Expresión génica: transcripción, traducción, código genético y regulación

Test de 10 preguntas y flashcards de este tema en farmeandopau.com ›

Última revisión: 24 de octubre de 2026.

Escanea y haz el test del tema

LA IDEA EN 30 SEGUNDOS

Un gen se expresa en dos pasos: la **transcripción** (la **ARN polimerasa** copia una hebra de ADN, la **cadena molde**, en ARN, siempre en sentido **5'→3'**) y la **traducción** (el **ribosoma** lee el ARNm de **codón** en codón y los **ARNt** traen los aminoácidos). En eucariotas el ARNm **madura** antes de salir del núcleo: **caperuza**, **cola de poli-A** y **corte y empalme** de intrones. El **código genético** es casi **universal**, **degenerado**, **sin solapamiento** y **sin comas**, con **AUG** de inicio y **UAA, UAG, UGA** de parada. Las células **regulan** qué genes expresan: el **operón lac** en bacterias y la cromatina y los factores de transcripción en eucariotas.

Cronología

1958 — Francis Crick enuncia el dogma central: la información pasa de los ácidos nucleicos a las proteínas y no vuelve

1961 — Nirenberg y Matthaei: un ARN artificial de solo U (poli-U) produce polifenilalanina; UUU codifica Phe

1961 — Jacob y Monod proponen el modelo del operón (Nobel de 1965 con Lwoff)

1968 — Nobel a Holley, Khorana y Nirenberg por descifrar el código genético

1970 — Temin y Baltimore descubren la transcriptasa inversa en retrovirus (Nobel de 1975)

1977 — Sharp y Roberts descubren los genes fragmentados: exones e intrones (Nobel de 1993)

1993 — Ambros y su equipo describen el primer microARN (lin-4) en el gusano C. elegans (Nobel de 2024 con Ruvkun)

1998 — Fire y Mello descubren el ARN de interferencia (Nobel de 2006)

1 Del gen a la proteína: el dogma central

Un **gen** es un fragmento de ADN que lleva la información para fabricar un ARN o una proteína. Expresar un gen es usar esa información. El esquema general lo formuló Francis Crick en 1958 con el nombre de **dogma central de la biología molecular**.

- **Replicación** (ADN → ADN): copia el genoma antes de dividirse la célula (Tema 15).
- **Transcripción** (ADN → ARN): una hebra del gen sirve de molde para fabricar ARN. En eucariotas ocurre en el **núcleo**; en procariotas, en el **citoplasma**.
- **Traducción** (ARNm → proteína): el ribosoma lee la secuencia de bases del ARNm y la convierte en una secuencia de aminoácidos.
- **Excepciones** (las «modificaciones» del dogma que citan las orientaciones de Extremadura y que han preguntado Castilla-La Mancha, Madrid o Cataluña): la **transcripción inversa** (ARN → ADN) de los **retrovirus** como el VIH, con la enzima **transcriptasa inversa** (Temin y Baltimore, 1970); la **replicación**

del ARN (ARN → ARN) en muchos virus de ARN, con una ARN replicasa; y los **priones**, proteínas que propagan su forma anómala sin ácidos nucleicos (Tema 19). Ojo: los priones transmiten una **forma**, no una secuencia, así que en sentido estricto no contradicen el dogma; los libros de Bachillerato los suelen citar como excepción.

- Lo que **no** se ha visto nunca es el paso de proteína a ácido nucleico: la secuencia de una proteína no se «retrotraduce».

ARN mensajero (ARNm)

Copia de un gen que lleva la secuencia de codones hasta el ribosoma.

ARN de transferencia (ARNt)

Lleva cada aminoácido al ribosoma; su **anticodón** se aparea con el codón. Estructura en hoja de trébol (Tema 8).

ARN ribosómico (ARNr)

Forma el ribosoma junto con proteínas; el de la subunidad mayor cataliza el enlace peptídico.

ARN pequeños reguladores

MicroARN y ARN de interferencia (siARN): apagan ARNm concretos (última sección). Otros: ARN pequeños nucleares (ARNsn) del espliceosoma.

2 Transcripción en procariotas

Es el modelo que piden todas las comunidades. En una bacteria hay **una sola ARN polimerasa**, que no necesita cebador y usa ribonucleótidos trifosfato (ATP, GTP, CTP, UTP).

- La ARN polimerasa **lee la cadena molde en sentido 3'→5'** y **fabrica el ARN en sentido 5'→3'**, añadiendo cada nucleótido al extremo 3'-OH. El ARN es **complementario y antiparalelo** a la molde, con **U** en lugar de T.
- La otra hebra se llama **cadena codificante** (o informativa): tiene la **misma secuencia que el ARN** (con T en vez de U) y la misma orientación. Es la que suele darse en los problemas como «secuencia del gen».
- El **promotor** es la secuencia de ADN, justo antes del inicio del gen, a la que se une la ARN polimerasa. En *Escherichia coli* tiene dos secuencias típicas, hacia las posiciones **−35** y **−10** (la caja de Pribnow, TATAAT); la base +1 es la primera que se copia.
- El **factor σ (sigma)** es la subunidad que reconoce el promotor. ARN polimerasa núcleo + factor σ = **holoenzima**. Tras el inicio, el factor σ se separa.
- La **terminación** la marca el **terminador**: una secuencia que, al copiarse, forma en el ARN una **horquilla** rica en G y C seguida de varias U (terminación intrínseca), o bien la acción de la proteína **Rho**.
- En bacterias **transcripción y traducción van a la vez**: no hay núcleo, y los ribosomas empiezan a traducir el extremo 5' del ARNm mientras aún se está fabricando (lo preguntó Asturias en 2025 con un esquema).

Iniciación

La holoenzima (con el factor σ) reconoce el **promotor**, abre un tramo corto de la doble hélice (la burbuja de transcripción) y une los primeros ribonucleótidos.

→

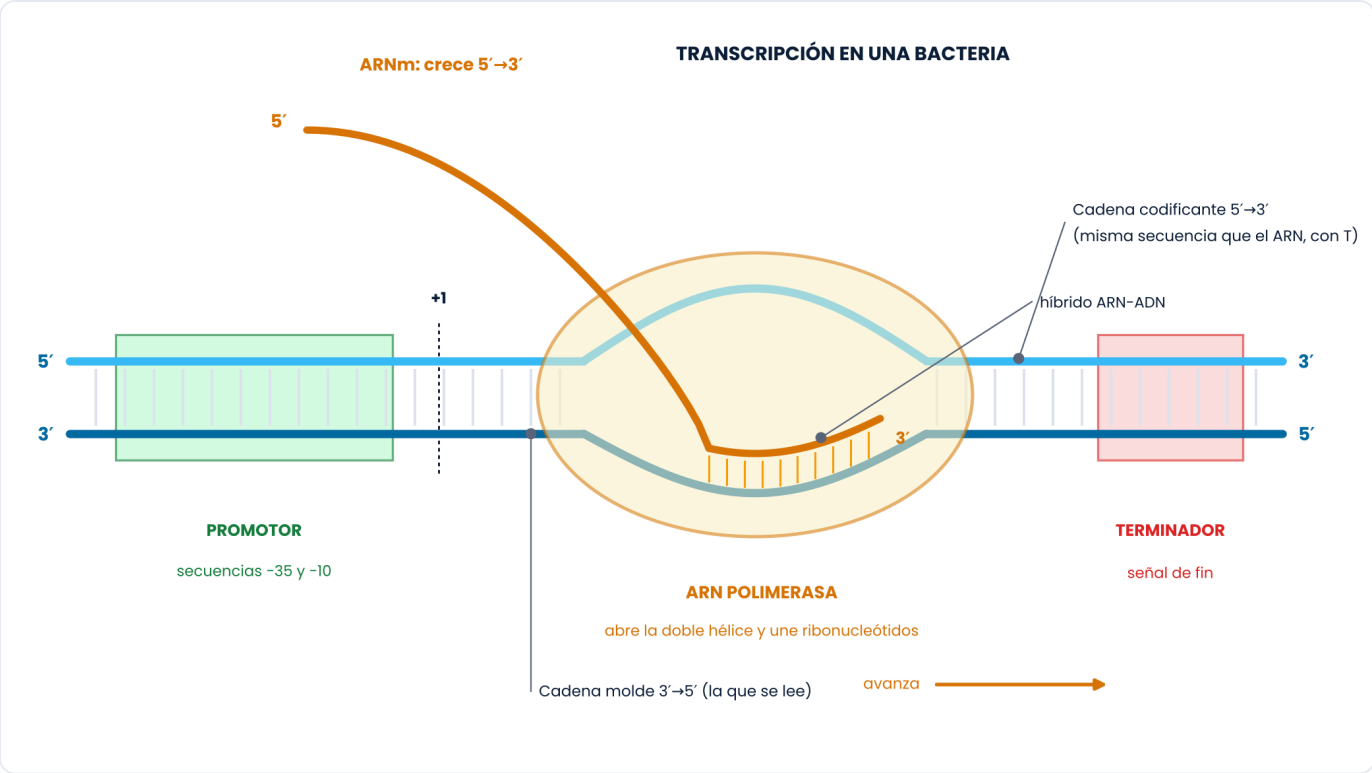
Elongación

La ARN polimerasa avanza, desenrolla el ADN por delante y lo vuelve a cerrar por detrás. El ARN crece **5'→3'** y se separa de la molde salvo un corto **híbrido ARN-ADN**.

→

Terminación

Al llegar al **terminador**, la polimerasa se detiene y se suelta del ADN y del ARN. En bacterias el ARNm no necesita maduración.



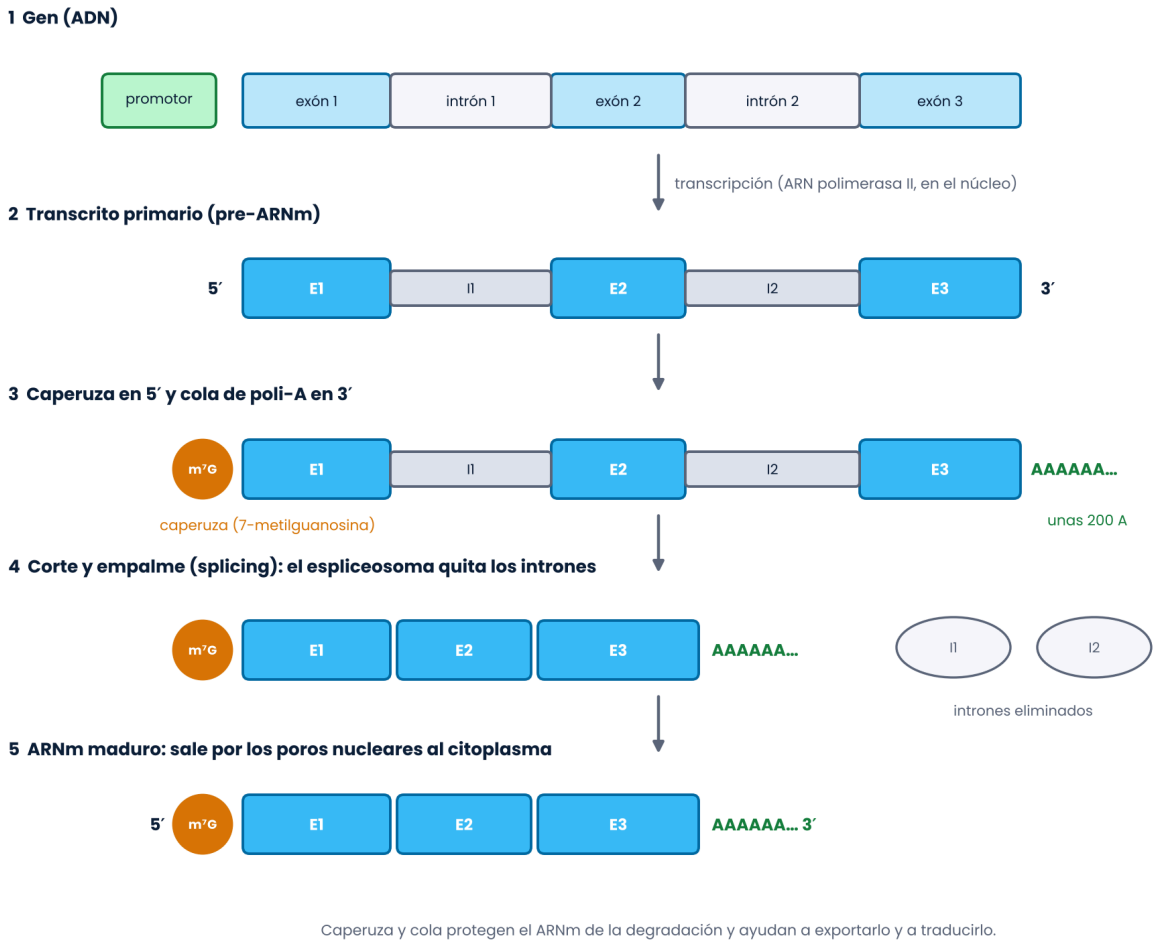
Transcripción en una bacteria. La ARN polimerasa abre la doble hélice tras unirse al **promotor**, lee la **cadena molde 3'→5'** y fabrica el **ARN 5'→3'**, que tiene la secuencia de la **cadena codificante** con U en lugar de T. Termina en el **terminador**.

3 Transcripción en eucariotas y maduración del ARNm

- Hay **tres ARN polimerasas** en el núcleo: la **I** fabrica la mayoría de los ARNr (28S, 18S y 5,8S, en el **nucléolo**), la **II** fabrica los **ARNm** (y la mayoría de los ARN pequeños nucleares y los microARN) y la **III** fabrica los **ARNt** y el ARNr 5S. Mitocondrias y cloroplastos tienen la suya.
- La ARN polimerasa II no reconoce sola el promotor: necesita **factores de transcripción** generales (uno de ellos reconoce la **caja TATA**, unas 25–30 bases antes del inicio). La actividad del gen la ajustan **potenciadores** y **silenciadores**, secuencias que pueden estar lejos.
- Los genes eucariotas son **fragmentados**: alternan **exones** (se conservan en el ARNm maduro) e **intrones** (se eliminan). Los procariotas son **continuos**.
- El primer ARN que sale es el **transcrito primario** o **pre-ARNm** (a veces llamado ARN heteronuclear, ARNhn). Antes de salir del núcleo **madura**:
- **Caperuza en 5'**: una **7-metilguanosina** unida por un enlace 5'-5' especial. Protege el ARNm de la degradación y es la señal que reconoce el ribosoma para empezar.
- **Cola de poli-A en 3'**: se corta el transcrito tras una señal (AAUAAA) y se añaden unas **200 adeninas**. Estabiliza el ARNm y ayuda a exportarlo y a traducirlo.
- **Corte y empalme** (*splicing*): el **espliceosoma** (ARN pequeños nucleares + proteínas) corta los intrones (casi todos empiezan por GU y acaban en AG) y une los exones. Con el **corte y empalme alternativo**, un mismo gen da **varias proteínas** combinando exones distintos.
- En la realidad estas tres modificaciones se hacen **mientras** se transcribe; en el examen se cuentan como pasos.

Cuánto detalle te piden

Andalucía pide el proceso general de la maduración (caperuza y cola de poli-A) «sin necesidad de describirlo detalladamente»; Asturias, saber que hay intrones, exones y *splicing* «sin describir el proceso»; Baleares, saber que existen factores de transcripción, intrones y exones «sin entrar en detalles». **Madrid**, **Castilla-La Mancha** y **Murcia** sí piden explicar la maduración (caperuza, cola de poli-A y corte y empalme), y Castilla-La Mancha nombra la **ARN polimerasa II**.



Maduración del ARNm eucariota. El transcrito primario recibe la **caperuza** (7-metilguanosina) en 5' y la **cola de poli-A** en 3'; el **espliceosoma** elimina los **intrones** y une los **exones**. Solo el ARNm maduro sale por los poros nucleares.

4 El código genético

El **código genético** es la regla que relaciona cada **codón** (grupo de **tres bases** consecutivas del ARNm) con un aminoácido. Con 4 bases hay 4^3 = **64 codones**: **61** codifican aminoácidos y **3** son de parada. Lo descifraron entre 1961 y 1966 Nirenberg, Matthaei, Khorana y otros; **Severo Ochoa** (Nobel de 1959 con Kornberg) descubrió la enzima con la que se fabricaron los ARN artificiales de esos experimentos, y su grupo asignó también varios codones.

- **Universal**: lo usan casi todos los seres vivos, de las bacterias a las personas; por eso una bacteria puede fabricar insulina humana. **Con excepciones**: las mitocondrias y algunos microorganismos leen algunos codones de otra forma (en las mitocondrias de vertebrados, UGA codifica triptófano en vez de parada).
- **Degenerado** (o redundante): casi todos los aminoácidos tienen **varios codones** (la leucina, seis). Solo **metionina (AUG)** y **triptófano (UGG)** tienen uno. Casi siempre la diferencia está en la **tercera base**: por eso muchas mutaciones en ella son **silenciosas**.

- **No ambiguo** (específico): cada codón significa **un solo** aminoácido.
- **Sin solapamiento**: cada base pertenece a un solo codón.
- **Sin comas** (continuo): se lee seguido, sin bases de separación, a partir de un punto fijo. Por eso añadir o quitar una base **cambia el marco de lectura** de todo lo que viene detrás (Tema 17).
- **Codón de inicio**: **AUG** (metionina; en bacterias, formilmetionina). **Codones de parada** (sin sentido o «mudos»): **UAA, UAG y UGA**; no tienen ARNt, los reconocen los factores de liberación.
- El ARNm se lee **5'→3'** y la proteína crece del **extremo amino (NH_2)** al **extremo carboxilo (COOH)**: el primer codón da el aminoácido N-terminal.

Cómo se resuelve un problema de código genético

1) Identifica la **cadena molde** (la que, leída 3'→5', da un AUG). 2) Escribe el **ARNm 5'→3'**, complementario a la molde, con U. 3) Busca el **primer AUG** desde el 5' y separa en codones a partir de él. 4) Traduce con la tabla hasta el primer **codón de parada**. 5) Escribe la proteína **NH_2-…-COOH**. En Madrid 2025 la secuencia empezaba por CGAA y la proteína empezaba en el AUG de la posición 5: Met-Val-Trp-Gly-Leu-Thr-Pro.

SEGUNDA BASE

PRIMERA BASE (5')	U		C		A		G		TERCERA BASE (3')
U	UUU	Phe	UCU	Ser	UAU	Tyr	UGU	Cys	U
	UUC	Phe	UCC	Ser	UAC	Tyr	UGC	Cys	C
	UUA	Leu	UCA	Ser	UAA	parada	UGA	parada	A
	UUG	Leu	UCG	Ser	UAG	parada	UGG	Trp	G
C	CUU	Leu	CCU	Pro	CAU	His	CGU	Arg	U
	CUC	Leu	CCC	Pro	CAC	His	CGC	Arg	C
	CUA	Leu	CCA	Pro	CAA	Gln	CGA	Arg	A
	CUG	Leu	CCG	Pro	CAG	Gln	CGG	Arg	G
A	AUU	Ile	ACU	Thr	AAU	Asn	AGU	Ser	U
	AUC	Ile	ACC	Thr	AAC	Asn	AGC	Ser	C
	AUA	Ile	ACA	Thr	AAA	Lys	AGA	Arg	A
	AUG	Met	ACG	Thr	AAG	Lys	AGG	Arg	G
G	GUU	Val	GCU	Ala	GAU	Asp	GGU	Gly	U
	GUC	Val	GCC	Ala	GAC	Asp	GGC	Gly	C
	GUA	Val	GCA	Ala	GAA	Glu	GGA	Gly	A
	GUG	Val	GCG	Ala	GAG	Glu	GGG	Gly	G

AUG: metionina y codón de inicio

UAA, UAG, UGA: codones de parada (sin aminoácido)

Tabla del código genético estándar (codones del ARNm, 5'→3'). Se busca la **primera base** a la izquierda, la **segunda** arriba y la **tercera** a la derecha. En verde, **AUG** (inicio y metionina); en rojo, los tres **codones de parada**. En el examen te la dan: lo que tienes que saber es usarla.

5 La traducción

La traducción ocurre en los **ribosomas**: dos subunidades de ARNr y proteínas, **70S** (50S + 30S) en procariotas y **80S** (60S + 40S) en el citosol de los eucariotas (Tema 11). El ribosoma tiene tres sitios para los ARNt: **A** (entra el aminoacil-ARNt), **P** (ARNt con la cadena en crecimiento) y **E** (salida).

- Cada enlace peptídico cuesta al menos **cuatro enlaces ricos en energía**: dos en la activación (ATP → AMP) y dos GTP en la elongación (Nelson y Cox, *Lehninger*).
- Un mismo ARNm lo leen a la vez **varios ribosomas**, separados unos de otros: es un **polisoma** (polirribosoma). Así se fabrican muchas copias de la proteína a la vez.
- Los ribosomas **libres** del citosol fabrican proteínas para el citosol, el núcleo, las mitocondrias y los peroxisomas; los del **RER** fabrican las de **secreción**, las de membrana y las de los lisosomas (lo pidió Madrid en 2025).

1 0 · Activación de los aminoácidos

En el citosol, cada **aminoacil-ARNt sintetasa** (hay una por aminoácido) une su aminoácido al extremo 3' (CCA) de su ARNt, gastando **ATP** (ATP → AMP + PPi). Resultado: el **aminoacil-ARNt**.

2 1 · Iniciación

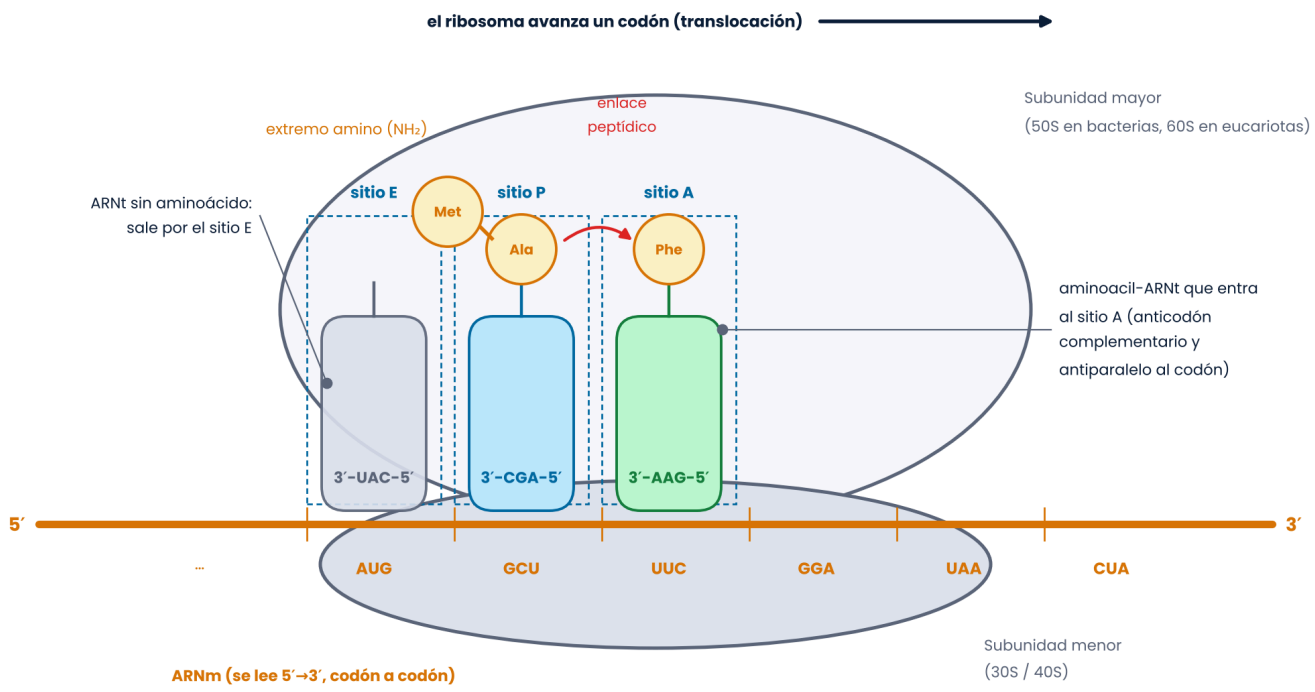
La **subunidad menor** se une al ARNm (en bacterias, a la secuencia de **Shine-Dalgarno**; en eucariotas, a la **caperuza**, y avanza hasta el primer AUG). El ARNt iniciador (**formilmetionina** en bacterias, **metionina** en eucariotas) se aparea con el **AUG** en el sitio P. Se une la **subunidad mayor**. Intervienen **factores de iniciación** y **GTP**.

3 2 · Elongación

Entra en el **sitio A** el aminoacil-ARNt cuyo **anticodón** es complementario y antiparalelo al codón. La **peptidil transferasa** —que es el **ARNr** de la subunidad mayor, una **ribozima**— forma el **enlace peptídico**: la cadena pasa al ARNt del sitio A. El ribosoma avanza **un codón** hacia el 3' (**translocación**); el ARNt vacío sale por el **sitio E**. Gasta GTP (factores de elongación).

4 3 · Terminación

Cuando llega un **codón de parada** (UAA, UAG, UGA) al sitio A, no entra ningún ARNt sino un **factor de liberación**. Se hidroliza el enlace entre la cadena y el último ARNt, se libera la proteína y las subunidades se separan.



Elongación de la traducción. El ARNm se lee **5'→3'**. En el **sitio P** está el ARNt con la cadena (Met-Ala); al **sitio A** llega el aminoacil-ARNt de fenilalanina (anticodón 3'-AAG-5' frente al codón 5'-UUC-3'). La peptidil transferasa pasa la cadena al aminoácido del sitio A y el ribosoma avanza un codón; el ARNt vacío sale por el **sitio E**.

6 Procariotas frente a eucariotas, y qué pasa después

- La cadena recién hecha aún no es funcional. Las **modificaciones postraduccionales** la terminan:
- **Plegamiento** en su estructura tridimensional, a menudo con ayuda de **chaperonas**, y formación de **puentes disulfuro**.
- **Cortes**: se quita la metionina inicial o un fragmento entero (la **proinsulina** pierde un trozo y queda la **insulina** activa) o el **péptido señal** de las proteínas que entran en el RER.
- **Adición de grupos**: **glucosilación** en el RER y el aparato de Golgi (glucoproteínas), **fosforilación** (activa o desactiva enzimas), acetilación, unión de lípidos o de grupos prostéticos.
- Unión de subunidades (estructura cuaternaria) y, al final de su vida, **marcaje con ubiquitina** para que el **proteasoma** la degrade.

	Procariotas	Eucariotas
Dónde se transcribe	Citoplasma (nucleoide)	Núcleo (y mitocondrias y cloroplastos)
ARN polimerasas	Una (con factor σ)	Tres nucleares (I, II y III) + factores de transcripción
Genes	Continuos; varios genes en un **operón**	Fragmentados (exones e intrones); cada gen, su promotor
ARNm	**Policistrónico**: varias proteínas	**Monocistrónico**: una proteína
Maduración	No (el ARNm sale listo)	Caperuza, cola de poli-A y corte y empalme
Transcripción y traducción	Simultáneas	Separadas en el espacio y el tiempo

	Procariotas	Eucariotas
Ribosomas	70S (50S + 30S)	80S (60S + 40S) en el citosol
Primer aminoácido	Formilmetionina	Metionina

Murcia lo pide con este vocabulario: genes procariotas «continuos y policistrónicos» frente a eucariotas «fragmentados y monocistrónicos».

7 Regulación en procariotas: los operones

Una bacteria no fabrica todas sus proteínas siempre: las enzimas para usar un azúcar solo le compensan si ese azúcar está presente. Jacob y Monod (1961) lo explicaron con el **operón**: un grupo de **genes estructurales** seguidos, con un **promotor** y un **operador** comunes, que se transcriben juntos en **un solo ARNm policistrónico**. Lo controla un **gen regulador**, que fabrica una proteína **represora**.

- **Operón lac** de *E. coli* (**inducible**): genes **lacZ** (β-galactosidasa, rompe la lactosa en glucosa y galactosa), **lacY** (permeasa, mete la lactosa) y **lacA** (transacetilasa). El gen regulador **lacI** fabrica siempre el represor.
- **Sin lactosa**: el **represor activo** se une al **operador** y la ARN polimerasa no puede transcribir los genes estructurales. El operón está apagado.
- **Con lactosa**: la lactosa (en realidad su isómero, la **alolactosa**, que actúa como **inductor**) se une al represor, que **cambia de forma** y se suelta del operador. La ARN polimerasa transcribe lacZ, lacY y lacA.
- Además hay un **control positivo**: con **poca glucosa**, la proteína **CAP** unida al **AMP cíclico** facilita que la ARN polimerasa se una al promotor. Por eso el operón se expresa mucho solo si hay lactosa **y** falta glucosa, el azúcar preferido.
- **Operón trp** (**represible**): fabrica las enzimas que sintetizan el **triptófano**. El represor se fabrica **inactivo**; cuando sobra triptófano, este se une al represor (actúa como **correpresor**), lo activa y apaga el operón. Lógica: no fabricar lo que ya tienes.
- En el examen basta con el lac (Andalucía, Asturias, Castilla-La Mancha, Comunitat Valenciana, Galicia); Castilla-La Mancha acepta también el triptófano. Cataluña pregunta por operones con genes nuevos (el **phaCAB** de 2026): aplica la misma lógica.

Operón lac

inducible (catabólico)

- Degrada la lactosa
- Represor **activo** por sí solo
- La lactosa (alolactosa) lo **inactiva** → se enciende
- Apagado por defecto

Operón trp

represible (anabólico)

- Sintetiza triptófano
- Represor **inactivo** por sí solo
- El triptófano (correpresor) lo **activa** → se apaga
- Encendido por defecto

PREGUNTA RESUELTA

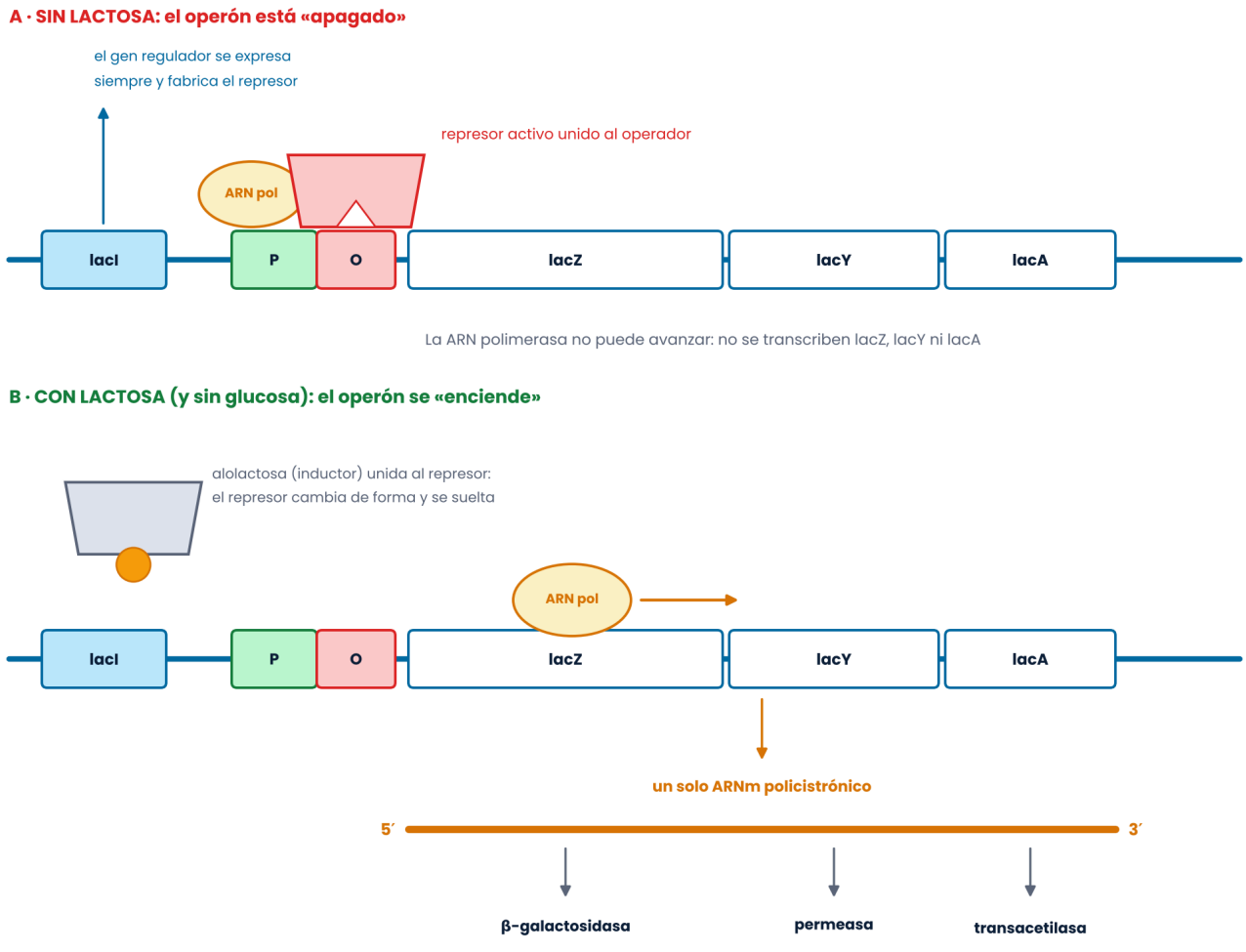
Andalucía (2026, reserva 2), Ejercicio 3, opción 2: «d) Defina el operón de la lactosa e indique en qué tipo celular de los representados en la imagen se localiza [0,4]. e) Explique cómo funciona dicho operón en ausencia y en presencia de lactosa [0,4].» [Figura: una célula vegetal (A), una bacteria (B) y una célula animal (C)]

Respuesta modelo

d) El operón de la lactosa es un **sistema de regulación de la transcripción** de un conjunto de **genes estructurales** (lacZ, lacY y lacA) que codifican las enzimas del **metabolismo de la lactosa** y que se **induce en presencia de ese sustrato**. Los genes comparten promotor y operador y se transcriben en un único ARNm. Está en la **célula B, la procariota** (bacteria).

e) **Sin lactosa**, el gen regulador fabrica un **represor activo** que se une al **operador**; la ARN polimerasa no puede transcribir los genes estructurales y no se fabrican las enzimas. **Con lactosa**, esta (como alolactosa) se une al represor y lo **inactiva**: el represor ya no puede unirse al operador, la ARN polimerasa transcribe los genes y se fabrican la β-galactosidasa, la permeasa y la transacetilasa.

Por qué puntúa. Los criterios dan 0,1 por cada idea: «sistema de regulación de la transcripción», «genes del metabolismo de la lactosa», «se induce en presencia del sustrato», «tipo celular B (procariota)»; y en e), represor unido al operador, la ARN polimerasa no transcribe, la lactosa se une al represor, el represor inactivo no se une al operador.



El operón lac. A: sin lactosa, el **represor** (fabricado por **lacI**) está unido al **operador** (O) y bloquea la transcripción. B: con lactosa, el **inductor** (alolactosa) inactiva el represor y la ARN polimerasa transcribe desde el **promotor** (P) un **ARNm policistrónico** que da tres enzimas. Con glucosa abundante el operón apenas se expresa (control por CAP-AMPc, no dibujado).

8 Regulación en eucariotas, epigenética y diferenciación

Todas las células de tu cuerpo tienen **los mismos genes** (salvo excepciones, como los glóbulos rojos maduros, que pierden el núcleo). Una neurona y un adipocito son distintos porque **expresan genes distintos**: eso es la **diferenciación celular**, que depende de la **regulación de la expresión génica**. En eucariotas se regula en muchos niveles (Murcia pide cinco):

- **Epigenética**: cambios **heredables** en la expresión de los genes **sin cambiar la secuencia** del ADN (metilación del ADN, modificaciones de las histonas). Se mantienen al dividirse la célula y explican que la diferenciación sea estable; dependen también del ambiente (dieta, tabaco). Entran en Madrid (novedad 2026–27), Murcia, La Rioja y Cataluña.
- **MicroARN** (unos 22 nucleótidos): los codifica la propia célula; se unen a ARNm con secuencia parecida y **frenan su traducción** o provocan su degradación. Los describieron Ambros y Ruvkun (Nobel de Medicina 2024).
- **ARN de interferencia** (siARN): un ARN de doble cadena que la enzima **Dicer** corta en trozos; uno de ellos guía un complejo proteico (RISC) hasta el ARNm **perfectamente complementario**, que se **destruye** (Fire y Mello, Nobel 2006). Se usa para apagar genes en el laboratorio y en algunos fármacos. Solo lo piden de forma expresa Castilla-La Mancha y Murcia.
- En Canarias la regulación y la diferenciación están marcadas como **no evaluables** (saber II.5 en rojo).

1 · Cromatina

La **heterocromatina** (condensada) no se transcribe; la **eucromatina** (laxa), sí. La **acetilación de histonas** abre la cromatina y activa genes; la **metilación del ADN** (en citosinas de las secuencias CG) los silencia.

2 · Transcripción

Factores de transcripción específicos se unen a **potenciadores** o **silenciadores** y activan o frenan la ARN polimerasa II. Las hormonas esteroideas entran en la célula y su receptor actúa como factor de transcripción; las proteicas actúan desde la membrana a través de segundos mensajeros.

3 · Maduración del ARNm

El **corte y empalme alternativo** da distintas proteínas a partir del mismo gen según el tejido.

4 · Traducción y estabilidad del ARNm

Transporte al citoplasma, vida media del ARNm y bloqueo de la traducción por **microARN** y **ARN de interferencia**.

5 · Después de la traducción

Activación por cortes o fosforilación, y degradación en el **proteasoma**.

9 Problema resuelto: del ARNm a la proteína y una mutación

CASTILLA-LA MANCHA · PAU 2026 ORDINARIA · PREGUNTA 1 (OBLIGATORIA)

Dado el siguiente fragmento de ARNm de una célula eucariota:

5' AUGAUUUGCCAAGUAUGCGAA…3'

[El examen da la tabla del código genético.]

a) Escriba la secuencia de aminoácidos codificada por el fragmento de ARNm dado. (0,5 puntos)

b) A partir del fragmento de ARNm dado, obtenga la secuencia de bases nitrogenadas de la hebra molde del ADN y de su complementaria. (0,5 puntos)

c) En la secuencia de la hebra de ADN de la que se ha obtenido el fragmento de ARNm propuesto, tiene lugar una mutación puntual en la posición 9, cambiando la base existente por una timina. Indique el nuevo triplete formado del ADN y su correspondiente codón en el ARNm tras la mutación. ¿Cómo afectará a la proteína resultante? (0,5 puntos)

d) ¿Cómo se llama la enzima que lleva a cabo la síntesis de ARNm a partir de ADN? Explique cómo se obtiene el ARNm maduro a partir del transcrito primario. (0,5 puntos)

Apartado a)

1. Separamos en codones desde el extremo 5' (el fragmento empieza por AUG): AUG AUU UGC CAA GUA UGC GAA.
2. Con la tabla: AUG = Met, AUU = Ile, UGC = Cys, CAA = Gln, GUA = Val, UGC = Cys, GAA = Glu.
3. La proteína se escribe del extremo amino al carboxilo, en el mismo orden en que se leen los codones.

SOLUCIÓN NH_2-Met-Ile-Cys-Gln-Val-Cys-Glu...-COOH

Apartado b)

1. La **hebra molde** es complementaria y antiparalela al ARNm (A→T, U→A, G→C, C→G): 3'-TAC TAA ACG GTT CAT ACG CTT...-5'.
2. Su **complementaria** (la codificante) tiene la secuencia del ARNm con T: 5'-ATG ATT TGC CAA GTA TGC GAA...-3'.

SOLUCIÓN Molde 3'-TACTAAACGGTTCATACGCTT...-5'; complementaria 5'-ATGATTTGCCAAGTATGCGAA...-3'.

Apartado c)

1. La hebra de la que se obtiene el ARNm es la **molde**. Contamos desde su extremo 3': T(1) A(2) C(3) T(4) A(5) A(6) A(7) C(8) **G(9)**.
2. La G de la posición 9 pasa a T: el tercer triplete, ACG, se convierte en **ACT**.
3. El codón del ARNm, que antes era UGC (Cys), pasa a ser **UGA**: un **codón de parada**.
4. Es una **mutación sin sentido**: la traducción se detiene en el tercer codón y solo se forma el dipéptido Met-Ile. La proteína queda **truncada** y casi seguro no será funcional.

SOLUCIÓN Triplete ACT; codón UGA (parada): proteína incompleta, terminada tras Met-Ile.

Apartado d)

1. La enzima es la **ARN polimerasa**; al ser eucariota y fabricar ARNm, la **ARN polimerasa II**.
2. El transcrito primario madura en el núcleo: se añade la **caperuza** (7-metilguanosina) en 5', la **cola de poli-A** en 3' y el **espliceosoma** elimina los **intrones** y une los **exones** (corte y empalme o *splicing*).

SOLUCIÓN ARN polimerasa II; maduración por caperuza, cola de poli-A y corte y empalme de intrones.

Lo que puntúa. Criterios oficiales: en a) «el apartado no se considera completamente correcto si no ponen los extremos» (NH_2 y COOH); en b), 0,25 por cada hebra, con su sentido; en c), 0,25 por ACT y UGA y 0,25 por explicar que la síntesis termina prematuramente; en d), 0,25 por la enzima y 0,25 por el corte y empalme.

Error típico que te quita puntos. Contar la posición 9 en la hebra complementaria o en el ARNm en vez de en la hebra molde, que es «la hebra de ADN de la que se ha obtenido el fragmento de ARNm».

10 Problema resuelto: una mutación silenciosa

El mismo tipo de problema en Baleares, con dos hebras dadas: lo primero es saber cuál es la molde.

BALEARES · PAU 2026 EXTRAORDINARIA · PREGUNTA 5 (TRADUCIDO DEL CATALÁN)

El mismo grupo de investigación que hizo el experimento de la pregunta anterior quiso secuenciar un fragmento de ADN que codifica el carácter «pigmentación». La secuencia fue la siguiente:

3' T-A-C-C-C-G-T-T-T-G-C-G-A-A-A-C-T-G-A-T-T 5' 5' A-T-G-G-G-C-A-A-A-C-G-C-T-T-T-G-A-C-T-A-A 3'

a) ¿Cuál sería la secuencia de ARNm resultante de la transcripción del fragmento de ADN? (0,5 puntos)

b) Empleando la tabla de correspondencias entre codones y aminoácidos [que da el examen], ¿cuál sería la secuencia de aminoácidos del péptido resultante? (0,5 puntos)

c) Si en el fragmento de ADN anterior se produjera la sustitución de la timina situada en la posición 9 por una citosina en la cadena molde (3'-5'), ¿qué efecto tendría esta mutación en comparación con el péptido inicial? (0,75 puntos)

Apartado a)

1. ¿Cuál es la molde? La que, leída 3'→5', da un ARNm que empieza por AUG: la de arriba, 3'-TAC…-5' (el triplete TAC da AUG). Además, la de abajo empieza por ATG y termina en TAA: es la codificante.
2. Copiamos la molde con bases complementarias (A→U, T→A, G→C, C→G) y escribimos el ARNm 5'→3'.

SOLUCIÓN 5'-AUG GGC AAA CGC UUU GAC UAA-3'

Apartado b)

1. AUG = Met, GGC = Gly, AAA = Lys, CGC = Arg, UUU = Phe, GAC = Asp, UAA = parada.

SOLUCIÓN NH_2-Met-Gly-Lys-Arg-Phe-Asp-COOH (el UAA no añade aminoácido).

Apartado c)

1. En la molde, desde el 3': T A C · C C G · T T **T**: la posición 9 es la tercera base del tercer triplete (TTT).

2. TTT pasa a TTC; el codón del ARNm pasa de AAA a **AAG**.
3. AAG también codifica **lisina**: el péptido no cambia. Es una **mutación silenciosa** (o sinónima), posible porque el código es **degenerado**.

SOLUCIÓN AAA → AAG (Lys → Lys): mutación silenciosa, el péptido es igual.

Lo que puntúa. Los criterios de Baleares puntúan aparte el ARNm (0,5) y la secuencia de aminoácidos (0,5); en c) esperan la nueva secuencia y la explicación de que AAG «también codifica la lisina». En 2026 ordinaria, como el enunciado daba una sola hebra sin decir si era la molde, aceptaron tres respuestas (una de ellas, en los criterios publicados, traduce el ARNm desde el extremo 3': es una errata, no la imites). Si te pasa, **explica qué hebra eliges y por qué** y traduce siempre de 5' a 3'.

Error típico que te quita puntos. Transcribir la hebra codificante (5'-ATG…), que daría un ARNm sin AUG al principio, o escribir el ARNm de 3' a 5'.

Conceptos clave

Gen

Fragmento de ADN (de ARN en algunos virus) con la información para sintetizar una proteína o un ARN, de la que depende un carácter; ocupa un lugar fijo (locus) en un cromosoma.

Transcripción

Síntesis de ARN a partir de una hebra de ADN que actúa como molde, catalizada por la ARN polimerasa en sentido 5'→3'.

Cadena molde

Hebra de ADN que la ARN polimerasa lee en sentido 3'→5' durante la transcripción; el ARN es complementario y antiparalelo a ella.

Cadena codificante

Hebra de ADN complementaria a la molde; tiene la misma secuencia y polaridad que el ARN, con T en lugar de U.

Promotor

Secuencia de ADN situada antes del inicio de un gen donde se une la ARN polimerasa (con el factor σ o los factores de transcripción) para iniciar la transcripción.

Factor de transcripción

Proteína que se une a secuencias del ADN (promotor, potenciadores) y permite o regula la unión y actividad de la ARN polimerasa en eucariotas.

Exón

Fragmento de un gen eucariota que se conserva en el ARNm maduro.

Intrón

Fragmento de un gen eucariota que se transcribe pero se elimina del pre-ARNm durante el corte y empalme.

Corte y empalme (splicing)

Eliminación de los intrones del transcrito primario y unión de los exones, realizada por el espliceosoma en el núcleo.

Maduración del ARNm

Conjunto de modificaciones del transcrito primario eucariota: caperuza de 7-metilguanosina en 5', cola de poli-A en 3' y corte y empalme.

Código genético

Relación entre cada triplete de bases del ARNm (codón) y el aminoácido que codifica o la señal de parada.

Codón

Secuencia de tres nucleótidos consecutivos del ARNm que codifica un aminoácido o una señal de parada.

Anticodón

Triplete de bases del ARNt complementario y antiparalelo a un codón del ARNm.

Traducción

Síntesis de una proteína en los ribosomas a partir de la secuencia de codones del ARNm, con los aminoácidos aportados por los ARNt.

Aminoacil-ARNt sintetasa

Enzima del citosol que une cada aminoácido a su ARNt específico gastando ATP (activación de los aminoácidos).

Peptidil transferasa

Actividad de la subunidad mayor del ribosoma, catalizada por su ARNr (ribozima), que forma el enlace peptídico.

ARNm policistrónico

ARNm que contiene la información de varios genes y da varias proteínas; típico de los operones procariotas.

Operón

Unidad de regulación procariota formada por varios genes estructurales con un promotor y un operador comunes, controlados por la proteína de un gen regulador.

Operador

Secuencia de ADN del operón, junto al promotor, a la que se une el represor para impedir la transcripción.

Epigenética

Cambios heredables en la expresión de los genes que no alteran la secuencia del ADN, como la metilación del ADN o las modificaciones de las histonas.

MicroARN

ARN pequeño (unos 22 nucleótidos) codificado por la célula que se une a ARNm concretos e inhibe su traducción o provoca su degradación.

Diferenciación celular

Proceso por el que células con los mismos genes se especializan al expresar conjuntos de genes distintos.

MODO PAU

Seis claves que valen puntos

Polaridad siempre

Pon **5' y 3'** en cada hebra y **NH_2/COOH** en la proteína. En Castilla-La Mancha, sin extremos el apartado **no está completo**; en Madrid, la **polaridad y los extremos puntúan aparte**.

Molde frente a codificante

El ARNm es **complementario a la molde** e **igual a la codificante** (con U). Si no te dicen cuál es la molde, elige la que dé un **AUG** y explícalo.

Empieza en AUG

Traduce desde el **primer AUG** y para en **UAA, UAG o UGA**, que no llevan aminoácido.

Mutaciones en problemas

Di el **tipo**: **silenciosa** (mismo aminoácido), de **cambio de sentido** (otro aminoácido), **sin sentido** (aparece un STOP) o **cambio del marco de lectura** (inserción o deleción).

Operón lac en cuatro frases

Gen regulador → **represor**; sin lactosa se une al **operador**; con lactosa (**alolactosa**) se inactiva; se transcribe un **ARNm policistrónico**.

Vocabulario exacto

ARN polimerasa (no «ADN polimerasa»), **caperuza**, **cola de poli-A**, **espliceosoma**, **sitios A, P y E**, **peptidil transferasa**, **translocación**.

Cómo te lo pueden preguntar

- **Madrid (2025, ordinaria), 2.A c:** «Describa brevemente los principales eventos que suceden en cada una de las tres fases de la traducción del mensaje genético (0,75 puntos).»
- **Murcia (2025, ordinaria), pregunta 6:** «En relación con los genomas procariota y eucariota, explique en qué se diferencian los genes procariotas de los genes eucariotas (1 punto).»
- **Castilla-La Mancha (2025, ordinaria), 2.1:** «a. ¿Qué mecanismo regula la expresión génica en procariotas? Explique brevemente cómo funciona. b. Los genes codifican proteínas gracias al código genético. Describa dos características del código genético.»
- **Galicia (2025, extraordinaria), 1.1:** «A partir de la información del texto, indique la función de los microARN y señale dos posibles consecuencias de su regulación anómala.» [Texto sobre el Nobel de 2024 a Ambros y Ruvkun]
- **Galicia (2025, extraordinaria), 1.4:** «Explique por qué hay distintos tipos celulares en una persona pese a que todas sus células tienen la misma información genética.»
- **Asturias (2025, extraordinaria):** «Explica si el proceso, tal como se representa, tiene lugar en células procariotas, o en eucariotas o en ambos tipos. Justifica tu respuesta.» y «Explica qué es el promotor o región promotora e indica cuántas de estas regiones hay en el ejemplo que se representa en el esquema.» [Figura: esquema de transcripción y traducción simultáneas]
- **Asturias (2025, extraordinaria):** «Indica el nombre y localización celular del enzima responsable de activación de los aminoácidos y del enzima responsable de la formación del enlace peptídico.»

No lo confundas

- **Cadena molde ≠ cadena codificante**: el ARN se copia de la molde, pero su secuencia es la de la codificante (con U).
- **Codón** (ARNm, 5'→3') **≠ anticodón** (ARNt, antiparalelo) **≠ triplete** (ADN). El codón 5'-UUC-3' se aparea con el anticodón 3'-AAG-5'.
- **ARN polimerasa** (transcripción, no necesita cebador) **≠ ADN polimerasa** (replicación, necesita cebador; Tema 15).
- **Degenerado** (varios codones para un aminoácido) **≠ ambiguo** (un codón para varios aminoácidos: el código **no** lo es).
- **Transcripción inversa** (ARN → ADN, retrovirus) **≠ traducción** (ARNm → proteína).
- **Operador** (donde se une el represor) **≠ promotor** (donde se une la ARN polimerasa).
- **Policistrónico** (procariotas, varias proteínas por ARNm) **≠ monocistrónico** (eucariotas, una proteína por ARNm).
- **MicroARN** (propio de la célula, complementariedad parcial, frena la traducción) **≠ siARN** (de un ARN de doble cadena, complementariedad total, destruye el ARNm).

Ponte a prueba

Aragón (2025, extraordinaria), opción 3.B: «a) Dada la siguiente secuencia de ADN, escriba la secuencia de su hebra complementaria: 3'…TAC AAA TTC TTG TTT TTC ATT…5' (0,2 puntos). b) Escriba la secuencia de ARNm que se transcribiría de la hebra de ADN del enunciado (0,3 puntos). c) Escriba la secuencia de aminoácidos que resultaría de la traducción (0,7 puntos). d) Razone cómo podría originarse un codón de terminación mediante las siguientes mutaciones en el segmento de ADN mostrado: i) adición de una base; ii) sustitución de una base (0,8 puntos).»

Solución: a) 5'…ATG TTT AAG AAC AAA AAG TAA…3'. b) La hebra dada es la molde: 5'…AUG UUU AAG AAC AAA AAG UAA…3'. c) NH_2-Met-Phe-Lys-Asn-Lys-Lys-COOH (UAA es parada). d) i) Al **añadir una base** se desplaza el **marco de lectura** y todos los codones siguientes cambian; puede aparecer un STOP. Ejemplo: añadir una A antes de la primera TT del tercer triplete: 3'… TAC AAA ATT CTT GTT…5' da 5'…AUG UUU **UAA**…3', y la proteína se queda en Met-Phe. ii) Al **sustituir una base** cambia un solo codón; si se convierte en UAA, UAG o UGA, es una mutación **sin sentido**. Ejemplo: en el quinto triplete, TTT → ATT da el codón UAA y la proteína termina tras Met-Phe-Lys-Asn.

Cataluña (2026, extraordinaria), 3.2 y 3.3 (versión en castellano del examen): se da la hebra 5' CTG GGA TCG CCT CTA 3' de un fragmento del gen *FGFR3* sin mutar (y, del ARNm, solo el codón GGA). «Escriba las secuencias que faltan de ADN y ARNm y la secuencia de la proteína en las casillas correspondientes de la siguiente tabla.» Después: «En un 2 % de los casos, la guanina marcada en negrita en la pregunta anterior es sustituida por una citosina. En un 98 % de los casos, la guanina es sustituida por una adenina. Complete la siguiente tabla explicando qué efecto tienen estas mutaciones sobre la secuencia de la proteína.» (La guanina en negrita es la primera del segundo triplete.)

Solución: La hebra dada tiene la misma secuencia que el ARNm, así que es la **codificante**. ADN complementario (molde): 3' GAC CCT AGC GGA GAT 5'. ARNm: 5' CUG GGA UCG CCU CUA 3'. Proteína: Leu-Gly-Ser-Pro-Leu. Mutaciones: GGA → **C**GA o GGA → **A**GA. Los dos codones (CGA y AGA) codifican **arginina**: en ambos casos la **glicina se cambia por arginina** (mutación de **cambio de sentido**). Es el cambio que hace que la proteína FGFR3 esté demasiado activa en la acondroplasia (MedlinePlus Genetics).

Cataluña (2026, ordinaria), 3.5 (versión en castellano del examen): *Cupriavidus necator* usa el operón phaCAB, con tres genes (phaC, phaA y phaB) transcritos bajo un promotor común, para fabricar el bioplástico PHA. «¿Cuántos ARNm distintos se sintetizan cuando el operón phaCAB se transcribe? ¿Cuántas proteínas diferentes se sintetizan cuando el operón phaCAB se traduce? ¿Qué utilidad tiene la agrupación de genes en operones en las bacterias? Si una mutación inactivara la función del gen phaC, sin afectar a los otros dos genes, ¿se sintetizaría el PHA? Razone la respuesta.»

Solución: Se fabrica **un solo ARNm** (policistrónico) y de él salen **tres proteínas** (tres enzimas). Agrupar genes en operones permite **regular a la vez** genes que actúan juntos, responder **rápido** a los cambios del ambiente y **ahorrar** energía, porque un solo promotor y un solo ARNm sirven para todos. **No** se sintetizaría el PHA: las tres enzimas forman una misma ruta y phaC codifica la enzima que hace el último paso, la polimerización del bioplástico (la PHA sintasa); sin ella la ruta se interrumpe aunque las otras dos funcionen y no se forman gránulos de PHA.

Comunitat Valenciana (2026, extraordinaria): «Las neuronas y los adipocitos son funcional y estructuralmente diferentes. ¿Existen los mismos genes en el núcleo de una neurona y en el de un adipocito? Razone su respuesta (0,5 puntos).»

Solución: Sí. Las dos proceden por mitosis del mismo cigoto, así que tienen el **mismo genoma**. Son distintas porque **expresan genes distintos**: en cada una unos genes están activos y otros silenciados (cromatina más o menos condensada, factores de transcripción propios de cada tipo celular, metilación del ADN). Esa **expresión diferencial** es la **diferenciación celular**.

Madrid (modelo 2027), pregunta 2 c): «…usted demuestra que al aislar pre-ARN mensajero de células vegetales terrestres e introducirlo en el núcleo de células vegetales rosalindnianas, se sintetiza la proteína terrestre. Describa brevemente los principales eventos que deben tener lugar en el proceso de maduración del pre-ARNm terrestre introducido en el núcleo rosalindniano (0,6 puntos).»

Solución: Para dar la proteína, el pre-ARNm tiene que madurar en el núcleo: se añade la **caperuza** de 7-metilguanosina en el extremo **5'**, se añade la **cola de poli-A** en el extremo **3'** y el **espliceosoma** elimina los **intrones** y une los **exones** (corte y empalme o *splicing*). Ya maduro, el ARNm sale por los poros nucleares al citoplasma, donde lo traducen los ribosomas.

Fuentes

1. Alberts, B., et al., *Molecular Biology of the Cell*, 4.ª ed. (Garland, 2002), «From DNA to RNA» (NCBI Bookshelf)
2. Alberts, B., et al., *Molecular Biology of the Cell*, 4.ª ed., «From RNA to Protein» (NCBI Bookshelf)
3. Alberts, B., et al., *Molecular Biology of the Cell*, 4.ª ed., «How Genetic Switches Work» (NCBI Bookshelf)
4. Alberts, B., et al., *Molecular Biology of the Cell*, 4.ª ed., «Posttranscriptional Controls» (NCBI Bookshelf)
5. Nelson, D. L. y Cox, M. M., *Lehninger. Principios de bioquímica*, 8.ª ed. (Omega, 2022), caps. de metabolismo del ARN, metabolismo de las proteínas y regulación de la expresión génica
6. Nobel Prize Outreach, Premio Nobel de Fisiología o Medicina 1968 (Holley, Khorana y Nirenberg)
7. Nobel Prize Outreach, Premio Nobel de Fisiología o Medicina 1965 (Jacob, Lwoff y Monod)
8. Nobel Prize Outreach, Premio Nobel de Fisiología o Medicina 1993 (Roberts y Sharp, genes fragmentados)
9. Nobel Prize Outreach, Premio Nobel de Fisiología o Medicina 2006 (Fire y Mello, ARN de interferencia)
10. Nobel Prize Outreach, Premio Nobel de Fisiología o Medicina 2024 (Ambros y Ruvkun, microARN)
11. Nobel Prize Outreach, Premios Nobel de Fisiología o Medicina 1959 (Ochoa y Kornberg) y 1975 (Baltimore, Dulbecco y Temin)
12. MedlinePlus Genetics (NIH), «Achondroplasia»
13. Comunidad de Madrid y UCM, exámenes y criterios de corrección de Biología de la PAU
14. Universidad de Castilla-La Mancha, criterios de corrección de la PAU (Biología)
15. Universitat de les Illes Balears, exámenes y criterios de Biología de la PAU
16. Generalitat de Catalunya, PAU: modelos de examen y criterios de Biología

Imágenes: Esquema propio: Farmeando PAU, esquema de elaboración propia a partir de Alberts et al., Molecular Biology of the Cell (4.ª ed., NCBI Bookshelf) y Nelson y Cox, Lehninger. Principios de bioquímica (8.ª ed.) · Esquema propio: Farmeando PAU, esquema de elaboración propia a partir de Alberts et al., Molecular Biology of the Cell (4.ª ed., NCBI Bookshelf) y Nelson y Cox, Lehninger. Principios de bioquímica (8.ª ed.) · Esquema propio: Farmeando PAU, tabla de elaboración propia del código genético estándar (Nelson y Cox, Lehninger, 8.ª ed.; Alberts et al., Molecular Biology of the Cell, NCBI Bookshelf) · Esquema propio: Farmeando PAU, esquema de elaboración propia a partir de Alberts et al., Molecular Biology of the Cell (4.ª ed., NCBI Bookshelf) y Nelson y Cox, Lehninger. Principios de bioquímica (8.ª ed.) · Esquema propio: Farmeando PAU, esquema de elaboración propia a partir de Alberts et al., Molecular Biology of the Cell, 4.ª ed., «How Genetic Switches Work» (NCBI Bookshelf) y Nelson y Cox, Lehninger (8.ª ed.)

Apuntes de Farmeando PAU · farmeandopau.com · Revisados frente a fuentes. Última revisión: 24 de octubre de 2026. Licencia CC BY-NC-ND 4.0: puedes copiarlo y compartirlo citándonos, sin uso comercial ni cambios (las imágenes, con su propia licencia). ¿Un error? Avísanos desde la página del tema. Cómo los hacemos: farmeandopau.com/metodologia.