

Ejercicios – Del ADN a la Proteína

Gisela Belmonte Cruz

Diego Marrero Ferrera

Octubre 2025

Índice

| | |
|--|---|
| 1. Ejercicio 1. Replicación del ADN | 2 |
| 2. Ejercicio 2. Transcripción del ADN a ARN | 3 |
| 3. Ejercicio 3. Traducción del ARNm a proteína | 4 |
| 4. Ejercicio 4. Splicing alternativo | 5 |
| 5. Ejercicio 5. Introducción a las proteínas | 5 |
| 6. Ejercicio 6. Actividad integradora: del ADN a la proteína | 6 |
| 7. Ejercicio hecho a mano | 8 |

1. Ejercicio 1. Replicación del ADN

Objetivo: comprender el mecanismo semiconservativo y las enzimas implicadas.

1. Considera la siguiente secuencia de ADN:

5' - ATG CCG TTA GCT - 3'

3' - TAC GGC AAT CGA - 5'

2. Realiza una ronda de replicación

2.1. Identifica las nuevas hebras que se formarán:

Solución:

TAC GGC AAT CGA

ATG CCG TTA GCT

2.2. Indica la función de helicasa, primasa, ADN polimerasa y ligasa

Solución:

- **Helicasa:** desenrolla la doble hélice y rompe los puentes de hidrógeno entre las bases.
- **Primasa:** sintetiza pequeños fragmentos de ARN (cebadores) para iniciar la síntesis.
- **ADN polimerasa:** incorpora nucleótidos complementarios en dirección 5'→3'.
- **Ligasa:** sella los fragmentos de Okazaki en la hebra retardada.

3. Reflexiona

¿Qué ocurriría si la ADN polimerasa cometiera un error en una base y no se corrigiera?

Solución:

Si la ADN polimerasa comete un error y no lo corrige, se produce una **mutación**. Esta puede ser:

- **Silenciosa:** sin efecto en la proteína.
- **De cambio de sentido:** altera un aminoácido.
- **Sin sentido:** introduce un codón de paro prematuro.

Si ocurre en una región no codificante, el error puede no tener consecuencias.

Extensión con Biopython: Escribe un script que, dada una cadena de ADN, genere automáticamente su hebra complementaria y compara con tu resultado manual. El código de referencia se encuentra en el repositorio [1].

2. Ejercicio 2. Transcripción del ADN a ARN

Objetivo: traducir correctamente la información de la cadena molde.

1. Secuencia de ADN

5' - ATG CCT GAA TGC - 3'

3' - TAC GGA CTT ACG - 5'

2. Identifica cuál es la cadena molde

Solución: La **cadena molde** es la que se lee en dirección 3'→5', es decir:

3' - TAC GGA CTT ACG - 5'

La cadena superior (5'→3') es la cadena codificante o no molde.

3. Obtén el transcrito de ARN correspondiente

Solución: El ARNm se sintetiza complementario a la hebra molde, reemplazando timina (T) por uracilo (U):

5' - AUG CCU GAA UGC - 3'

4. Explica cuál sería la región promotora y cuál la codificante

Solución:

- **Región promotora:** se encuentra antes del inicio de la transcripción; es el sitio de unión de la ARN polimerasa y factores de transcripción, pero no se transcribe.
- **Región codificante:** corresponde a la parte del ADN que se transcribe a ARNm y, posteriormente, se traduce en proteína. En este caso, la secuencia

ATG CCT GAA TGC

corresponde a la región codificante.

Extensión con Biopython: Crea un script que lea un archivo FASTA con ADN y produzca la secuencia de ARNm. El código está disponible en el repositorio [1].

3. Ejercicio 3. Traducción del ARNm a proteína

Objetivo: aplicar el código genético y reflexionar sobre mutaciones.

1. Transcrito de ARN

5' - AUG UAU GCU UAA - 3'

2. Identifica el codón de inicio y el codón de paro

Solución:

- El **codón de inicio** es AUG, que codifica para **metionina (Met)**.
- El **codón de paro** es UAA, que señala el final de la traducción.

3. Traduce la secuencia en aminoácidos

Solución: Dividimos la secuencia en tripletes:

AUG - UAU - GCU - UAA

Traducción:

- AUG → Metionina (Met)
- UAU → Tirosina (Tyr)
- GCU → Alanina (Ala)
- UAA → Codón de paro

Por tanto, la proteína sintetizada sería:

Met - Tyr - Ala

4. Reflexiona sobre posibles mutaciones

Solución:

- Si el codón de inicio AUG mutara a GUG, podría usarse igualmente como codón de inicio (en algunos casos), pero codificaría para **valina (Val)** en lugar de metionina, lo que modificaría el inicio de la proteína.
- Si el codón de paro UAA desapareciera, la traducción continuaría más allá de lo previsto (**proteína más larga**), pudiendo alterar su estructura y función.

Extensión con Biopython: Usa `Bio.Seq` para traducir automáticamente el ARNm y compara con tu traducción manual. El código de ejemplo se encuentra en el repositorio [1].

4. Ejercicio 4. Splicing alternativo

Objetivo: comprender cómo un mismo gen puede generar varias proteínas.

1. Gen de partida con exones

1 - 2 - 3 - 4 - 5

2. Diseña al menos dos combinaciones de splicing

Solución: Ejemplos de posibles isoformas por splicing alternativo:

- 1 - 2 - 4 - 5
- 1 - 3 - 5

3. Explica las diferencias en las proteínas resultantes

Solución: Cada combinación de exones genera un ARNm distinto y, por tanto, una proteína con una secuencia de aminoácidos diferente. Estas diferencias pueden modificar:

- La longitud de la proteína.
- La presencia o ausencia de dominios funcionales.
- Su localización celular o actividad biológica.

4. Reflexiona: ¿por qué este mecanismo aumenta la diversidad proteica?

Solución: El splicing alternativo hace posible que de un solo gen se obtengan varias proteínas distintas. Gracias a esto, el organismo gana más funciones y capacidad de adaptación sin necesidad de tener más genes.

Extensión con Biopython / bases de datos: Busca en Ensembl un gen humano con isoformas (ej. **FGFR2**) y compara transcritos. Los transcritos se encuentran también en la carpeta data del repositorio [1].

5. Ejercicio 5. Introducción a las proteínas

Objetivo: relacionar secuencia, estructura y función.

1. Secuencia de aminoácidos

Met - Ile - Ser - Gly - Val - Lys - His

2. Identifica el extremo N y el extremo C

Solución:

- El extremo **N-terminal** corresponde a la **metionina (Met)**.
- El extremo **C-terminal** corresponde a la **histidina (His)**.

3. Reflexiona

¿Cómo influye el orden de los aminoácidos en la estructura final?

Solución: El orden de los aminoácidos determina la **estructura primaria**, que a su vez condiciona la formación de estructuras secundarias (hélices, láminas), terciarias y cuaternarias. Un cambio en la secuencia puede alterar los pliegues de la proteína y afectar a su función biológica.

¿Qué ocurriría si un aminoácido hidrofóbico se sustituyera por uno hidrofílico en una región interna?

Solución: Si en una zona interna de la proteína (normalmente hidrofóbica) se introduce un aminoácido hidrofílico, esto puede:

- Desestabilizar el núcleo hidrofóbico.
- Alterar el plegamiento correcto de la proteína.
- Provocar pérdida de función o incluso su degradación.

Extensión con bioinformática: Busca en el **PDB** la estructura de una proteína y analiza el efecto de una mutación puntual en el plegamiento. El código de apoyo está centralizado en el repositorio [1].

6. Ejercicio 6. Actividad integradora: del ADN a la proteína

Objetivo: recorrer el dogma central completo.

1. Escoge una secuencia de ADN de un banco de datos

Ejemplo de secuencia:

5' - ATG GCT TTA GGA CCT - 3'
3' - TAC CGA AAT CCT GGA - 5'

2. Paso 1: Replica la secuencia indicando las dos nuevas hebras

Solución: Cada hebra sirve como molde en una replicación semiconservativa.

Las nuevas hebras generadas serían:

Nuevas hebras:

5' - ATG GCT TTA GGA CCT - 3'

3' - TAC CGA AAT CCT GGA - 5'

De este modo se obtienen dos moléculas de ADN idénticas al original.

3. Paso 2: Transcribe la cadena molde en ARNm

Solución: La cadena molde es la que se lee en dirección 3'→5':

3' - TAC CGA AAT CCT GGA - 5'

El transcrito de ARNm (sustituyendo T por U) es:

5' - AUG GCU UUA GGA CCU - 3'

4. Paso 3: Traduce el ARNm en aminoácidos

Solución: Dividimos en tripletes:

AUG - GCU - UUA - GGA - CCU

Traducción:

- AUG → Metionina (Met) [inicio]
- GCU → Alanina (Ala)
- UUA → Leucina (Leu)
- GGA → Glicina (Gly)
- CCU → Prolina (Pro)

Proteína resultante:

Met - Ala - Leu - Gly - Pro

5. Reflexiona: ¿qué punto del proceso es más vulnerable a errores?

Solución: El proceso más vulnerable a errores es la **transcripción**, porque:

- No existen mecanismos de corrección tan robustos como en la replicación.
- Los errores en el ARNm se traducen directamente en proteínas defectuosas.
- Aunque las mutaciones en ADN son permanentes, los errores en transcripción ocurren con mayor frecuencia.

6. Programa un pipeline que realice los tres procesos

Solución: El pipeline debería incluir tres módulos:

1. **Replicación:** generar la hebra complementaria del ADN.
2. **Transcripción:** convertir la hebra molde en ARNm (sustituyendo T por U).
3. **Traducción:** transformar los codones del ARNm en aminoácidos usando el código genético.

Este flujo permitiría recorrer el **dogma central de la biología molecular**.

Extensión con Biopython: El pipeline debe informar de cada paso y producir las tres salidas: hebra complementaria, ARNm y proteína. Los ejemplos están documentados en el repositorio [1].

7. Ejercicio hecho a mano

En esta sección se incluye el ejercicio resuelto a mano (replicación, transcripción y traducción), con el desarrollo realizado en papel.

Referencias

- [1] Gisela Belmonte Cruz (2025). *Repositorio de ejercicios en Python usando el paquete Biopython*. Disponible en: https://github.com/giselabcruz/pa_2_bio

Ejercicio 6. Actividad integradora: del ADN a la proteína.

5'-ATG GCT TTT GAA TGG TAA-3'

1. Replicación (semiconservativa)

Codificante: 5'-ATG GCT TTT GAA TGG TAA-3'

Molde: 3'-TAC CGA AAA CTT ACC ATT-5'

Molécula hija A

Hebra vieja: 5'-ATG GCT TTT GAA TGG TAA-3'

Hebra nueva: 3'-TAC CGA AAA CTT ACC ATT-5'

Molécula hija B

Hebra vieja: 3'-TAC CGA AAA CTT ACC ATT-5'

Hebra nueva: 5'-ATG GCT TTT GAA TGG TAA-3'

2. Transcripción

de la cadena molde a ARNm $\Rightarrow T \rightarrow U$

Molde (ADN): 3'-TAC CGA AAA CTT ACC ATT-5'

ARNm: 5'-AUG GCU UUU GAA UGG UAA

3. Traducción

Del ARNm a los aminoácidos.

ARNm = AUG | GCU | UUU | GAA | UGG | UAA

↓ ↓ ↓ ↓ ↓ ↓

Met Ala Phe Glu Trp STOP

Metionina, Alanina, Fenilalanina, Ácido Glutámico, Triptófano, Stop

M A F E W *

El ARNm coincide con la codificante cambiando T \rightarrow U.

Figura 1: Ejercicio 6 realizado a mano.