoácido que está unido a un ARNt no influye en la especificidad de la interacción codón-anticodón.
- C) Los ribosomas proporcionan el ambiente adecuado para controlar la interacción entre el ARNm y el ARNt.
- D) Los ribosomas son partículas ribonucleoproteicas de gran tamaño que se encuentran en el citoplasma.
- E) Los ribosomas comprenden 2 subunidades en las que el ARN constituye la menor parte de la masa.

11. Elija la opción incorrecta con respecto a la traducción:

- A) Existen al menos 20 aminoacil ARNt sintetasa
- B) Cada aminoacil ARNt sintetasa reconoce un único aminoácido y todos los ARNt en los que este aminoácido puede colocarse de forma legítima.

C) Los diferentes ARNt que son reconocidos por una misma aminoacil ARNt sintetasa se nombran isoaceptores.

D) El factor IF-3 se une a la subunidad 50S, permitiendo su asociación con la subunidad 30S.

E) El Complejo de Iniciación está compuesto por 70S + ARNm + fMet-ARNt

12. Elija la opción incorrecta con respecto a la traducción:

A) El factor eIF-2 se une al GTP, al ARNt iniciador y a la subunidad menor en un paso independiente del ARNm

B) El factor eIF-4A es una ATPasa, se une al 3'UTR y desenrolla la estructura secundaria que encuentre.

C) El factor eIF-4E reconoce el capping y promueve su unión a la subunidad menor.

D) Se le llama subunidad 43S al complejo formado por eIF-2-GTP, ARNt iniciador y subunidad menor

E) La cola de poliA puede estimular la formación de un complejo de iniciación.

13. La región del ribosoma encargada del establecimiento del enlace peptídico, una vez que el aminoácido requerido ha sido ubicado en el ribosoma se denomina:

A) ARNr 16S.

B) L7/L12.

C) Translocasa.

D) Aminoacil ARNt sintetasa

E) Posee un nombre no enunciado en los cuatro incisos anteriores.

14.Cuál de los siguientes eventos de la síntesis de proteínas no requiere de la participación de la subunidad grande.

A) La formación del complejo de iniciación 70S (u 80S en eucariotes).

B) La liberación del péptido del correspondiente peptidil-ARNt.

C) La translocación del peptidil-ARNt.

D) La formación del enlace peptídico.

E) La formación del complejo de iniciación 30S (o 40S en eucariotes).

15. Durante la síntesis de proteínas ¿Qué función tienen los factores de liberación RF-1 y RF-2?

A) Reconocen el codón de inicio y favorecen la unión del met-ARNt.

B) Reconocen a los codones sentido y estimulan la acción hidrolítica de la peptidil-transferasa.

C) Reconocen a los codones de terminación y catalizan la hidrólisis del peptidil-ARNt del sitio P.

D) Reconocen a los codones de terminación y catalizan la hidrólisis del peptidil-ARNt en el sitio A.

E) Reconocen el complejo de terminación y catalizan la disociación de las subunidades del Ribosoma.

16. Elija la opción correcta con respecto a la traducción:

A) La localización del codón de inicio en eucariotes es gracias a la secuencia Shine-Dalgarno

B) La localización del codón de inicio en procariontes es gracias a la secuencia de Kozak

C) Los ARNm de eucariotes tienen puntos internos llamados IRES y que son reconocidos por la subunidad mayor

D) Las subetapas del alargamiento de la cadena peptídica son 2: Establecimiento del enlace peptídico y la translocación

E) El enlace peptídico ocurre entre el grupo amino del aminoácido que está en el sitio A y el carboxilo del péptido del sitio P

17. Elija la opción correcta con respecto a la traducción:

- A) El factor eEF7 es una translocasa dependiente de UTP
- B) El componente catalítico de la actividad peptidil-transferasa reside en las proteínas del ribosoma
- C) La translocación permite que el sitio E se posicione en el próximo codón.
- D) La velocidad de alargamiento de la cadena peptídica es mayor en eucariontes.
- E) La terminación de la traducción ocurre cuando en el sitio A hay un codón sin sentido.

18. Elija la opción correcta con respecto a las modificaciones postraduccionales:

- A) La modificación específica de aminoácido incluye la fosforilación en residuos de triptófano, alanina y glicina
- B) La modificación específica de aminoácido incluye la glucosilación en residuos de leucina, prolina y serina
- C) La modificación específica de aminoácido incluye la fosforilación en residuos de serina, treonina o tirosina
- D) La glucosilación en procariontes es más sencilla que las de eucariontes.
- E) La glucosilación ocurre en proteínas propias del núcleo

19. Elija la opción correcta con respecto a las modificaciones postraduccionales:

- A) La glucosilación ocurre en residuos de serina, treonina y asparagina
- B) La glucosilación ocurre de manera cotraduccional (en el retículo endoplásmico rugoso) o postraducciona (en el aparato de Golgi)
- C) La glucosilación tiene la función de disminuir la vida media de la proteína
- D) A y B son correctas
- E) Ninguna de las anteriores es correcta

20. Elija la opción correcta con respecto a las modificaciones postraduccionales:

- A) Los ácidos grasos que se agregan a proteínas permiten aumentar su carácter hidrofílico
- B) Otro punto de regulación es la vida media de una proteína
- C) Los aminoácidos desestabilizantes y estabilizantes determinan en parte la vida media de una proteína.
- D) El sistema ubiquitina-proteasoma (UPS) es un mecanismo que destruye las proteínas en el lisosoma
- E) B y C son correctas

21. Elija la opción incorrecta con respecto a las modificaciones postraduccionales:

- A) La ubiquitina actúa como señal de degradación
- B) El proteosoma es el encargado de degradar a las proteínas poliubiquitinizadas
- C) El proteosoma actúa como señal de degradación
- D) Las proteínas transmembranales y de secreción tienen un extremo N-terminal que es reconocido por SRP (partícula de reconocimiento de señal)
- E) La formación de multímeros es otra forma de regulación proteica

22. Se determinó la secuencia de los 5 primeros aminoácidos de una proteína purificada. La secuencia hallada fue Val-Leu-Ser-Thr-Asp.... ¿Cuál de las siguientes afirmaciones es compatible con esta observación, de acuerdo con lo que usted sabe del proceso de síntesis de proteínas?

- A) El ARNm que codifica para esta proteína inicia con uno de los codones existentes para valina

- B) El ARNm que codifica para esta proteína inicia con el codón para valina que más se parece al triplete AUG.
- C) El ARNm que codifica para esta proteína inicia con AUG, pero su lectura se inicia más adelante debido al *splicing*.
- D) La proteína sufre un corte proteolítico en el extremo amino terminal como parte de la modificaciones postraduccionales requeridas para que realice su función.
- E) Las cuatro afirmaciones anteriores son incorrectas.

Califica con Verdadero (V) o Falso (F) las oraciones de la 8 a la 75:

23. () La modificación del extremo amino terminal incluye la eliminación de Tirosinas y ubiquitinas.
24. () La modificación de la longitud del péptido puede deberse por eliminación del extremo amino terminal cuando éste contiene una secuencia que indica su destino final.
25. () La modificación de la longitud del péptido ocurre en los precursores hormonales
26. () La modificación de la longitud del péptido permite la activación de los zimógenos
27. () La modificación específica de aminoácido incluye la fosforilación en residuos de triptófano, alanina y glicina
28. () La modificación específica de aminoácido incluye la glucosilación en residuos de leucina, prolina y serina
29. () La modificación específica de aminoácido incluye la fosforilación en residuos de serina, treonina o tirosina
30. () La glucosilación en procariontes es más sencilla que las de eucariontes.
31. () La glucosilación ocurre en proteínas propias del núcleo
32. () La glucosilación ocurre en residuos de serina, treonina y asparagina
33. () La glucosilación ocurre de manera cotraduccional (en el retículo endoplásmico rugoso) o postraduccionales (en aparato de Golgi)
34. () La glucosilación tiene la función de disminuir la vida media de la proteína
35. () La glucosilación de proteínas favorece la conformación, aumenta la vida media, aumenta la solubilidad y puede ser usado como sitio de reconocimiento
36. () La N-glucosilación ocurre en el retículo endoplásmico y participa un lípido, el dolicol-fostato
37. () La O-glucosilación ocurre en el aparato de Golgi y participa un lípido, el dolicol-fostato
38. () La acilación y la prenilación es una modificación postraduccionales que sólo ocurre donde hay gran cantidad de lípidos
39. () Los ácidos grasos que se agregan a proteínas permiten aumentar su carácter hidrofílico
40. () La acilación y la prenilación son métodos de anclaje a la membrana plasmática
41. () La formación de multímeros es otra forma de regulación proteica
42. () Los aminoácidos desestabilizantes y estabilizantes determinan en parte la vida media de una proteína.
43. () El sistema ubiquitina-proteasoma (UPS) es un mecanismo que destruye las proteínas en el lisosoma
44. () La ubiquitina actúa como señal de degradación
45. () El proteosoma es el encargado de degradar a las proteínas poliubiquitinadas
46. () El proteosoma actúa como señal de degradación

47. () Las pre-proteínas transmembranales y de secreción tienen un extremo N-terminal que es reconocido por la partícula SRP (partícula de reconocimiento de señal)
48. () En eucariontes, los genes que codifican para proteínas con funciones relacionadas se organizan en unidades transcripcionales llamadas operones
49. () Los operones se clasifican de acuerdo a su estructura en inducibles, represibles y constitutivos
50. () Los operones inducibles son aquellos que en condiciones normales no se expresan.
51. () Un agente inductor es aquél que le permite a la bacteria decidir si transcribe genes o los reprime
52. () Ejemplos de operones inducibles son los que codifican para enzimas del metabolismo de sustratos como lactosa, maltosa y arabinosa.
53. () Los operones represibles son los que en condiciones normales se expresan
54. () Ejemplos de operones represibles son los que codifican para síntesis de aminoácidos
55. () Los operones constitutivos siempre se expresan, no están regulados ni por inductores ni por represores
56. () La inducción y represión representan el mismo fenómeno: Ajuste de la habilidad bacteriana para el uso de un sustrato para crecimiento o para la síntesis de un intermediario metabólico particular.
57. () En la regulación de la expresión genética de procariontes, las moléculas pequeñas que causan la producción de enzimas capaces de metabolizarlas son llamadas represores
58. () En la regulación de la expresión genética de procariontes, las moléculas pequeñas que previenen la producción de enzimas capaces de sintetizarlas son llamadas inductores
59. () Un inductor gratuito es aquél inductor que no le cuesta energéticamente a la bacteria
60. () El IPTG es un ejemplo de inductor gratuito del operón *lac*, porque es metabolizado por la β -galactosidasa
61. () En presencia de lactosa, las enzimas responsables de su metabolismo aumentan rápidamente de concentración en la bacteria.
62. () El gen *Lac I* forma parte del operón de lactosa
63. () Los genes estructurales del operón *lac* son los que codifican para la Lactosa sintetasa, la permeasa y la transacilasa
64. () El promotor y el operador del operón *lac* son elementos regulatorios, a donde se unen moléculas que controlan la transcripción.
65. () Promotor y operador son regiones del ADN (elementos *cis*).
66. () El represor del operón *lac* es la proteína codificada por *LacI*
67. () La lactosa es el inductor del operón *lac*
68. () El represor del operón *lac* tiene 2 sitios de unión: uno para el promotor y otro para el inductor.
69. () El operador del operón *lac* tiene una secuencia palindrómica reconocida por el represor
70. () La proteína CAP se encarga de realizar el *capping* en los ARNm
71. () La unión de la ARN polimerasa al promotor del operón *lac* requiere de CAP en el promotor, que se une como un complejo CAP-ATP.
72. () La glucosa reduce los niveles de AMPc en procariontes.

73. () La adenilato ciclasa cataliza un enlace fosfodiéster entre 2 o más moléculas de ATP
74. () La glucosa aumenta los niveles de AMPc en procariontes
75. () El operón *trp* codifica para 8 enzimas que participan en la síntesis de fenilalanina.
76. () Si el triptófano está presente, el operón *trp* se activa.
77. () El represor del operón *trp* puede unirse al operador por sí solo.
78. () Si el represor del operón *trp* se une al triptófano, también se une al operador y lo reprime.
79. () El triptófano actúa como co-activador del operón *trp*.
80. () El represor *trp* actúa en 3 loci: *trpEDBCA*, *aroH* y *trpR*.
81. () Estructuras secundarias del ARN regulan la terminación de la transcripción del operón *trp*.
82. () Un atenuador es un terminador intrínseco localizado al inicio de la unidad de transcripción en procariontes.
83. () Si se permite la formación del atenuador, la terminación previene la transcripción de los genes estructurales de los operones.
84. () Los ribosomas no tienen ningún papel en el mecanismo transcripcional de la atenuación en procariontes.
85. () Con respecto al operón *trp*, en ausencia de triptófano el ribosoma hace una pausa en los codones que codifican para triptófano, por lo que la región 1 queda secuestrada, promoviendo el apareamiento de la región 2 y 3 (anti-terminación).
86. () Con respecto al operón *trp*, en presencia de triptófano, el ribosoma no hace pausa y continúa hasta la región 2, por lo que se pueden aparear las regiones 3 y 4.
87. () Algunos mecanismos reguladores globales en procariontes son la respuesta “SOS” ante grandes daños en el ADN, la respuesta al choque térmico y la percepción del quórum.
88. () La respuesta “SOS” ante grandes daños en el ADN es un sistema represible de reparación a daños severos en el ADN ocasionados por errores durante la replicación.
89. () La respuesta al choque térmico es un mecanismo adaptativo de protección ante agresiones ambientales.
90. () La percepción del quórum representa la colaboración entre células que alcanzaron una densidad umbral para dar una respuesta coordinada.
- 91. Un operón es una unidad del ADN que posee las características siguientes:**
- A) Un conjunto de señales reguladoras que controlan la transcripción de un conjunto de genes estructurales contiguos, todos bajo el control de un único promotor en el genoma bacteriano.
- B) Un conjunto de señales reguladoras que controlan la transcripción de un sólo gen estructural con un promotor propio en el genoma bacteriano.
- C) Un promotor que controla la transcripción de un conjunto de genes estructurales separados por grandes espacios de ADN llamados intrones.
- D) Un operador que marca los sitios de inicio de la transcripción para cada uno de los muchos genes estructurales que caen en su control.
- E) Las 4 descripciones anteriores son completa o parcialmente falsas y/o poseen omisiones serias.
- 92. La proteína CAP (*catabolite activator protein*) regula la expresión de ciertos genes porque:**
- A) Se une al operador de lactosa y reprime la transcripción.

- B) Se une al AMPc y estimula la transcripción de los operones de degradación de azúcares que no se encuentren reprimidos.
- C) Se une a los operones de otros azúcares y reprime su expresión cuando hay glucosa disponible.
- D) Se expresa sólo cuando los genes del operón *lac* se han expresado antes.
- E) Degrada al AMPc y al hacerlo estimula la transcripción de todos los genes.

93. Si se introduce un plásmido que contiene el gen de la proteína verde fluorescente (una proteína que se caracteriza por emitir luz de color verde) dentro de una célula bacteriana (fenómeno llamado transformación) y este gen es colocado en seguida de la región promotora-operadora del operón *lac* de esta bacteria, entonces debe esperarse que:

- A) Las bacterias transformadas sean fluorescentes cuando crezcan en medio con lactosa y en ausencia de glucosa.
- B) Las bacterias transformadas se puedan identificar por ser fluorescentes al cultivarse en medio mínimo.
- C) Las bacterias transformadas se vean fluorescentes al cultivarse en un medio con glucosa y lactosa.
- D) Las bacterias transformadas se vean fluorescentes en presencia de AMPc y glucosa.
- E) Las bacterias transformadas no se verán fluorescentes porque este gen es de un organismo no bacteriano y la bacteria no posee el mismo código genético, por lo que no puede interpretarlo correctamente.

94. Elija la opción correcta con respecto a la regulación de la expresión genética:

- A) En eucariontes, los genes que codifican para proteínas con funciones relacionadas se organizan en unidades transcripcionales llamadas operones
- B) Los operones se clasifican de acuerdo a su estructura en inducibles, represibles y constitutivos
- C) Los operones inducibles son aquellos que en condiciones normales no se expresan.
- D) Un agente inductor es aquél que le permite a la bacteria decidir si transcribe genes o los reprime
- E) A y C son correctas

95. Elija la opción correcta con respecto a la regulación de la expresión genética:

- A) Ejemplos de operones inducibles son los que codifican para enzimas del metabolismo de sustratos como lactosa, maltosa, arabinosa.
- B) Los operones represibles son los que en condiciones normales se expresan
- C) Ejemplos de operones represibles son los que codifican para síntesis de aminoácidos
- D) Los operones constitutivos siempre se expresan, no están regulados ni por inductores ni por represores
- E) Todas las anteriores son correctas

96. Elija la opción correcta con respecto a la regulación de la expresión genética:

- A) El IPTG es un ejemplo de inductor gratuito, porque es metabolizado por la β -galactosidasa
- B) En presencia de lactosa, las enzimas responsables de su metabolismo aumentan rápidamente de ~10 moléculas a miles por bacteria.
- C) Las moléculas pequeñas que causan la producción de enzimas capaces de metabolizarlas son represores
- D) El gen Lac I forma parte del operón de lactosa

E) Los genes estructurales del operón *lac* son los que codifican para la Lactosa sintetasa, la permeasa y la transacetilasa

97. Elija la opción correcta con respecto al operón *lac*:

- A) Los elementos regulatorios son el promotor y el operador, a donde se unen moléculas que controlan la transcripción.
- B) Promotor y Operador son secuencias de ADN.
- C) Represor es una proteína (codificada por *LacI*)
- D) La lactosa es el inductor.
- E) Todas las anteriores son correctas

98. Elija la opción correcta con respecto al operón *lac*:

- A) La unión de la ARN polimerasa al promotor requiere de CAP en el promotor, que se une como un complejo CAP-ATP.
- B) En presencia de glucosa los niveles de AMPc son bajos
- C) La adenilato ciclasa cataliza un enlace fosfodiéster entre 2 o más moléculas de ATP
- D) La glucosa aumenta los niveles de AMPc
- E) Sólo C es falsa

99. Elija la opción correcta con respecto al operón *trp*:

- A) Codifica para 8 enzimas que participan en la síntesis de triptófano.
- B) Si el triptófano está presente, el operón se activa.
- C) El represor puede unirse al operador por sí solo.
- D) Si el represor se une al triptófano, entonces será capaz de unirse al operador y reprimir la transcripción.
- E) El triptófano actúa como co-activador.

100. Elija la opción incorrecta con respecto al operón *trp*:

- A) El represor *trp* actúa en 3 loci: *trp*E₁D₁B₁C₁A₁, *aroH* y *trpR*.
- B) Estructuras secundarias del ARN regulan la terminación de la transcripción.
- C) Un Atenuador es un terminador intrínseco localizado al inicio de la unidad de transcripción.
- D) Si se permite la formación del atenuador, la terminación previene la transcripción de los genes estructurales.
- E) Los ribosomas no tienen ningún papel en el mecanismo transcripcional de la atenuación.

101. Elija la opción correcta con respecto al operón *trp*:

- A) En ausencia de triptófano, el ribosoma hace una pausa en los codones que codifican para triptófano, por lo que la región 1 queda secuestrada, promoviendo el apareamiento de la región 2 y 3.
- B) En presencia de triptófano, el ribosoma no hace pausa y continúa hasta la región 2, por lo que se pueden aparear las regiones 3 y 4.
- C) El inciso A se refiere al fenómeno de anti-terminación
- D) El inciso B se refiere al fenómeno de terminación
- E) Todas las anteriores son correctas

Parte III

Tema considerado: regulación de la expresión genética en eucariote.

Califica con Verdadero (V) o Falso (F) las oraciones de la 1 a la 52:

1. () Las diferencias fenotípicas que distinguen a los tipos celulares se deben a diferencias en la expresión de los genes.
2. () Algunos niveles de control de la expresión genética son la activación de la estructura genética y el transporte del ARNm al citoplasma.
3. () La secuencia de ADN que causa que un gen responda a un factor de transcripción regulador se llama elemento de respuesta
4. () Un elemento de respuesta no tiene iguales características que los elementos upstream o enhancers, porque son secuencias no conservadas y de gran longitud.
5. () Un elemento de respuesta puede activar a un gen de forma independiente a otros elementos de respuesta.
6. () Los dominios de unión al ADN son grandes y comprenden la totalidad de una proteína.
7. () AP1 es un ejemplo de factor de transcripción heterodimérico (Cierre de leucina o *Leu zipper*).
8. () Los repetidos invertidos son palíndromos que ocurren en dos diferentes segmentos de ADN
9. () El Elemento de Respuesta a Glucocorticoides (GRE) es un repetido invertido.
10. () El movimiento de un transposón requiere de la enzima transposasa, que se une al promotor.
11. () Los repetidos invertidos frecuentemente se encuentran en secuencias reconocidas por factores de transcripción.
12. () Cuando el transposón es ligado a su nueva posición, los gaps no requieren ser rellenados.
13. () Los repetidos invertidos frecuentemente se encuentran flanqueando transposones.
14. () Los palíndromos pueden influir en la estructura de las proteínas, formando terminadores y antiterminadores
15. () 5'-GAATTC-3' es un palíndromo
16. () Los factores de transcripción con dominio bHLH siempre funcionan como dímeros
17. () Nunca se usan heterodímeros como factores de transcripción
18. () Algunas neoplasias se generan por translocaciones cromosómicas que afectan a factores de transcripción
19. () Las histonas son proteínas ácidas muy conservadas.
20. () Un gen típico tiene varios potenciadores diseminados en la vecindad.
21. () Los coactivadores son grandes complejos que constan de numerosas subunidades.
22. () Los nucleosomas son el nivel mínimo de organización cromosómica
23. () Cada nucleosoma contiene 146 pb de ADN superenrollado, envuelto 3 veces alrededor del octámero.
24. () La cromatina libre de histona H4 al microscopio electrónico tiene apariencia de *cuentas de collar*
25. () El N- terminal de las histonas toma la forma de una cola flexible y larga que se extiende más allá de la hélice de ADN y hacia los alrededores.
26. () Solenoide es otro nombre que se le da a la fibra de 300 nm

27. () Los cromosomas mitóticos son la última etapa del empaquetamiento del ADN.
28. () La heterocromatina se clasifica en constitutiva y facultativa
29. () La heterocromatización del cromosoma Y es un proceso aleatorio.
30. () Un ejemplo de heterocromatina facultativa es el corpúsculo de Barr
31. () El estado de actividad de una región de la cromatina depende de modificaciones específicas, o combinación de modificaciones, de las colas de histonas en esa región.
32. () La epigenética se refiere a que no todas las características hereditarias dependen de las secuencias de ADN.
33. () La epigenética nos permite entender cómo a partir de un mismo genotipo se pueden originar diversos fenotipos.
34. () La actividad HAT disminuye el acceso de regiones específicas de ADN para la interacción con proteínas.
35. () Durante la replicación, las histonas relacionadas con la cadena parental se distribuyen al azar en cada cadena hija.
36. () Las modificaciones presentes en las histonas de la cromatina parental determinan las modificaciones que ocurrirán en las histonas *nuevas*.
37. () La actividad HDAC se relaciona con activación de transcripción
38. () Las histonas acetiladas reclutan complejos de remodelación de la cromatina.
39. () La metilación de las islas CpG permite el reclutamiento de complejos co-activadores.
40. () Impronta genómica se refiere a que la activación/inactivación de algunos genes depende de si fueron aportados al cigoto por el espermatozoide o el oocito
41. () Se considera que menos del 5% de los genes humanos pueden estar sujetos a *splicing* alternativo.
42. () El control de la expresión genética a nivel traduccional incluye la regulación de la localización del ARNm, la frecuencia de traducción y la vida media del ARNm.
43. () La metilación de la cisteína 5 en las islas CpG es una marca epigenética
44. () El desarrollo del eje antero-posterior de una larva de mosca es anticipado por la localización del ARNm a lo largo del mismo eje.
45. () Las secuencias 3' UTR tienen un papel muy importante en mediar la localización específica de algunos ARNm.
46. () Un ejemplo de control de la traducción específico lo observamos en el ARNm de la ferritina.
47. () La proteína reguladora de Fe es un represor específico de la traducción de ferritina.
48. () A bajas concentraciones de Fe, la proteína reguladora de Fe está unida al elemento de respuesta a Fe.
49. () El elemento de respuesta a Fe se encuentra en el extremo amino terminal del ARNm de ferritina
50. () El control de la estabilidad del ARNm se refiere a su vida media
51. () La vida media de los ARNm es muy variable.
52. () La longitud de la cola de poliA y las secuencias en las regiones 3'UTR juegan un papel importante en dictar la vida media de un ARNm
- 53. Elija la opción correcta con respecto a la regulación de la expresión genética en eucariontes:**
- A) Las diferencias fenotípicas que distinguen a los tipos celulares se deben a diferencias en la expresión genética.

- B) Algunos niveles de control son la activación de la estructura genética y el transporte del ARNm al citoplasma.
- C) Un elemento de respuesta puede activar a un gen de forma independiente a otros elementos de respuesta.
- D) La secuencia de ADN que causa que un gen responda a un factor de transcripción regulador se llama elemento de respuesta.
- E) Todas las anteriores son correctas

54. Elija la opción incorrecta

- A) El Elemento de Respuesta a Glucocorticoides (GRE) es un repetido invertido.
- B) Los palíndromos que ocurren en hebras opuestas de la misma sección de la hélice de ADN pueden servir de blanco para enzimas de restricción.
- C) Los palíndromos son secuencias simétricas: las 2 cadenas tienen la misma secuencia 5'→3'
- D) GACT es un ejemplo de palíndromo
- E) Los repetidos invertidos son palíndromos que ocurren en dos diferentes segmentos de ADN

55. Elija la opción correcta

- A) El movimiento de un transposón requiere de la enzima transposasa, que se une al promotor.
- B) Cuando el transposón es ligado a su nueva posición, los huecos no requieren ser rellenados.
- C) Los palíndromos pueden influir en la estructura de las proteínas, formando terminadores y antiterminadores
- D) 5'-GAATTC-3' es un palíndromo
- E) Todas las anteriores son correctas.

56. Elija la opción incorrecta

- A) Los factores de transcripción con dominio bHLH siempre funcionan como dímeros
- B) Nunca se usan heterodímeros como factores de transcripción
- C) Algunas neoplasias se generan por translocaciones cromosómicas que afectan a factores de transcripción
- D) Un gen típico tiene varios potenciadores diseminados en la vecindad.
- E) Un promotor y sus potenciadores se aíslan de otros por medio de aisladores.

57. Elija la opción correcta

- A) Los coactivadores son grandes complejos que constan de numerosas subunidades.
- B) Según su función, los coactivadores se dividen en los que interactúan con componentes de la maquinaria de transcripción y en los que actúan a nivel de la cromatina.
- C) Los nucleosomas son el nivel mínimo de organización cromosómica
- D) Las histonas son proteínas ácidas muy conservadas.
- E) Sólo D es incorrecta

58. Elija la opción correcta

- A) El octámero de histonas está formado por 2 monómeros de H2A, 2 monómeros de H2B, 2 monómeros de H3 y 2 monómeros de H1.
- B) Cada nucleosoma contiene 146 pb de ADN superenrollado, envuelto 3 veces alrededor del octámero.
- C) La cromatina libre de histona H4 al microscopio electrónico tiene apariencia de *cuentas de collar*

- D) El N- terminal de las histonas toma la forma de una cola flexible y larga que se extiende más allá de la hélice de ADN y hacia los alrededores.
 E) Solenoide es otro nombre que se le da a la fibra de 300 nm

59. Elija la opción correcta

- A) Las fibras de 30 nm se organizan en dominios (asas muy amplias).
 B) Los cromosomas mitóticos son la última etapa del empaquetamiento del ADN.
 C) La heterocromatina se clasifica en constitutiva y facultativa
 D) Un ejemplo de heterocromatina facultativa es el corpúsculo de Barr
 E) Todas las anteriores son correctas.

60. Elija la opción correcta

- A) La heterocromatización del cromosoma Y es un proceso aleatorio.
 B) El estado de actividad de una región de la cromatina depende de modificaciones específicas, o combinación de modificaciones, de las colas de histonas en esa región.
 C) La citosina 9 de la histona H3 se encuentra muy metilada en la heterocromatina
 D) La proteína HP1 tiene un papel importante en la formación y mantenimiento de la eucromatina.
 E) B y D son correctas

61. Elija la opción correcta

- A) La epigenética se refiere a que no todas las características hereditarias dependen de las secuencias de ADN.
 B) La epigenética nos permite entender cómo a partir de un mismo genotipo se pueden originar diversos fenotipos.
 C) En la replicación, las histonas relacionadas con la cadena parental se distribuyen al azar en cada cadena hija.
 D) Las modificaciones presentes en las histonas de la cromatina parental determinan las modificaciones que ocurrirán en las histonas *nuevas*.
 E) Todas son correctas

62. Elija la opción correcta

- A) La actividad HAT disminuye el acceso de regiones específicas de ADN para la interacción con proteínas.
 B) Las histonas acetiladas reclutan complejos de remodelación de la cromatina.
 C) La actividad HDAC se relaciona con activación de transcripción
 D) La metilación de la cisteína en las islas CpG es una marca epigenética
 E) La metilación de las islas CpG permite el reclutamiento de complejos co-activadores.

63. Elija la opción incorrecta

- A) Impronta genómica se refiere a que la activación/inactivación de algunos genes depende de si fueron aportados al cigoto por el espermatozoide o el oocito
 B) Se considera que menos del 3% de los genes humanos pueden estar sujetos a *splicing alternativo*.
 C) El control de la expresión genética a nivel traduccional incluye la regulación de la localización del ARNm, la frecuencia de traducción y la vida media del ARNm.
 D) El desarrollo del eje antero-posterior de una larva de mosca es anticipado por la localización del ARNm a lo largo del mismo eje.
 E) Las secuencias 3' UTR tienen un papel muy importante en mediar la localización específica de algunos ARNm.

64. Elija la opción incorrecta

- A) Un ejemplo de regulación de la localización de transcripción de ARNm lo observamos en los que se encuentran almacenados en un huevo no fertilizado de *Xenopus*.
- B) Un ejemplo de control de la traducción a nivel global es a través de la fosforilación del eIF2.
- C) La versión fosforilada de eIF2 no puede intercambiar GDP por GTP.
- D) Un ejemplo de control de la traducción específico lo observamos en el ARNm de la ferritina.
- E) La proteína reguladora de Fe es un represor específico de la traducción de ferritina.

65. Elija la opción incorrecta

- A) A bajas concentraciones de Fe, la proteína reguladora de Fe está unida al elemento de respuesta a Fe.
- B) El elemento de respuesta a Fe se encuentra en el extremo amino terminal del ARNm de la ferritina
- C) El control de la estabilidad del ARNm se refiere a su vida media
- D) La vida media de los ARNm es muy variable.
- E) La longitud de la cola de poliA y las secuencias en las regiones 3'UTR juegan un papel importante en dictar la vida media de un ARNm.

66. Elija la opción correcta

- A) La Interferencia por ARN es un sistema de silenciamiento genético, mediado por moléculas de ARN pequeñas codificantes.
- B) La Interferencia por ARN controla la expresión genética a nivel pos-transcripcional por degradación de los ARNm blanco.
- C) Los genes encargados de la Interferencia por ARN constituyen el 90% del genoma en *C. elegans*.
- D) Los genes encargados de la Interferencia por ARN son poco expresados y regulados.
- E) Todas las anteriores son correctas

67. Elija la opción incorrecta

- A) La Interferencia por ARN tiene el potencial de regular un gran número de genes blanco (hasta 200 por cada ARNm)
- B) Algunos genes encargados de la Interferencia por ARN están localizados en regiones no codificantes del genoma, mientras otros están en intrones.
- C) Comienza con un corte ATP independiente de un ARN pequeño de doble cadena, en fragmentos de 50 nucleótidos.
- D) El ARNm es incorporado al complejo proteico RISC (*complejo silenciador inducido por ARN*) donde ocurre la separación del dúplex.
- E) El complejo RISC reconoce y corta el ARN diana (complementario a la hebra guía de su ARNm)

68. Elija la opción incorrecta

- A) Dicer es una RNasa III específica de ARN de doble cadena
- B) Los ARNm contienen 2 nucleótidos simples en el extremo 3'
- C) La longitud de los ARNm es específico de especie y puede reflejar diferencias en la estructura de los distintos homólogos Dicer.
- D) Dentro de las RNasas III, Dicer es único en cuanto al requerimiento de UTP (por su actividad Primasa)
- E) RISC contiene una RNasa y un único ARNm que dirige el corte endonucleotídico del ARN diana hacia el centro de la hebra.

69. Elija la opción correcta

- A) La amplificación de la señal de Interferencia por ARN es realizada por ARN polimerasas dependientes de ARN
- B) La amplificación de la señal de Interferencia por ARN es la razón de la gran eficiencia de los ARN de doble cadena en el silenciamiento genético.
- C) En la amplificación de la señal de Interferencia por ARN, una ARN polimerasa usa el ARNmi guía como cebador para sintetizar nuevo ARN, utilizando el ARN diana como molde y convirtiéndolo en ARN de doble cadena
- D) En la amplificación de la señal de interferencia por ARN, la generación de ARN de doble cadena posibilita nuevas rondas de síntesis.
- E) Todas las anteriores son correctas

Parte IV

Temas considerados: clonación del ADN *in vitro* e *in vivo*, hibridación, secuenciación.

1. Elija la opción correcta (Reacción en Cadena de la Polimerasa)

- A) La PCR permite la amplificación exponencial de unas pocas moléculas diana de ADN.
- B) La PCR incluye 3 pasos que se repiten al menos 50 veces: naturalización, alineamiento y polimerización.
- C) Los cebadores para la PCR estándar deben ser autocomplementarios.
- D) El ADN molde en una PCR sólo puede ser ADNc.
- E) Un ejemplo de ARN polimerasa termoestable es la Taq.

2. Elija la opción correcta (Reacción en Cadena de la Polimerasa)

- A) Entre las múltiples aplicaciones de la PCR, están la investigación forense y las pruebas de paternidad.
- B) La RT-PCR es una variación de la PCR que permite amplificar ADNc.
- C) La RT-PCR requiere de una ADN polimerasa dependiente de ADN.
- D) A y B son correctas.
- E) Todas las anteriores son incorrectas.

3. Elija la opción incorrecta (Clonación del ADN)

- A) La clonación del ADN es la amplificación de una secuencia específica de ADN para producir un gran número de copias idénticas.
- B) La amplificación del ADN clonado puede llevarse a cabo *in vitro* o dentro de las células.
- C) Una limitación de la PCR es el tamaño restringido de los productos de amplificación.
- D) Conviene clonar el producto de la PCR en un sistema de clonación basado en células para obtener grandes cantidades y para permitir mayor análisis.
- E) En la clonación del ADN en células, el ARN blanco se liga a un amplicón.

4. Elija la opción incorrecta (Clonación del ADN)

- A) En la clonación del ADN en células se requieren 4 pasos: la creación de moléculas de ADN recombinante, la introducción de la molécula a la célula huésped, la propagación selectiva de clonas celulares y el aislamiento de clonas de ADN recombinante.
- B) Muchas endonucleasas de restricción reconocen secuencias palindrómicas
- C) Según la localización de los sitios de corte, las enzimas de restricción generan extremos romos o cohesivos
- D) Los fragmentos de restricción con los mismos tipos de extremos cohesivos pueden ligarse con facilidad
- E) Ejemplos de replicones intracromosómicos son los plásmidos y los bacteriófagos.

Califica con Verdadero (V) o Falso (F) las oraciones de la 5 a la 49:

- 5. () La introducción de ADN a una célula huésped requiere de un tratamiento que altera la permeabilidad de membrana.
- 6. () El término célula competente se refiere a una célula capaz de captar ADN extraño del ambiente extracelular
- 7. () La transformación es el proceso por el cual introducimos ADN extraño en una célula eucarionte
- 8. () Clona celular se refiere a una colonia bacteriana que consta de la progenie idéntica de una sola célula
- 9. () Una genoteca de ADN es un conjunto amplio de clonas celulares con ADN exógeno

10. () Para seleccionar las células que contienen el vector recombinante deseado, se pueden utilizar genes de resistencia a antibióticos
11. () Proteína recombinante es una proteína modificada, por la fusión artificial con metales y azúcares
12. () Una de las limitaciones de expresión de proteínas de mamífero en bacterias es que carecerán de procesamiento postraduccional eucariote, como la glucosilación
13. () La transfección es el proceso por el cual introducimos ADN extraño en un procarionte
14. () La transferencia de genes a procariontes puede realizarse por transducción y por transfección
15. () Algunos métodos de transducción son la electroporación y el uso de liposomas
16. () Un transgen es un gen introducido por ingeniería genética a una célula
17. () Hibridación es la capacidad de las moléculas individuales de ácido nucleico de cadena doble para formar moléculas de cadena sencilla por complementariedad de bases
18. () Las sondas utilizadas en hibridación son de proteínas
19. () El marcaje de sondas *in vitro* puede realizarse durante la síntesis del ácido nucleico o al final
20. () Existen diferentes maneras de marcar una sonda de hibridación (con radioisótopos, con fluoróforos, con moléculas rastreadoras...)
21. () La temperatura de fusión (T_m) es el punto medio en la transición de la forma de doble cadena a la de cadena única
22. () La astringencia en hibridación se refiere al rigor de la hibridación y está relacionada con la temperatura y la concentración de NaCl
23. () La técnica *Southern blot* permite detectar la presencia y tamaño de secuencias complementarias a la sonda
24. () En los microarreglos de ADN, la sonda de hibridación es el grupo de ácidos nucleicos fijada al microarreglo
25. () Hay 2 tipos de microarreglos de ADN: los de ácidos nucleicos presintetizados y los de oligonucleótidos sintetizados *in situ*.
26. () Los microarreglos de ácidos nucleicos presintetizados se conocen como Affymetrix o chips de ADN
27. () En los microarreglos de ADN, el ADN blanco se marca con fluoróforos y se deja que entre en contacto con el microarreglo.
28. () La secuenciación de ADN automatizada implica la síntesis de ADN con didesoxinucleótidos (polimerización interrumpida) y el uso de radioactividad
29. () La secuenciación automatizada de ADN implica la síntesis de ADN con didesoxinucleótidos marcados con fluorescencia
30. () Los polimorfismos usados en genotipificación suelen relacionarse con enfermedad.
31. () Una variación de ADN se describe como polimorfismo si es muy infrecuente en una población
32. () Genoma es el nombre colectivo para las diferentes moléculas de ADN que se encuentran en las células de una especie particular.
33. () El genoma humano comprende 25 moléculas diferentes: 23 nucleares y 2 mitocondriales

RESPUESTAS

PARTE I

1. 700
2. 4.8
3. 44.2
4. 26
5. E
6. C
7. E
8. E
9. E
10. E
11. D
12. C
13. E
14. B
15. E
16. E
17. A
18. C
19. A
20. C
21. E
22. D
23. B
24. C
25. D
26. E
27. D
28. A
29. B
30. E
31. C
32. A
33. A
34. A
35. E
36. A
37. C
38. C
39. E
40. A
41. E
42. B
43. E
44. E
45. D
46. C

47. E
48. E
49. A
50. E
51. A
52. D
53. D
54. B
55. C
56. C
57. E
58. E
59. B
60. E
61. E
62. B

PARTE II

1. D
2. A
3. B
4. A
5. C
6. D
7. C
8. C
9. C
10. E
11. D
12. B
13. E
14. E
15. C
16. E
17. E
18. C
19. D
20. E
21. C
22. D
23. F
24. V
25. V
26. V
27. F
28. F
29. V

30. F
31. F
32. V
33. V
34. F
35. V
36. V
37. F
38. F
39. F
40. V
41. V
42. V
43. F
44. V
45. V
46. F
47. V
48. F
49. F
50. V
51. F
52. V
53. V
54. V
55. V
56. V
57. F
58. F
59. F
60. F
61. V
62. F
63. F
64. V
65. V
66. V
67. V
68. F
69. V
70. F
71. F
72. V
73. F
74. F
75. F
76. F

77. F
78. V
79. F
80. V
81. V
82. V
83. V
84. F
85. V
86. V
87. V
88. F
89. V
90. V
91. A
92. B
93. A
94. C
95. E
96. B
97. E
98. B
99. D
100. E
101. E

PARTE III

1. V
2. V
3. V
4. F
5. V
6. F
7. V
8. V
9. V
10. F
11. V
12. F
13. V
14. F
15. V
16. V
17. F
18. V
19. F
20. V

RESPUESTAS

21. V
22. V
23. F
24. F
25. V
26. F
27. V
28. V
29. F
30. V
31. V
32. V
33. V
34. F
35. V
36. V
37. F
38. V
39. F
40. V
41. F
42. V

43. F
44. V
45. V
46. V
47. V
48. V
49. F
50. V
51. V
52. V
53. E
54. D
55. D
56. B
57. E
58. D
59. E
60. B
61. E
62. B
63. B
64. A

65. B
66. B
67. C
68. D
69. E

PARTE IV

1. A
2. D
3. E
4. E
5. V
6. V
7. F
8. V
9. V
10. V
11. F
12. V
13. F
14. F
15. F

16. V
17. F
18. F
19. V
20. V
21. V
22. V
23. V
24. V
25. V
26. F
27. V
28. F
29. V
30. F
31. F
32. V
33. F

Parte I

Temas considerados: introducción a la Biología Molecular y replicación del ADN en procariontes

1. **¿Cuál es la secuencia complementaria de 5'-G-T-G-G-G-A-A-T-G-T-C-C-A-A-A-G-A-A-T-C-T-G-T-C-3'** (indica en la respuesta el extremo 5' y el 3')
2. **Si la secuencia 5'-G-T-G-G-G-A-A-T-G-T-C-C-A-A-A-G-A-A-T-C-T-G-T-C-3'** fuera de una hebra de ADN plantilla, **¿Cuál es la secuencia del ARN transcrito?** (indica en la respuesta el extremo 5' y el 3')
3. **Si la secuencia 5'-G-T-G-G-G-A-A-T-G-T-C-C-A-A-A-G-A-A-T-C-T-G-T-C-3'** fuera de una hebra de ADN codificante, **¿Cuál es la secuencia del ARN transcrito?** (indica en la respuesta el extremo 5' y el 3')
4. **¿Cuál es la secuencia complementaria de 5'-T-T-C-A-A-T-G-G-G-A-T-C-C-A-T-G-T-T-G-G-C-C-A-A-T-G-A-3'** (indica en la respuesta el extremo 5' y el 3')
5. **Si la secuencia 5'-T-T-C-A-A-T-G-G-G-A-T-C-C-A-T-G-T-T-G-G-C-C-A-A-T-G-A-3'** fuera de una hebra de ADN plantilla, **¿Cuál es la secuencia del ARN transcrito?** (indica en la respuesta el extremo 5' y el 3')
6. **Si la secuencia 5'-T-T-C-A-A-T-G-G-G-A-T-C-C-A-T-G-T-T-G-G-C-C-A-A-T-G-A-3'** fuera de una hebra de ADN codificante, **¿Cuál es la secuencia del ARN transcrito?** (indica en la respuesta el extremo 5' y el 3')

Complete las siguientes oraciones:

7. Los _____ son segmentos de ADN. Los genes en las células eucarióticas son interrumpidos por secuencias _____ llamadas intrones. Las secuencias que codifican son llamados _____.
8. La _____ es necesaria para que las hebras molde puedan exponer sus bases, ya que rompe los puentes de hidrógeno que unen dichas hebras.
9. Los fragmentos de Okazaki se encuentran en la cadena _____.
10. La cadena lenta se genera debido a que la dirección de las dos hebras molde es _____ y en virtud de que las enzimas que sintetizan ácidos nucleicos sólo pueden seguir la dirección ____'→____'.
11. La acción de la helicasa es complementada por la _____, que permite resolver los nudos que se forman en el ADN súper enrollado.
12. Los fragmentos de Okazaki son unidos covalentemente por la acción de la _____.

Parte II

Temas considerados: código genético, traducción, modificaciones postraduccionales, regulación de la expresión genética en procariontes.

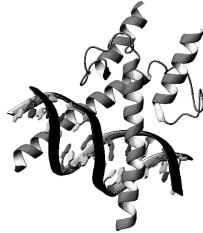
1. ¿Cuántos y cuáles son todos los marcos de lectura posibles de la secuencia: GUGGGAAUGUCCAAAGAAUCUGUC, indicando los extremos 5' y 3' de cada uno de ellos?
2. ¿Cuáles son las secuencias de aminoácidos codificadas por todos los marcos de lectura encontrados en la secuencia previa, indicando en cada péptido cuál es el extremo amino y cuál es el extremo carboxilo?
3. ¿Cuántos y cuáles son todos los marcos de lectura posibles de la secuencia: 5'-AUGAUUUACACUUGUCACCGAGAUAACUGU-3', indicando los extremos 5' y 3' de cada uno de ellos?
4. ¿Cuál es la secuencia de aminoácidos codificada por la secuencia: 5'-AUG-AUU-UAC-ACU-UGU-CAC-CGA-GAU-AAG-AAC-UGU-3'?
5. Escribe al menos 3 secuencias de ARN diferentes que podrían codificar el siguiente péptido: Amino-M I Y T C H R D K N C-Carboxilo.
6. ¿Cuál es el marco de lectura de la secuencia GUCAUCACGAAUUUACUCUUGA que codifica para el péptido Amino-F-S-F-K-H-Y-Carboxilo?
7. ¿Cuántos y cuáles son los marcos de lectura posibles de la secuencia: 5'-TTCAATGGGATCCATGTTGGCCAATGA-3', indicando los extremos 5' y 3' de cada uno de ellos?
8. ¿Cuál es el marco de lectura abierto de la secuencia: 5'-TTCAATGGGATCCATGTTGGCCAATGA-3'?
9. ¿Cuál es la secuencia de aminoácidos codificada por el marco de lectura abierto de la secuencia: 5'-TTCAATGGGATCCATGTTGGCCAATGA-3'?
10. Escribe en la última columna de la tabla el nivel de transcripción del operón *lac* según las condiciones escritas en cada fila:

Concentración de Glucosa	Concentración de Lactosa	Concentración de AMPc	Nivel de transcripción
Bajo	Bajo	Alto	
Bajo	Alto	Alto	
Alto	Bajo	Bajo	
Alto	Alto	Bajo	

Parte III

Tema considerado: regulación de la expresión genética en eucarionte

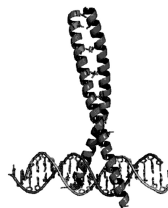
1. ¿A qué tipo de dominio de unión al ADN corresponde la siguiente imagen?



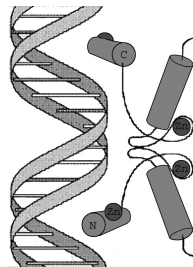
2. ¿A qué tipo de dominio de unión al ADN corresponde la siguiente imagen?



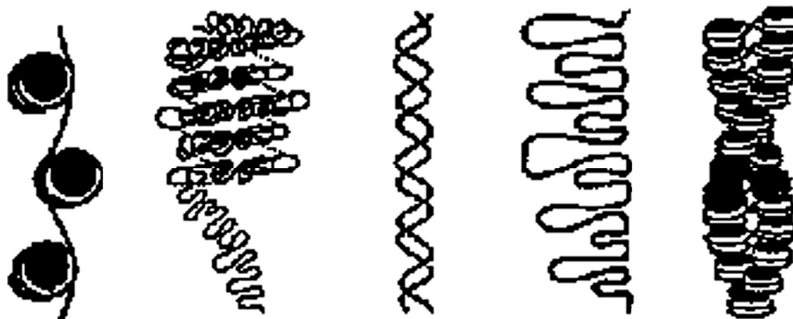
3. ¿A qué tipo de dominio de unión al ADN corresponde la siguiente imagen?



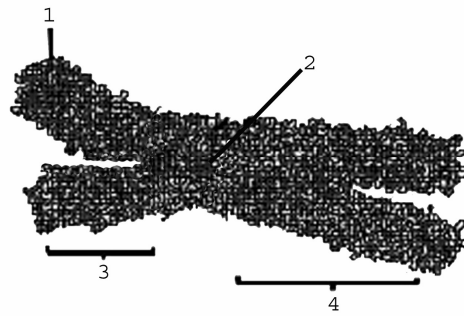
4. ¿A qué tipo de dominio de unión al ADN corresponde la siguiente imagen?



5. Asigne números del 1 al 5 y el nombre correspondiente a cada nivel de organización del ADN a cada una de las imágenes (para el menor nivel de compactación mostrado elija el número uno y para el mayor nivel de compactación elija el número cinco):



6. Escriba los elementos principales de un cromosoma en el orden indicado en la imagen:



Parte IV

Temas considerados: ingeniería genética y sus aplicaciones, clonación del ADN *in vitro* e *in vivo*, hibridación, secuenciación.

1. Localiza los palíndromes de la secuencia: 5'-TAAAGCTGATGGCCT-3'.
2. ¿Cuál es el palíndromo de 6 nucleótidos presente en la secuencia 5'-TTCAATGGGATCCATGTTGGCCAATGA-3'?
3. El palíndromo de la pregunta anterior es el sitio de reconocimiento de la enzima de restricción Bam HI, que lo corta específicamente entre las 2 purinas iguales. ¿Qué tipos de extremos genera y cuáles son?

4. ¿Cuál es el péptido que un ribosoma puede traducir a partir de la siguiente secuencia de un ARNm:

```

1   GUGACAGAAG UAGUAGGAAG UGAGCUGUUC AGAGGCAGGA GGGUCUAUUC UUUGCCAAAG
61  GGGGGACCAG AAUUCCTCAU GCGAGCUGUU UGAGGACUGG GAUGCCGAGA ACGCGAGCGA
121 UCCGAGCAGG GUAGGUCUGG GCACCGUCGG GGUAGGAUCC GGAACGCAUU CGGAAGGCUU
181 UUUGCAAGCA UUUACUUGGA AGGAGAACUU GGAUCUUUC UGGGAACCCC CCGCCCCGGC
241 UGGAUUGGCC GAGCAAGCCU GAAAAAGGCA AUUGAAACAC AGAGCACCAG CUCUGAGGAA
301 CUCGUCCCAA GCCCCCAUC UCCACUCCU CCCCUCGAG UGUACAAACC CUGCUUCGUC
361 UGCCAGGACA AAUCAUCAGG GUACCACUAU GGGGUCAGCG AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA

```

5. Se obtuvo el ADNc de la secuencia de ARNm previa. Diseña cebadores de 19 nucleótidos para realizar una PCR que nos permita amplificar todo el ADNc obtenido, indicando los extremos 5' y 3' en cada uno.

6. Encuentra el palíndromo de 6 nucleótidos localizado en el 5'-UTR del ARNm de la pregunta número 4.

7. La enzima de restricción Hind III reconoce el palíndromo G^{*}AATTC y corta el enlace fosfodiéster indicado con el rombo. ¿Qué tipos de extremos genera y cuáles son?

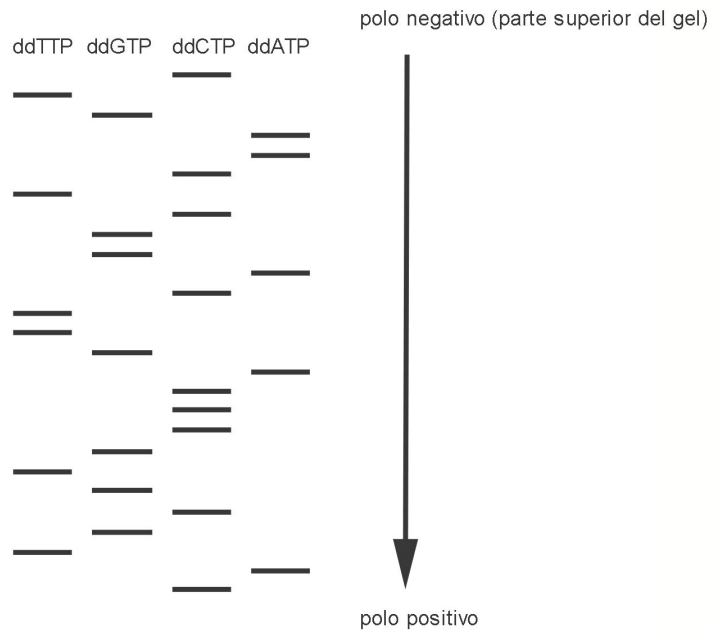
8. En la siguiente secuencia está marcado un codón CAA (subrayado y en negritas). Diseña cebadores para PCR de 19 nucleótidos que introduzcan la mutación Q30L, indicando los extremos 5' y 3' en cada uno:

```

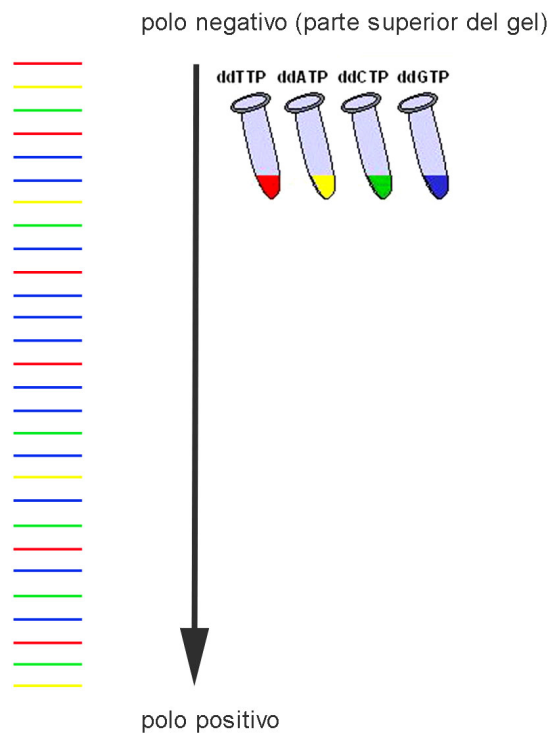
5' ATGAGTCATTATACATTAGTTATGCTAGGAGGTGGTGCTGTTGGAAAATCAGCCATCACAGTTCAATTAGT
TTCTGGAGTATTTGTGCAAATGTATAATCCAACAATTGAAGACTCTTTAATACTACAATTGACGTTGATGGA
GAAATGGTTTTATTAAATATTGTTGATACTGCAGGTCAAGAAGAGTATTCATCATTAAAGAGATCAGTACATGA
GGTCTGGTATGATGATTTGTTATTGTTTATTCAATTATTTCAACCACATCATTTTTAGAAAGTAAGTGAATTCG
AGATCAATTATTTAGGGTATTAGAAAAAGAACCTGATGAACATATTTGTATGGTTCTTTGTGGTAATAAATGT
GATATGGAAAAGTGACCGCCAAGTTAATACTTCAGAAAGTAAAACAAATTGCTGAAGAATGGAAATGCCCTTTTT
ATGAAACTTCCGCTAAAGAAAGGATTAACATCTTAGAATCATTCCAAGCTTTGGTTAGAGATATCAAAAAATG
GAATGCTATCCCTGGCACTGAAAGTACTTCTTCTAACTCTTCTTCTAAACCTGAAAAGAAGAAAAAAGGATGC
TTCATTTTTTAA-3'

```

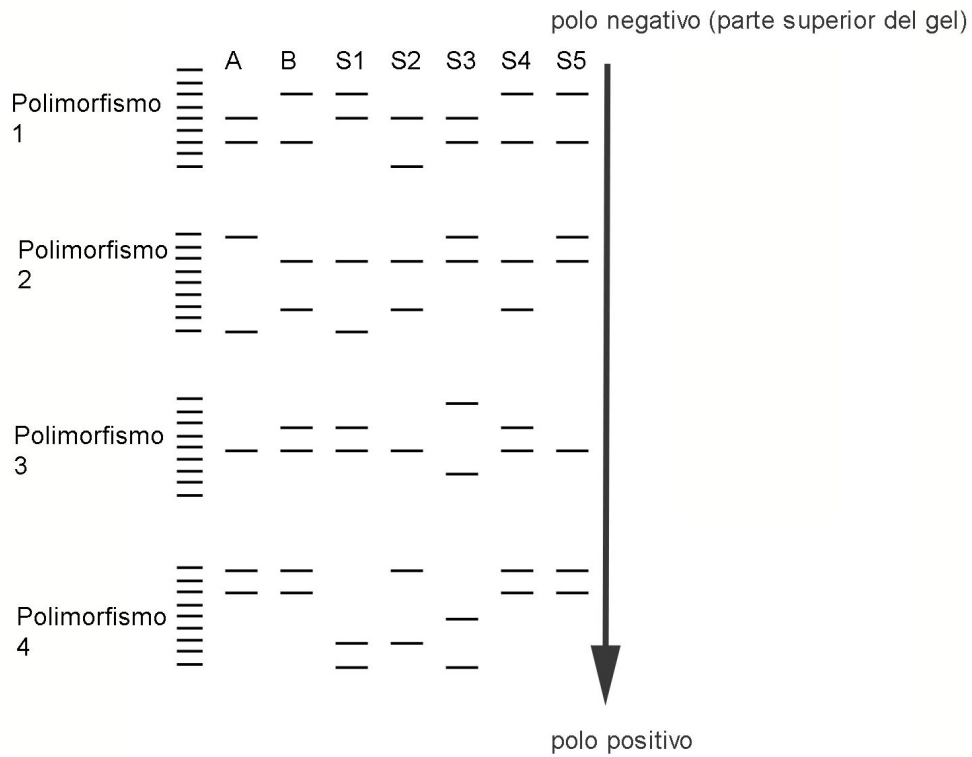

9. La siguiente imagen muestra la radiografía de un gel de secuenciación por el método Sanger. ¿Cuál es la secuencia del ADN molde, indicando los extremos 5' y 3'?



10. La siguiente imagen muestra una secuenciación automatizada en capilar. ¿Cuál es la secuencia del ADN recién sintetizado, indicando los extremos 5' y 3'?



11. La siguiente imagen es una comparación criminalística. Ocurrió un homicidio en una reunión. Al asesinado (A) se le encontraron restos de tejido de su asesino (B) abajo de sus uñas. Se tomaron muestras de sangre de los presentes en la reunión para su análisis, pues todos son sospechosos (S1, S2, S3, S4, S5). ¿Uno de estos sospechosos puede ser el asesino?, si es así, ¿cuál o cuáles?



RESULTADOS**PARTE I**

1. 3'-CACCCCTTACAGGTTTCTTAGACAG-5'
2. 3'-CACCCUUACAGGUUUCUUAGACAG-5'
3. 5'-GUGGGAAUGUCCAAAGAAUCUGUC-3'
4. 5'-TCATTGGCCAACATGGATCCCATTGAA-3'
5. 5'-UCAUUGGCCAACAUGGAUCCCAUUGAA-3'
6. 5'-UUCAAUGGGAUCCAUGUUGGCCAAUGA-3'
7. genes; no codificantes; exones.
8. helicasa
9. lenta
10. antiparalela, 5', 3'
11. topoisomerasa
12. ligasa

PARTE II

1. 5'-GUG-GGA-AUG-UCC-AAA-GAA-UCU-GUC-3'
5'-UGG-GAA-UGU-CCA-AAG-AAU-CUG-3'
5'-GGG-AAU-GUC-CAA-AGA-AUC-UGU-3'
5'-CUG-UCU-AAG-AAA-CCU-GUA-AGG-GUG-3'
5'-UGU-CUA-AGA-AAC-CUG-UAA-GGG-3'
5'-GUC-UAA-GAA-ACC-UGU-AAG-GGU-3'
2. Amino-V-G-M-S-K-E-S-V-Carboxilo
Amino-W-E-C-P-K-N-L-Carboxilo
Amino-G-N-V-Q-R-I-C-Carboxilo
Amino-L-S-K-K-P-V-R-V-Carboxilo
Amino-C-L-R-N-L-Ter-G-Carboxilo
Amino-V-Ter-E-T-C-K-G-Carboxilo
3. 5'-AUG-AUU-UAC-ACU-UGU-CAC-CGA-GAU-AAC-UGU-3'
5'-UGA-UUU-ACA-CUU-GUC-ACC-GAG-AUA-ACU-3'
5'-GAU-UUA-CAC-UUG-UCA-CCG-AGA-UAA-CUG-3'
4. M I Y T C H R D K N C
5. 5'-AUG-AUU-UAC-ACU-UGU-CAC-CGA-GAU-AAG-AAC-UGU-3'
5'-AUG-AUC-UAC-ACA-UGC-CAC-CGA-GAC-AAA-AAC-UGC-3'
5'-AUG-AUA-UAU-ACC-UGU-CAU-CGC-GAU-AAG-AAU-UGU-3'
5'-AUG-AUC-UAU-ACG-UGC-CAU-CGG-GAC-AAA-AAU-UGU-3'

RESULTADOS

5'-AUG-AUA-UAC-ACU-UGU-CAC-CGU-GAU-AAG-AAC-UGC-3'

6. 5'-UUC-UCA-UUU-AAG-CAC-UAC-3'
7. 5'-TTC-AAT-GGG-ATC-CAT-GTT-GGC-CAA-TGA-3'
5'-T-TCA-ATG-GGA-TCC-ATG-TTG-GCC-AAT-GA-3'
5'-TT-CAA-TGG-GAT-CCA-TGT-TGG-CCA-ATG-A-3'
8. 5'-ATG-GGA-TCC-ATG-TTG-GCC-AAT-GA-3'
9. M-G-S-M-L-A-N
10. Bajo
Alto
Bajo
Bajo

PARTE III

1. HLH
2. HTH
3. *Leu zipper*
4. *Zn finger*
5. 2, 5, 1, 4, 3
6. Telómero, centrómero, brazo p, brazo q

PARTE IV

1. AGCT, GGCC
2. GGATCC
3. Extremos cohesivos:
5'-TTCAATGG GATCCATGTTGGCCAATGA-3'
3'-AAGTTACCCTAG GTACAACCGGTTACT-5'
4. M-P-R-T-R-A-I-R-A-G
5. *Forward:* 5'-GTGACAGAAGTAGTAGGAA-3'
Reverse: 5'-TTTTTTTTTTTTTTTTTTTT-3'
6. GAAUUC

RESULTADOS

7. Extremos cohesivos:
5'-G AATTC-3'
3'-CTTAA G-5'
8. 5'-TATTTGTGCTAATGTATAA-3'
3'-ATAAACACGATTACATATT-5'
9. 5'-GACTTGAGCCTGAACTGGGCACGCATG-3'
10. 5'-ACTGCGTCGAGCGGTGGGTGCAGGTCAT-3'
11. Si, el S4

Abreviaciones utilizadas

ADN	Ácido desoxirribonucleico
ADNc	Ácido desoxirribonucleico complementario
ARN	Ácido ribonucleico
ARNhn	Ácido ribonucleico heterogéneo nuclear
ARNm	Ácido ribonucleico mensajero
ARNmi	Ácido ribonucleico micro
ARNr	Ácido ribonucleico ribosomal
ARNsn	Ácido ribonucleico pequeño nuclear
ARNt	Ácido ribonucleico de transferencia
RNPsn	Ribonucleoproteína pequeña nuclear
UTR	Región no traducida

Bibliografía recomendable

1. Strachan, T. y Read, A. P. (2006) *Genética Humana*. 3ª edición. México: McGraw-Hill.
2. Lewin, B. (2007) *Genes IX*. 9ª edición. Estados Unidos: Jones & Bartlett Publishers.
3. Alberts, A. (2004) *Biología molecular de la célula*. 4ª edición. España: Omega.
4. Brown, T. A. (2002) *Genomes*. 2ª edición. Inglaterra: Wiley-Liss.
5. Griffiths, A. J. F. et al. (2002) *Modern genetic analysis: integrating genes and genomes*. Estados Unidos: Freeman.
6. Karp, G. (2005) *Biología Celular y Molecular*. 4ª edición. México: McGraw-Hill.
7. Lozano J. A., Galindo J. D. (2005) *Bioquímica y Biología Molecular*. 3ª edición, México: McGrawHill.
8. Jiménez L. F., Merchant H. (2003) *Biología celular y molecular*. 1ª edición, Prentice Hall.