

1.- Considere la siguiente secuencia de bases de DNA correspondiente a la hebra codificante que será transcrita a RNA.

5'-CCAGGTATAATACCGGTACAGCGCTCTATGCCGGATCCTGGATAAGCGGCGGGGCCTAAAAAAAAA3'

1.1.-La adenina destacada en amarillo marca el sitio de inicio de la transcripción. Escriba la secuencia de RNAm que esperar encontrar (2 puntos)

Hebra molde: 3'- TCGCGAGATACGGCCTAGGACCTATTCGCCGCCCGGATTTTTTTTT -5'

Hebra codificante: 5'- AGCGCTCTATGCCGGATCCTGGATAAGCGGCGGGGCCTAAAAAAAAA3'

Transcripción: 5'- AGCGCUCUAUGCCGGAUCCUGGAUAAGCGGCGGGGCCUAAAAAAAAA3'

Teniendo en cuenta que el triplete de inicio es AUG y el de termino es UAA, la secuencia de RNAm quedaría de la siguiente manera:

Transcripcion 5'- AUGCCGGAUCCUGGAUAA-3

1.2.- ¿Qué secuencias puede reconocer antes del sitio de inicio y después del sitio de inicio? Indique la función de cada una de ellas (2 puntos)

- Antes del sitio de inicio se encuentran un promotor de inicio, que es donde se juntan los factores de transcripción que permite la union de la ARN polimerasa para comenzar la transcripción. TATA para eucariotas y Pribnow (TATAAT) para bacterias.
- Despues del sitio de inicio se reconocen colas de poli A, que protegen de degradación emzimatica y otorga estabilidad la secuencia de ARNm

1.3.- Escriba el péptido que se puede originar de esta secuencia, Justifique (2 puntos)

AUG|CCG|GAU|CCU|GGA|UAA
Met – Pro – Asp – Pro – Gly

Es un péptido de 5 aminoácidos según el código genético, el último codón es stop

2.- Se ha obtenido el siguiente fragmento de péptido (proteína pequeña):

Glu-His-Trp-Ser-Tyr-Gly-Leu-Arg-Pro-Gly

2.1 ¿Cuál sería una probable secuencia del RNA desde la cual proviene esta proteína? apóyese en la tabla adjunta (2 puntos)

GAG/A – CAC/U – UGG – UCA o AGU/C – UAU/C – GGA – CUA o UUA/G – CGC o AGA/G – CCC –
GGU

2.2 ¿Cuál es la secuencia de DNA (doble hebra) desde la cual proviene esta proteína? Identifique la hebra molde y la hebra codificante, mencione sus características (2 puntos)

Deben indicar la secuencia de las dos hebras de DNA. Basada en la respuesta 2.1

1. **Hebra codificante** solo cambia las U x T en la
2. **La hebra molde** sería complementaria la secuencia de RNA indicada.

2.3 La secuencia de DNA obtenida, ¿puede considerarse un gen? Justifique su respuesta (4 puntos)

No, un gen está constituido por un promotor, una unidad transcripcional (codificante o no codificante) y por una secuencia de término.

3.- Compare brevemente los procesos de replicación transcripción y traducción en una célula procariontes, según el proceso descrito en la siguiente tabla. Escriba solamente en el cuadro asignado. (15 puntos en total, cada cuadro tiene 1 punto)

Procesos	Replicación	Transcripción	Traducción
Función	Duplicar el material genético	Generar los transcritos o mRNA	Síntesis de proteína
Fase de Reconocimiento	Se reconoce el sitio de origen en el ADN	La RNA polimerasa se une a un sitio específico del ADN, en el promotor	El mRNA se une a la subunidad menor del ribosoma
Fase de iniciación	Se reconoce el sitio OriC o de origen. En donde se unen las diferentes proteínas para abrir y mantener las hebras separadas. Formación de Busbuja o estructura Theta	La RNA polimerasa inicia con la síntesis de 2 a 9 nucleótidos	Se unen las 2 subunidades del ribosoma y con apoyo de factores de iniciación se incorpora el N-formil metionil tRNA
Fase de elongación	La polimerización y extensión de la cadena está dada por el DNA polimerasa-III. Una hebra se sintetiza directamente y la otra es retardada (fragmento de Okasaki)	La RNA polimerasa sintetiza la hebra del transcrito y lo va liberando hasta llegar al final del gen	El ribosoma se mueve a lo largo del mRNA y va generando la proteína por transferencia de aminoácido desde el peptidil tRNA a aminoacyl tRNA
Fase de termino	Termina cuando el genoma ha sido completamente duplicado, las ADN polimerasas eliminan los últimos cebadores y las ADN ligasas terminan de unir los fragmentos de Okazaki restantes	Hay una secuencia de terminación que forma un loop y hay proteínas Rho se une a la hebra de transcrito antes de llegar al codón de termino y cuando llega se libera la hebra y la rNA polimerasa	Hay un codón de termino que indica término de la traducción y además factores de término