

08/11/2023

TEMA 4

APELLIDO:	CALIFICACIÓN:
NOMBRE:	
DNI (registrado en SIU Guaraní):	
E-MAIL:	DOCENTE (nombre y apellido):
TEL:	
AULA:	

Duración del examen: 1:30h. Completar con lapicera, letra clara, mayúscula e imprenta.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13a	13b															
A															Completar en la hoja														
B																													
C																													
D																													
	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33									
A																													
B																													
C																													
D																													

Marcá en la grilla con una CRUZ la opción correspondiente a la respuesta correcta de cada pregunta (Ej: si en la pregunta 1 elegiste la opción A, deberás colocar la cruz en el recuadro A). En todos los casos, marcá una y sólo una opción EN la grilla. En caso de marcar más de una, la respuesta será anulada. Puntaje: preguntas 1 a la 12 valen 0,15 puntos, la pregunta 13 vale 2,2 puntos y de la 14 a la 33, valen 0,3 puntos. Al finalizar la evaluación copia la grilla para controlar tu puntaje.

**1. Los cromosomas pertenecientes a un par homólogo**

- A -Proviene de un mismo progenitor y llevan distintos genes. **Incorrecto. Ambos cromosomas de un par provienen de progenitores distintos y llevan los mismos genes**
- B -Proviene de un mismo progenitor y llevan la misma secuencia de genes. **Incorrecto. Ambos cromosomas de un par provienen de progenitores distintos.**
- C -Son aportados cada uno por un progenitor distinto y llevan la misma secuencia de genes. **Correcto. Cada uno de los cromosomas de un par de homólogos son aportados por otro padre y presentan los mismos genes.**
- D -Proviene cada uno de un progenitor distinto y tienen idéntica información genética. **Incorrecto. Ambos cromosomas tienen los mismos genes pero distintos alelos, o sea, su información no es idéntica.**

**2. Si bien una mutación genética puede llevar a la síntesis de un ARNm con una base cambiada, la proteína resultante no necesariamente presentará cambios. Esto se debe a que el código genético es:**

- A -Redundante o degenerado. **Correcto. La redundancia del código se relaciona con la presencia de codones sinónimo (codones diferentes que codifican para el mismo aminoácido). Puede suceder que la nueva base no modifique el aminoácido para el que codifica el nuevo triplete.**
- B -Universal. **Incorrecto. La universalidad del código implica que todos los seres vivos tengan el mismo código.**
- C -Solapado. **Incorrecto. El código genético no es solapado ya que cada nucleótido pertenece a un solo codón.**
- D -No ambiguo. **Incorrecto. La no ambigüedad del código se debe a que un codón codifica solamente un aminoácido.**

**3. El proceso de traducción corresponde a la síntesis de.....y requiere como sustratos de..... (elegí la opción que incluya los dos términos con los cuales completaría los espacios en blanco):**

- A -ARN a partir de una hebra de ADN / ribonucleótidos trifosfatados. **Incorrecto. La síntesis de ARN a partir de ribonucleótidos trifosfatados es el proceso de transcripción.**
- B -ADN a partir de una hebra de ARN / desoxirribonucleósidos trifosfatados. **Incorrecto. La síntesis de ADN es el proceso de**

**duplicación del ADN. Este proceso se da a partir de otra molécula de ADN que se usa como molde.**

- C -Proteínas a partir de una hebra de ARN / aminoácidos. **Correcto. La traducción es el proceso de síntesis de proteínas a partir de un ARNm y requiere como sustratos a los aminoácidos.**
- D -Proteínas a partir de una hebra de ADN / aminoácidos. **Incorrecto. La traducción o síntesis de proteínas usa un molde de ARNm.**

**4. En el nucléolo de una célula se sintetiza:**

- A -El ARNm que posteriormente madura. **Incorrecto. Los genes que codifican para ARNm se encuentran en el nucleoplasma. En el nucleolo se encuentran los genes para la síntesis de la mayor parte de los ARNr y a su vez se une este ARNr a las proteínas ribosomales.**
- B -El ARNr que se une a las proteínas ribosomales. **Correcto. En el nucléolo se encuentran los genes para la síntesis de la mayor parte de los ARNr y a su vez se ensambla este ARNr con las proteínas ribosomales.**
- C -El ARNt y el ARNr. **Incorrecto. Los genes que codifican para ARNt se encuentran en el nucleoplasma. En el nucléolo se encuentran los genes para la síntesis de la mayor parte de los ARNr y a su vez se une este ARNr a las proteínas ribosomales.**
- D -El ARNr y las histonas. **Incorrecto, los genes que codifican para histonas se encuentran en el nucleoplasma. En el nucleolo se encuentran los genes para la síntesis de la mayor parte de los ARNr y a su vez se une este ARNr a las proteínas ribosomales.**

**5. Se denominan intrones a las secuencias presentes en el ..... que ..... información para la síntesis de la cadena polipeptídica (elegí la opción que incluya los dos términos con los cuales completaría los espacios en blanco)**

- A -ARNm maduro/ no portan. **Incorrecto. Los intrones no están presentes en el ARN maduro, solo en el inmaduro.**
- B -ARNm inmaduro/ no portan. **Correcto. Los intrones son secuencias no codificantes, presentes en el ARNm inmaduro, y que no portan información para la proteína a sintetizarse. Son eliminados durante la maduración del ARN.**
- C -ARNm inmaduro/ portan. **Incorrecto. Los intrones no llevan información para la cadena polipeptídica.**

D -ARNt inmaduro/ portan. **Incorrecto. Los intrones no portan información para la cadena polipeptídica.**

**6. Indicá cuál de las siguientes situaciones respecto del ciclo celular es correcta:**

- A -La cromatina se condensa en forma de cromosomas durante la profase. **Correcto. La cromatina adquiere su máxima condensación manifestándose como cromosomas en la etapa de división celular (M).**
- B -La síntesis de ADN se lleva a cabo en la etapa G2. **Incorrecto. La síntesis de ADN se lleva a cabo durante la etapa S, incluida dentro de la interfase.**
- C -El punto de control de G1 permite el pasaje a la etapa M. **Incorrecto. El punto de control de G1 permite pasar a la etapa S, que corresponde a la duplicación del ADN.**
- D -Las ciclinas mitóticas aumentan durante la metafase mitótica. **Incorrecto. La síntesis de ciclinas mitóticas, que durante la etapa G2, es requisito para la formación del FPM.**

**7. Como resultado de un ciclo celular con división meiótica, se obtendrán:**

- A -Cuatro células hijas haploides. **Correcto. El resultado de la meiosis son cuatro células hijas haploides, distintas entre sí y con respecto a la célula madre.**
- B -Cuatro células hijas idénticas entre sí **Incorrecto. La meiosis es una división en la que se genera variabilidad genética debida al entrecruzamiento, a la segregación de homólogos y de cromátides al azar. Por lo tanto las células hijas serán diferentes entre sí.**
- C -Cuatro células hijas iguales a la célula madre. **Incorrecto. La meiosis es una división reduccional, de manera que las células hijas tendrán la mitad de cromosomas que la célula madre (que es diploide)**
- D -Cuatro células hijas diploides. **Incorrecto. La meiosis es una división reduccional, de manera que las células hijas son haploides.**

**8. ¿Cuáles de los siguientes pares de mecanismos se relacionan con la regulación de la expresión génica en eucariotas?**

- A -Los factores de transcripción y el sistema de operones. **Incorrecto, los operones están relacionados con mecanismo de regulación de la expresión genética en procariontes.**
- B -La formación del Factor Promotor de la Síntesis (FPS) y la metilación de la cromatina. **Incorrecto. El FPS regula el pasaje de G1 a S pero no se relaciona con la expresión de los genes.**
- C -La compactación de la cromatina y el splicing alternativo. **Correcto. Si la cromatina está compactada no se expresa pero si está en estado laxo habrá expresión. El splicing alternativo permite obtener, a partir de un mismo ARNm transcrito primario distintos ARNm maduros y consecuentemente distintas proteínas.**
- D -El splicing alternativo y el sistema de operones. **Incorrecto, los operones están relacionados con mecanismo de regulación de la expresión genética en procariontes.**

**9. Los factores de transcripción se caracterizan porque:**

- A -Permiten llevar a cabo la maduración de los ARNm. **Incorrecto. Los factores de transcripción actúan sobre el ADN, participando del proceso de transcripción y no actúan sobre el transcrito primario durante el proceso de maduración**
- B -Se unen a secuencias reguladoras y permiten compactar la cromatina. **Incorrecto. Se unen a secuencias reguladoras específicas estimulando la transcripción pero no inducen una compactación de la cromatina**
- C -Permiten pasar de la etapa G1 a la etapa S. **Incorrecto. Los factores específicos de la transcripción no participan en la transición entre fases del ciclo celular.**
- D -Pueden unirse a secuencias reguladoras y modificar la síntesis de ARNm y de proteínas. **Correcto. Los factores específicos de transcripción activadores permiten sintetizar más ARNm y por ello más proteínas**

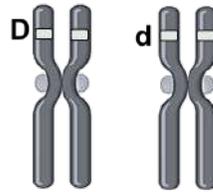
**10. Darwin explicó la evolución biológica basándose en:**

- A -La supervivencia de los organismos físicamente más fuertes. **Incorrecto. De acuerdo a la teoría darwinista, aquellos individuos que tuvieran "variaciones" favorables para determinado ambiente, tendrían más chances de sobrevivir y transmiten esas características a sus descendientes. La fuerza física es una característica más, pero no es la única ni determinante.**
- B -La mayor reproducción de los individuos con mayor adecuación al medio. **Correcto. De acuerdo a la teoría darwinista, aquellos individuos que tuvieran "variaciones" favorables para determinado ambiente, tendrían más chances de sobrevivir y transmitirían esas características a sus descendientes.**
- C -La fuerza vital presente en todos los organismos. **Incorrecto. De acuerdo a la teoría darwinista, aquellos individuos que tuvieran "variaciones" favorables para determinado ambiente, tendrían más chances de sobrevivir y transmitirían esas características a sus descendientes. El concepto de fuerza vital es propio de Lamarck.**
- D -Las variaciones de las frecuencias de alelos de una población. **Incorrecto. De acuerdo a la teoría darwinista, aquellos individuos que tuvieran "variaciones" favorables para determinado ambiente, tendrían más chances de sobrevivir y transmitirían esas características a sus descendientes. La teoría Sintética es la que menciona el rol de las variaciones en las frecuencias alélicas de la población.**

**11. Los cambios ocurridos durante la evolución biológica pueden deberse a la deriva génica. En este caso, las variaciones de las frecuencias génicas se deben a:**

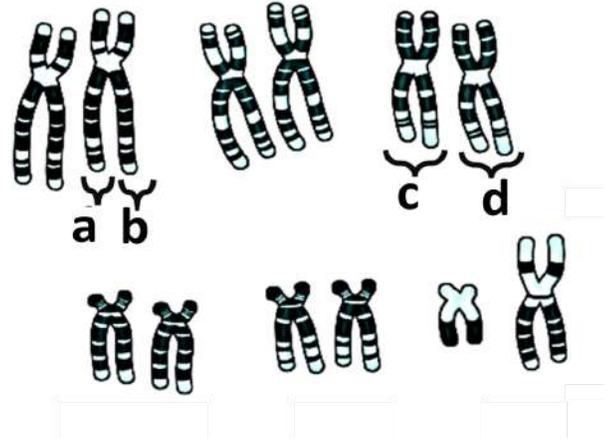
- A -La acción de la selección natural. **Incorrecto. La deriva génica se refiere a cambios en las frecuencias de alelos de una población debida a sucesos aleatorios. La selección natural está mediada por las condiciones del ambiente.**
- B -La acumulación de mutaciones neutras. **Incorrecto. La deriva génica se refiere a cambios en las frecuencias de alelos de una población debida a sucesos aleatorios. Las mutaciones neutras no generan nuevas variantes alélicas, por lo tanto no afectan las frecuencias alélicas.**
- C -Intercambios de alelos entre cromosomas. **Incorrecto. La deriva génica se refiere a cambios en las frecuencias de alelos de una población debida a sucesos aleatorios. Los intercambios de alelos entre cromosomas se denominan entrecruzamiento o crossing-over.**
- D -La acción de procesos azarosos. **Correcto. La deriva génica se refiere a cambios en las frecuencias de alelos de una población debida a sucesos aleatorios de modificaciones en el material genético.**

**12. En cierta especie de animales una enfermedad autosómica recesiva determina la falta de pigmentación. Dado el siguiente individuo, su fenotipo será:**



- A -Pigmentado y no expresará la enfermedad. **Correcto. El fenotipo de este individuo, dado que se trata de un heterocigota, corresponderá a las características del dominante y no del recesivo.**
- B -Pigmentado y expresará la enfermedad. **Incorrecto. El fenotipo de este individuo, dado que se trata de un heterocigota, corresponderá a las características del dominante y no del recesivo.**
- C -Dd. **Incorrecto. D y d representan la dotación genética, es decir el genotipo, pero no el fenotipo**
- D -DdDd. **Incorrecto. D y d representan la dotación genética, es decir el genotipo, pero no el fenotipo**

13. Completá los espacios con líneas de puntos exclusivamente con el/los término/s sugerido/s o de la lista de "pistas". Aclaración: hay términos sobrantes, pero los términos podrán usarse más de una vez. Los ítems a) y b) completos y correctos valen 1,1 puntos cada uno. Cada término utilizado correctamente en ambos ítems vale 0,2 puntos.



La siguiente imagen representa el cariotipo de una célula de un pequeño mamífero recientemente descubierto en la isla de Tasmania.

a- El complemento cromosómico de la célula de esta figura es  $2n = \dots\dots\dots 12$ .

Durante la etapa G2 del ciclo celular esta célula presentará 24 moléculas de

ADN. Si no llegara a actuar el FPS (Factor Promotor de la Síntesis) no se

formarán las estructuras llamadas  $\dots\dots\dots$  cromátides hermanas, a y b.

Tanto la estructura a como la b están formadas por dos cadenas antiparalelas

de nucleótidos.

b- Cada óvulo de esta especie presentará 6 cromosomas simples. Las estructuras c y d, se denominan  $\dots\dots\dots$  cromosomas

homólogos, se separan durante la anafase I. Si este individuo expresara fenotípicamente una característica dominante (relacionada con el

alelo D) y fuera heterocigota para esta característica, sus gametas serán 50 % D y 50% d.

Pistas:

24	cromátides hermanas, b y c	6 cromosomas simples	anafase I
12	dos cadenas antiparalelas de nucleótidos	cromosomas homólogos, a y b	12 cromosomas simples
46	una cadena de nucleótidos cada uno	dos cadenas de nucleótidos paralelas	12 moléculas de ADN
6	50% D y 50% d	50% DD o 50% Dd	100% D o 100% d
metafase I	dos moléculas de ADN	cromátides hermanas a y b	anafase mitótica

14. Seleccionar la secuencia cronológica ordenada en forma correcta relacionada con la transcripción en eucariontes:

- A -Reconocimiento del promotor / reconocimiento del sitio de terminación / agregado de ribonucleótidos al extremo 3' del ARN. **Incorrecto.** La ARN polimerasa reconoce en primer lugar específicamente la secuencia promotora y una vez que se produce la separación de las hebras del ADN lee la hebra molde en dirección 3'-5' y va sintetizando la hebra de ARN complementaria agregando ribonucleótidos al extremo 3' de dicho ARN en crecimiento. La transcripción finaliza una vez que la ARN polimerasa reconoce las secuencias de terminación.
- B -Reconocimiento del promotor / lectura del ADN molde 3'-5' / agregado de ribonucleótidos al extremo 3' del ARN. **Correcto.** La ARN polimerasa reconoce específicamente la secuencia promotora y una vez que se produce la separación de las hebras del ADN lee la hebra molde en dirección 3'-5' y va sintetizando la hebra de ARN complementaria agregando ribonucleótidos al extremo 3' de dicho ARN en crecimiento.
- C -Lectura del ADN molde 3'-5' / reconocimiento del promotor / agregado de ribonucleótidos al extremo 3' del ARN. **Incorrecto.** La ARN polimerasa reconoce en primer lugar específicamente la secuencia promotora y una vez que se produce la separación de las hebras del ADN lee la hebra molde en dirección 3'-5' y va sintetizando la hebra de ARN complementaria agregando ribonucleótidos al extremo 3' de dicho ARN en crecimiento.
- D -Agregado de ribonucleótidos al extremo 3' del ARN / lectura del ADN molde 3'-5' / reconocimiento del promotor. **Incorrecto.** La ARN polimerasa reconoce en primer lugar específicamente la secuencia promotora y una vez que se produce la separación de las hebras del ADN lee la hebra molde en dirección 3'-5' y va sintetizando la hebra de ARN complementaria agregando ribonucleótidos al extremo 3' de dicho ARN en crecimiento.

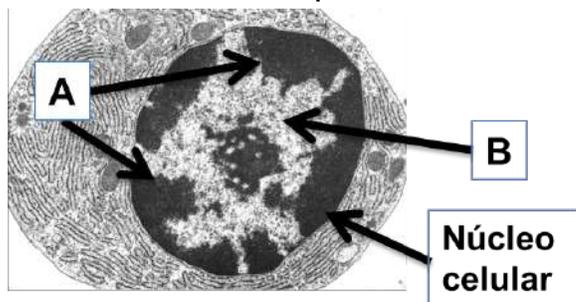
15. El transcripto primario sintetizado a partir de la secuencia de una hebra molde de ADN 3' GGATATTC 5', será:

- A -3' CCTATAAG 5', y se polimeriza en el citoplasma de procariontes. **Incorrecto.** Ya que en lugar de Timina corresponde Uracilo debido a que se trata de una hebra de ARN.
- B -3' CCUAUAAG 5', y se polimeriza en el citoplasma de procariontes. **Incorrecto.** Ya que la dirección de síntesis de un ARN siempre es 5'-3', todos los ARN tendrán esa dirección.
- C -5' CCUAUAAG 3' y se polimeriza en el núcleo de eucariotas. **Correcto.** La molécula de ARNm es complementaria y antiparalela con respecto a la hebra molde de ADN. La transcripción en eucariotas tiene lugar en el núcleo.
- D -5' CCUAUAAG 3', y se polimeriza en el citoplasma de eucariotas. **Incorrecto.** En eucariotas la transcripción tiene lugar dentro del núcleo

16. Entre el núcleo y el citosol se desarrolla un activo transporte de moléculas que incluye:

- A -El ingreso al núcleo de los ARNr. **Incorrecto.** El ARNr deberá salir del núcleo formando parte de las subunidades ribosomales.
- B -El ingreso al núcleo de las proteínas sintetizadas en el REG. **Incorrecto.** Las proteínas que se sintetizan en el REG luego no ingresarán al núcleo
- C -La salida de los ARNt al citosol. **Correcto.** Los ARNt se sintetizan en el núcleo y luego son transportados al citosol.
- D -El transporte de las histonas al citosol. **Incorrecto.** Las histonas se sintetizan en el citoplasma y luego ingresan al núcleo

17. La siguiente microfotografía, similar a la de las tutorías, muestra una célula en la que se observa un gran núcleo celular. Indica la respuesta correcta:



- A - Tanto las estructuras A y B presentan genes que codifican para proteínas y que se expresan. **Incorrecto. Solo la estructura B corresponde a genes que se expresan.**
- B - Tanto las estructuras A y B carecen de genes, dado que no portan información genética. **Incorrecto. Ambas estructuras, A y B, pueden portar genes, pero solo la B se expresa.**
- C - La estructura A presenta genes que no codifican para proteínas o ARN y son accesibles a la ARNpol. **Incorrecto. La estructura A corresponde a la heterocromatina, que está compacta e inaccesible para la ARNpol, por lo tanto no se transcribe.**
- D - La estructura A presenta genes que codifican para proteínas o ARN, pero que son inaccesibles a la ARNpol. **Correcto. La estructura A corresponde a la heterocromatina, que es transcripcionalmente inactiva e inaccesible a la ARN pol, por lo tanto esos genes no se transcriben.**

18. La insulina es una hormona proteica producida por el páncreas, mientras que los anticuerpos son proteínas sintetizadas por células especializadas del sistema inmune. Podemos decir entonces que:

- A - El gen de la hemoglobina está como eucromatina en el páncreas y en las células del sistema inmune. **Incorrecto. La información para la síntesis de hemoglobina deberá ser transcripcionalmente accesible en las células del sistema inmune (donde se expresa) y no en el páncreas (donde no se expresa).**
- B - El gen de la hemoglobina está como heterocromatina en el páncreas y en las células del sistema inmune. **Incorrecto. Para que haya expresión de hemoglobina la información para su síntesis deberá ser transcripcionalmente accesible, es decir, en forma de eucromatina.**
- C - El gen de la insulina está como eucromatina en el páncreas y como heterocromatina en las células del sistema inmune. **Correcto. La información para la síntesis de insulina deberá ser transcripcionalmente accesible en el páncreas (donde se expresa) e inaccesible en las células del sistema inmune (donde no se expresa).**
- D - El gen de la insulina está como eucromatina en el páncreas y en las células del sistema inmune. **Incorrecto. La información para la síntesis de insulina deberá ser transcripcionalmente accesible en el páncreas (se deberá expresar) pero será transcripcionalmente inaccesible en las células del sistema inmune (donde no se expresa).**

19. El splicing alternativo permite obtener:

- A - Distintas proteínas a partir de un mismo gen. **Correcto. Según como se procese el transcrito primario podemos obtener distintas proteínas.**
- B - Distintas proteínas a partir del mismo ARNm maduro. **Incorrecto. A partir de un ARNm maduro se obtiene solamente una proteína. Por splicing alternativo se podrían obtener distintas proteínas a partir del mismo ARNm transcrito primario.**
- C - Distintos transcritos primarios a partir de un mismo gen. **Incorrecto. El transcrito primario es el mismo.**
- D - Distintos ARN de transferencia a partir de un mismo gen. **Incorrecto. El splicing ocurre sobre el ARNm y no sobre el ARNt.**

20. Se determina la secuencia de nucleótidos de un ARNm y se observa que está formado por 80 codones contando desde el inicio al stop inclusive. Por lo tanto, la proteína resultante tendrá:

- A - 79 aminoácidos. **Correcto. Cada codón codifica para un aminoácido, sin embargo el codón stop no codifica para ninguno, por lo tanto la proteína resultante tendrá 79 aminoácidos.**

- B - 80 aminoácidos. **Incorrecto. Cada codón codifica para un aminoácido, sin embargo el codón stop no codifica para ninguno, por lo tanto la proteína resultante tendrá 79 aminoácidos.**
- C - 81 aminoácidos. **Incorrecto. Cada codón codifica para un aminoácido, sin embargo el codón stop no codifica para ninguno, por lo tanto la proteína resultante tendrá 79 aminoácidos.**
- D - 160 aminoácidos. **Incorrecto. Cada codón codifica para un aminoácido, sin embargo el codón stop no codifica para ninguno, por lo tanto la proteína resultante tendrá 79 aminoácidos.**

21. Las proteínas de la cápside del picornavirus se traducen en los ribosomas de la célula infectada, a partir del ARN viral. Esto es posible debido a que el código genético:

- A - Presenta codones sinónimo. **Incorrecto. La presencia de codones sinónimo (codones diferentes que codifican para el mismo aminoácido) permite la síntesis de la misma cadena polipeptídica a partir de distintos ARNm pero esto no se relaciona con el hecho que los ribosomas virales puedan decodificar ARNm virales.**
- B - Tiene solapamiento. **Incorrecto. El código genético no es solapado ya que cada nucleótido pertenece a un solo codón.**
- C - No presenta ambigüedades. **Incorrecto. La no ambigüedad del código se debe a que un codón codifica solamente para un aminoácido.**
- D - Es universal. **Correcto. La universalidad del código implica que es el mismo código para todos los seres vivos pero también para los virus.**

22. Al identificar la secuencia de aminoácidos de dos proteínas integrales de la membrana interna de la mitocondria se pudo observar que ambas proteínas difieren en tan solo 5 aminoácidos. Esto significa que los ARNm que originan dichas proteínas se diferencian:

- A - Como mínimo en 5 ribonucleótidos. **Incorrecto. 5 ribonucleótidos representan menos de 2 codones, con lo cual se podría codificar 1 aminoácido distinto, lo que no alcanza para explicar las diferencias de 5 aminoácidos.**
- B - Como mínimo en 5 codones. **Correcto. Los 5 aminoácidos de diferencia estarán codificados por 5 tripletes distintos. Mientras tanto, en el resto de la estructura de la proteína, podría o no haber diferencias de tripletes que codifiquen para los mismos aminoácidos en vista de la redundancia del código genético.**
- C - Solamente en 5 ribonucleótidos. **Incorrecto. 5 ribonucleótidos representan menos de 2 codones, con lo cual se podría codificar 1 aminoácido distinto, lo que no alcanza para explicar las diferencias de 5 aminoácidos.**
- D - Solamente en 5 codones. **Incorrecto. En vista de que el código genético es redundante, las proteínas podrían tener diferencias también por fuera de los 5 codones y que, sin embargo, la única diferencia a nivel aminoácidos esté en los 5 codones mencionados.**

23. Si en una célula ocurriera una mutación donde se inserta un nucleótido en el codón siguiente al codón de inicio:

- A - No se produce un corrimiento del marco de lectura pero la proteína resultante es diferente. **Incorrecto. Si se adiciona un nucleótido de un codón se produce un corrimiento, de manera que no se leen los mismos codones que si estuviese ese nucleótido, por lo tanto se sintetizará otra proteína.**
- B - Se producirá un corrimiento del marco de lectura de ese gen. **Correcto. Si se adiciona un nucleótido de un codón se produce un corrimiento, de manera que no se leen los mismos codones que si estuviese ese nucleótido, por lo tanto se sintetizará otra proteína.**
- C - La traducción de ese gen produce una proteína idéntica a la del gen sin mutar. **Incorrecto. Si se adiciona un nucleótido de un codón se produce un corrimiento, de manera que no se leen los mismos codones que si estuviese ese nucleótido, por lo tanto se sintetizará otra proteína.**
- D - La mutación resultante es una mutación silenciosa que codifica para la misma proteína. **Incorrecto. Ocurriría esto si se produce una sustitución que resulte en la formación de un codón sinónimo.**

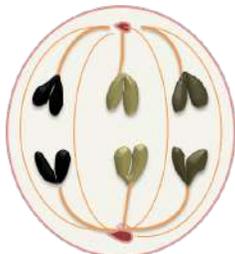
24. Cuando en una célula ocurren daños en el ADN, aumentan los niveles de la p53 o proteína supresora de tumores. Esto lleva a que el ciclo celular se frene en G1 y en consecuencia:

- A - Se bloqueará la síntesis de ciclinas mitóticas. **Incorrecto.** En G1 no actúan las ciclinas mitóticas sino las ciclinas de G1.
- B - Se favorece la formación del FPM (factor promotor de la fase M). **Incorrecto.** En G1 no se forma el FPM sino que se forma el FPS. El FPM se forma en la fase G2.
- C - No se formarán cromátides hermanas. **Correcto.** Si se frena el ciclo celular en G1 se bloquea la síntesis de ADN y por ello la de las cromátides hermanas.
- D - Se formará el FPS (factor promotor de la síntesis). **Incorrecto.** Si se frena el ciclo celular en G1 se impedirá la formación del FPS y en consecuencia no se duplicará el ADN.

25. En una célula epitelial, al finalizar la fase S del ciclo celular:

- A - Se formarán pares de cromosomas homólogos. **Incorrecto.** Los pares de cromosomas homólogos se forman durante la fecundación y formación posterior del cigoto
- B - El contenido de histonas será el doble respecto del de G1. **Correcto.** Durante la fase S se duplica el contenido de histonas junto a la duplicación del ADN.
- C - La ploidía de la célula se incrementará de n a 2n. **Incorrecto.** La ploidía se relaciona con la presencia de cromosomas homólogos y no con la de cromátides hermanas que se forman durante la fase S
- D - Cada cromosoma replicado presentará 2 telómeros. **Incorrecto.** Cada cromosoma duplicado está formado por 2 cromátides y cada cromátide está formada por 2 telómeros.

26. La figura representa a una célula en división celular que se encuentra en:



- A - Metafase I y presenta 3 cromosomas migrando a cada polo. **Incorrecto.** En metafase I se alinean los pares de cromosomas homólogos en el plano ecuatorial.
- B - Anafase I y presenta 3 cromosomas migrando a cada polo. **Incorrecto.** En la anafase I se separan los cromosomas homólogos. En la figura se separan las cromátides y esto sucede en anafase II.
- C - Anafase II y presenta 3 cromosomas migrando a cada polo. **Correcto.** En la anafase II se separan las cromátides. En la figura se observan tres cromosomas de una cromátide cada uno migrando hacia cada polo.
- D - Anafase II y presenta 6 cromosomas migrando a cada polo. **Incorrecto.** Se observan tres cromosomas de una cromátide cada uno migrando hacia cada polo.

27. Si se provee a una célula eucarionte de desoxirribonucleósidos con una marca radiactiva (lo que permite determinar su ubicación) durante la fase S, ¿cómo se distribuirá esta marcación radioactiva en los cromosomas?

- A - En ambas cromátides de cada cromosoma. **Correcto.** Porque la duplicación del ADN es semiconservativa. Cada ADN resultante de la duplicación tiene una hebra nueva (hecha con los nucleótidos marcados) y la otra hebra correspondiente al ADN original.
- B - En una de las cromátides de cada cromosoma. **Incorrecto.** La duplicación del ADN es semiconservativa por lo tanto cada cromátide tendrá una hebra nueva formada por los desoxirribonucleótidos marcados, y la otra hebra pertenece al ADN original que se utilizó como molde.
- C - En segmentos discontinuos distribuidos en las cromátides. **Incorrecto.** La duplicación del ADN genera como producto cadenas nuevas que son continuas ya que los fragmentos de Okazaki se unen mediante la enzima ligasa
- D - En ninguna de las cromátides hijas. **Incorrecto.** En ambas porque la duplicación es semiconservativa.

28. ¿Qué características en común presentan las enzimas ADN polimerasa y ARN polimerasa?

- A - Sintetizan cromátides hermanas. **Incorrecto.** La ADN polimerasa sintetiza cromátides, es decir ADN y la ARN pol sintetiza ARN.
- B - Participan de procesos catabólicos. **Incorrecto.** Ambas participan de procesos anabólicos (la ADN polimerasa de la replicación de ADN y la ARN polimerasa de la transcripción).
- C - Requieren de un primer o cebador para comenzar a actuar. **Incorrecto.** La ADN polimerasa necesita de cebadores pero la ARN polimerasa no.
- D - Sintetizan polinucleótidos a partir de un ácido nucleico que toman como molde. **Correcto.** La ADN polimerasa toma como molde ADN para sintetizar ADN nuevos. La ARN polimerasa toma como molde ADN para sintetizar ARN en la transcripción.

29. Según la Teoría Sintética, la selección natural es un proceso que lleva, entre otros, a:

- A - Las variaciones, debidas a mutaciones, en la secuencia de nucleótidos de los genes. **Incorrecto.** Si bien las mutaciones son el principal motor para generar información genética nueva, no define la selección natural. Esta se define como la reproducción diferencial de los genotipos de una población biológica.
- B - La mayor reproducción de los fenotipos y genotipos con mayor adecuación al medio. **Correcto.** La selección natural se define como la reproducción diferencial de los genotipos de una población biológica y serán seleccionadas las variantes más ventajosas.
- C - Las modificaciones en el pool génico debido a la deriva génica. **Incorrecto.** Si bien la deriva génica está implicada en procesos evolutivos, no se relaciona con la selección natural ya que se trata de un proceso azaroso.
- D - La capacidad de los organismos de adaptarse en relación a sus necesidades fisiológicas. **Incorrecto.** Este sería un concepto Lamarckiano, donde uno se "adapta de acuerdo a lo que necesita" y no se relaciona con la selección natural que se define como la reproducción diferencial de los genotipos de una población biológica.

30. Los virus como el del dengue, con ARN como material genético, están sujetos a procesos evolutivos. Como consecuencia de ello, las secuencias de aminoácidos de las proteínas de la cápside se modificarán. Esto puede ser explicado por

- A - Mutaciones azarosas ocurridas en las proteínas virales. **Incorrecto.** Las mutaciones tienen lugar en el ADN y en el caso de los virus también en el ARN.
- B - Mutaciones no azarosas ocurridas en el ARN viral en respuesta a cambios del entorno. **Incorrecto.** Las mutaciones ocurren en forma aleatoria y no por una necesidad de adaptación al medio.
- C - La necesidad de los virus de adaptarse a nuevos entornos. **Incorrecto.** Las mutaciones ocurren al azar y no por una necesidad de adaptación al medio.
- D - Mutaciones al azar ocurridas en el ARN viral. **Correcto.** Las mutaciones son aleatorias y ocurren en el material genético. En el caso de los virus éste puede ser ADN o ARN. Esas mutaciones podrían conferir a los virus una ventaja adaptativa frente a aquellos que no las tuvieran.

31. Los genes que se denominan ligados al cromosoma X:

- A - Están presentes en el cromosoma Y y ausentes en el X. **Incorrecto.** Los genes ligados al cromosoma X son aquellos que están presentes en el cromosoma X pero se encuentran ausentes en el cromosoma Y. Por lo tanto, para esos genes los machos son hemicigotas.
- B - Están ausentes en los machos dado que presentan un cromosoma Y. **Incorrecto.** Los machos tienen el par de cromosomas sexuales XY. Los genes ligados al cromosoma X estarán solamente presentes en ese cromosoma y ausentes en el Y. Por lo tanto, para esos genes los machos son hemicigotas.
- C - Solamente están presentes en las hembras. **Incorrecto.** Están presentes tanto en hembras (XX) como en machos (XY). Para esos genes, las hembras pueden ser homocigotas o heterocigotas, en cambio los machos serán hemicigotas.
- D - Están presentes en el cromosoma X y ausentes en el Y. **Correcto.** Los genes ligados al cromosoma X son aquellos que están presentes en el cromosoma X pero se encuentran ausentes en el

