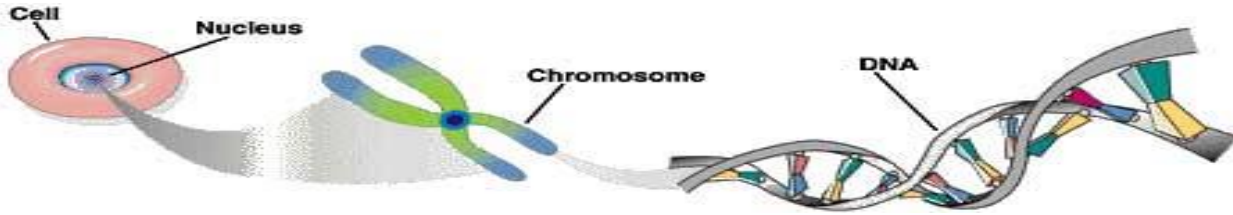


**1. OBJETIVOS:**

- Identificar la estructura y funciones del ADN y ARN.
- Reconocer el proceso de duplicación del ADN, así como los de transcripción, traducción del ARN.
- Indicar la regulación de los genes y posibles mutaciones genéticas.
- Obtener secuencias de aminoácidos de una proteína a partir segmentos de ADN. Reconocer los principales hechos en la historia de la genética y la importancia que ésta ha tenido desde sus inicios.
- Identificar las Leyes de Mendel, la modificación de las proporciones mendelianas y emplearlas correctamente en la resolución de problemas (cruces monohíbridos, dihíbridos, grados de dominancia, alelos múltiples y genes ligados al sexo).

**2. CONTEXTO:**

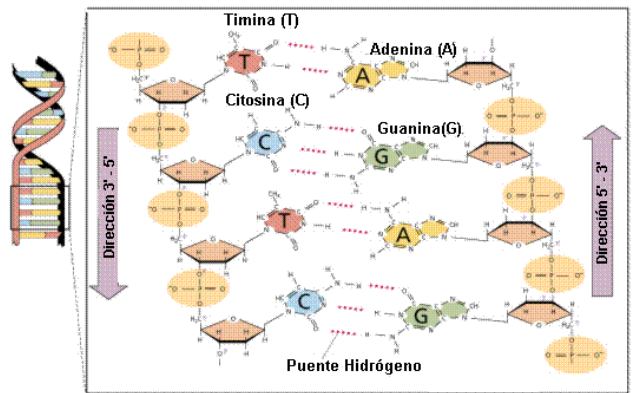
¿CÓMO ES Y DE QUÉ FORMA ESTÁ ORGANIZADO EL MATERIAL GENÉTICO ADN?



Al realizar un viaje imaginario a una célula. Entramos a través de la membrana celular, recorremos parte del citoplasma, llegamos al núcleo; allí encontramos el nucleolo y nuestro objeto de estudio: El material genético. Este se encuentra, en el caso de los organismos eucarióticos, organizado en unos pequeños paquetes llamados cromosomas en forma de ADN.

El ADN es una larga cadena formada por unidades más pequeñas llamadas nucleótidos. Los nucleótidos son moléculas compuestas por tres partes fundamentales: Un grupo fosfato, un azúcar y una base nitrogenada. Las bases nitrogenadas pueden ser de dos clases: Bases púricas adenina (A), guanina (G): bases pirimídicas citosina (C), Timina (T) y uracilo (U) en el ARN.

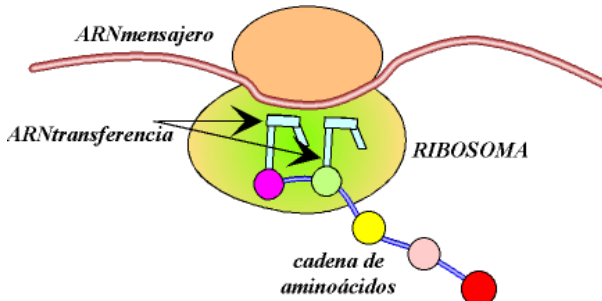
Una base púrica siempre se une a una base pirimídica, siguiendo una regla; la guanina se une a la citosina y la adenina a la timina.



De acuerdo con los estudios realizados por Watson y Crick sobre la estructura espacial del ADN, su forma es semejante a una hélice, donde los nucleótidos van seguidos formando dos cadenas entrelazadas. En la parte exterior de la cadena van los fosfatos y el azúcar y en la parte interna están las bases nitrogenadas por pares: Una púrica unida con una pirimídica.

El ácido ribonucleico (ARN) tiene una composición muy similar a la del ADN; difiere en algunos aspectos, como el azúcar que es una ribosa, con base nitrogenada, el uracilo (U) que reemplaza la timina (T) en el ADN.

El ADN tiene la propiedad de duplicarse antes de la división celular en la interfase. Durante el proceso de replicación o duplicación, la cadena de ADN se abre por la parte central, lo que permite la separación de las bases, mediante la acción de la enzima ADN polimerasa. Cada una de las cadenas originales sirve de molde para formar así dos nuevas idénticas a la cadena inicial; esto ocurre antes de la mitosis, cuando se van a reproducir las células somáticas.



Diferencias estructurales entre el ADN y ARN:

ADN	ARN
Azúcar desoxirribosa	Azúcar Ribosa
Bases Nitrogenadas Púricas:AG Pirimídicas: TC	Bases nitrogenadas Púricas:AG, pirimídicas:UC
Doble cadena	Una sola cadena
Forma de hélice	No hay hélice

**RELACIÓN ENTRE GENES Y PROTEÍNAS:**

El producto celular final codificado por un gen generalmente es una proteína. Por lo tanto, la secuencia específica de bases de un gen codifica para una secuencia de aminoácidos de una proteína o de una parte de una proteína.

**SÍNTESIS DE PROTEÍNAS A PARTIR DE LAS INSTRUCCIONES EN EL ADN :**

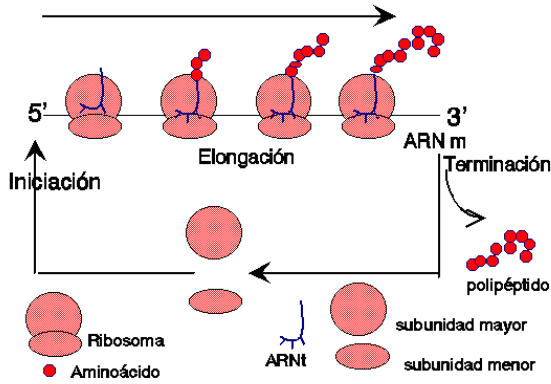
El ARN interviene en la transcripción de la información genética contenida en el ADN, en secuencias de aminoácidos. La información fluye desde el ADN hasta las proteínas en un proceso de dos pasos:

- 1) Transcripción: La información contenida en el ADN de un gen se copia en el ARN mensajero.
- 2) Traducción: la secuencia de bases en el ARNm proporciona la información al ARN de transferencia y éste al ARN ribosomal (ARNr) para sintetizar una proteína con la secuencia de aminoácidos que especifica la secuencia de bases del gen.

**ARN: INTERMEDIARIO EN LA SÍNTESIS DE PROTEÍNAS:**

Sintetizar proteínas a partir de la información contenida en el ADN requiere de moléculas de ARN como intermediarias. El ARN es transcrito a partir de una cadena de ADN por la enzima ARN polimerasa. La ARN polimerasa reconoce la región promotora del ADN al inicio de un gen.

Hay tres tipos de ARN. La secuencia de bases en el ARN mensajero (ARNm) lleva la información necesaria para determinar la secuencia de aminoácidos de una proteína. El ARN ribosomal (ARNr) y las proteínas forman los ribosomas. Estos constan de una subunidad grande y una pequeña. La subunidad pequeña reconoce al ARNm. La subunidad grande alberga dos sitios de unión para transferir el ARN de transferencia, así como un sitio catalítico que fragua la unión peptídica entre los aminoácidos mientras se sintetiza una proteína. Cada ARNt se une a un aminoácido específico y lo transporta a un ribosoma. Un conjunto de tres bases en el ARNr, llamado anticodón, es complementario con el codón contenido en el ARNm que especifica el aminoácido al cual está unido el ARNt.



**SÍNTESIS PROTEICA:**

1. El ARNm es transcrito a partir de un gen, éste abandona el núcleo y viaja a un ribosoma en el citoplasma.
2. Dos codones de ARNm se unen a la subunidad pequeña del ribosoma. El primer codón es de inicio.
3. Los ARNt que llevan sus aminoácidos, se mueven hacia el ARNm. Los anticodones se aparean con los codones de ARNm y éstos se unen a la subunidad ribosomal.
4. El primer aminoácido se desprende de su ARNt y el primer ARNt abandona el ribosoma. Los aminoácidos se van uniendo al siguiente ARNt que se paree con el

tercer codón y así continúa hasta que llega a un codón de terminación, donde el ARNm y la proteína recién formada abandonan el ribosoma.

**EL CÓDIGO GENÉTICO:**

La secuencia de bases en el ARNm lleva el código genético para la secuencia de aminoácidos de una proteína. Secuencia de tres bases en el ARNm, (codones), especifican los aminoácidos de la proteína.

**ACTIVIDAD: Con base en la presentación sobre ADN y ARN y la lectura de los temas propuestos, responda y complete:**

- 2.1. ¿Qué es el ADN y donde se encuentra ubicado específicamente?
- 2.2. ¿Qué científicos descubrieron y han trabajado la estructura del ADN?
- 2.3. ¿Cuál es la composición química del ADN?
- 2.4. ¿Por qué se dice que el ADN es una doble hélice?
- 2.5. ¿Cuáles son las tres funciones del ADN?
- 2.6. ¿Por qué son importantes las proteínas para la existencia de la vida ?
- 2.7. ¿Cuánto hace que se conoce la estructura del ADN y cómo se hizo?

3. **EXPERIENCIA:** Realice de manera individual la guía de laboratorio No. 1 sobre dermatoglifos y su correspondiente informe de laboratorio.

**4. REFLEXIÓN:**

Consulte lo que es una mutación, indique cómo pueden ocurrir y describa algunas de las enfermedades que pueden producirse por mutaciones del ADN, indicando el tipo de mutación que la produce y las características que la evidencian. Lleve a clase el material encontrado y póngalo en común con sus compañeros.

**5. ACCIÓN:**

- 5.1. Consulte en los libros de texto, qué es la genética, cuál es su importancia y quién la creó.
- 5.2. ¿Qué planta se usó para el estudio de la genética?
- 5.3. Haga una tabla con las siete características utilizadas por Mendel para sus experimentos, indicando cuáles eran los rasgos dominantes y recesivos para cada característica.
- 5.4. Explique cada una de las tres leyes de Mendel y haga un gráfico o dibujo que represente cada una de ellas.
- 5.5. Indique las diferencias entre fenotipo y genotipo, así como entre cruce monohíbrido y dihíbrido, carácter dominante y recesivo, F1 y F2.
- 5.6. Ejemplifique un cruce monohíbrido y uno dihíbrido, llevado hasta la F2.

**MODIFICACIÓN DE LAS PROPORCIONES MENDELIANAS:**

**HERENCIA INTERMEDIA O DOMINANCIA INCOMPLETA:**

Se basa en la observación de fenotipos intermedios generados en un cruce con padres con caracteres alternativos. Por ejemplo, si cruzamos plantas de dondiego de noche de flores rojas con plantas de flores blancas, los descendientes tienen flores rosadas. Parece que ni las flores rojas ni las blancas son completamente dominantes. Debido a que se produce algo de pigmento rojo en el F1, las flores presentan un color intermedio. Se pueden predecir los resultados del cruce de la F1: Rosada x Rosada, donde la proporción fenotípica de la F2 es 1:2:1.

F1= Planta flores rojas RR x Planta flores blancas rr

	R	R
r	Rr	Rr
r	Rr	Rr

F1= 100% fenotipo flores rosadas de genotipo Rr.

F2= Planta flores rosadas Rr x Planta flores rosadas Rr.

	R	r
R	RR	Rr
r	Rr	rr

F2= 1:2:1  
25% plantas fenotipo flores rojas de genotipo RR,  
50% plantas fenotipo flores rosadas de genotipo Rr,  
25% plantas fenotipo flores blancas de genotipo rr,

**GRUPOS SANGUÍNEOS (CODOMINANCIA Y ALELOS MÚLTIPLES):**

**Codominancia:** Si los dos alelos de un gen son responsables de la producción de dos productos génicos diferentes y detectables. La expresión conjunta de ambos alelos en el heterocigoto como el grupo sanguíneo AB de la especie humana, da como resultado la producción de inmunoglobulina A y B.

**Alelos múltiples:** Se presenta cuando en un mismo gen se encuentran tres o más alelos, ya que para cualquier gen, el número de alelos presentes en los individuos de una población no tiene por qué estar limitado a dos, aunque en un organismo diploide haya como máximo dos loci génicos

homólogos, en los miembros de una especie, puede haber muchas formas alternativas del mismo gen. El ejemplo básico son los grupos sanguíneos ABO de la especie humana. Karl Landstein descubrió en 1900 los grupos A B O y posteriormente, el grupo AB. Antes de ser determinados estos grupos, se realizaban transfusiones con muy poco éxito y en muchos casos los pacientes morían porque la sangre del receptor se aglutinaba en los capilares al recibir la sangre del donante.

Landstein ideó un método para eliminar el peligro de la aglutinación. Ensayó la mezcla de la sangre del receptor con la sangre de los donantes, antes de la transfusión y eliminó así los donantes peligrosos. Más tarde descubrió en la corteza de los glóbulos rojos, los llamados antígenos, que eran los causantes de la aglutinación; dos antígenos fueron aislados, el A y B y por su presencia o ausencia se clasifican los grupos sanguíneos:

	A	B	AB	O
Tipo de anticuerpos	Anti-B	Anti-A	Ninguno	Anti-A y anti-B
<b>COMPATIBILIDAD ENTRE TRANSFUSIONES</b>				
Donante	Receptor			
	A	B	AB	O
A	Sí	No	Sí	No
B	No	Sí	Sí	No
AB	No	No	Sí	No
O	Sí	Sí	Sí	Sí

Sí: compatible  
 No: incompatible  
 1 Receptor universal  
 2 Donante universal

**Factor Rh**

En general a una persona se le transfundía sangre de su mismo grupo sanguíneo, pero se encontró que no siempre esta era posible. Por ejemplo, personas con el grupo sanguíneo A, presentaban hemólisis o destrucción de glóbulos rojos y aglutinación aunque fueran transfundidas con sangre de personas del grupo A. Estudios posteriores llevaron a descubrir el factor Rh. Al tratar la sangre humana con un factor obtenido del suero de un mono Rhesus, se observó cómo algunas muestras aglutinaban y otras no. Las que aglutinaban fueron consideradas Rh(+) y las que no lo hacían Rh (-).

GENOTIPOS	FENOTIPOS
DD	Rh(+) homocigoto
Dd	Rh(+) heterocigoto
dd	Rh (-)homocigoto

**HERENCIA LIGADA AL SEXO:**

La especie humana tien 23 pares de cromosomas, de los cuales la mujer posee 22 pares de cromosomas somáticos y un par sexual XX y el hombre presenta 22 pares de cromosomas somáticos y un par sexual XY.

En algunos casos hay características o alteraciones que son transmitidas en los cromosomas sexuales, a esto se le llama herencia ligada al sexo. Son ejemplos la hemofilia y el daltonismo.

Para la hemofilia:

X= gene para la coagulación normal                      X<sup>h</sup>= gene para la hemofilia. Es recesivo.                      Y= cromosoma masculino, no lleva la hemofilia.

En el cruce de un hombre con hemofilia y una mujer portadora:

	X <sup>h</sup>	X
X <sup>h</sup>	X <sup>h</sup> X <sup>h</sup>	X <sup>h</sup> Y
Y	X X <sup>h</sup>	XY

**7. EVALUACIÓN:**

Responda a las siguientes preguntas y prepare así la evaluación.

- 7.1. ¿Cuál es la función del ARN mensajero ?
- 7.2. ¿Qué es la traducción ?
- 7.3. Con ayuda de la tabla del código genético, prediga la secuencia de aminoácidos que se produce durante la traducción de la siguiente cadena de mRNA: **AUG- CCG- GAU- UUA- AGU- UGA**
- 7.4. ¿Cuál es la función del ARN ribosomal ?
- 7.5. ¿Cuál es la función del ARN de transferencia ?
- 7.6. ¿Cuáles son los “escalones” de la molécula de ADN?
- 7.7. A partir de la siguiente cadena molde de ADN: **CTT TTT TGC CAT ACA TCA ATA**, los codones del mRNA son:
- 7.8. ¿Cuál es la función de la ADN polimerasa ?
- 7.9. ¿De qué está formado un nucleótido ?
- 7.10. ¿Cuál será el objetivo de que el código genético tenga varios tripletes que codifiquen el mismo aminoácido ?
- 7.11. A partir de la siguiente cadena molde de ADN: **TAC- TTG- GGT- AAC- CCC- AAG- ATT**, los codones del mRNA son:
- 7.12. A partir de la siguiente cadena molde de ADN: **TCT TGG GAA CAT TCA ATA ACT**, los codones del mRNA son:
- 7.13. Indique dos semejanzas y dos diferencias entre el ADN y el ARN.
- 7.14. ¿Cómo van pareadas las bases nitrogenadas en el ADN y cómo en el ARN ?
- 7.15. Con ayuda de la tabla del código genético, prediga la secuencia de aminoácidos que se produce durante la traducción de la siguiente cadena de mRNA: **AUG- AGA- GAU- UUA- AGU- UAA**
- 7.16. ¿Cuáles son los tres tipos de ARN ?
- 7.17. ¿En qué lugares de la célula se realizan: la duplicación, transcripción y traducción ?
- 7.18. Con ayuda de la tabla del código genético, prediga la secuencia de aminoácidos que se produce durante la traducción de la siguiente cadena de mRNA **AUG CUU ACC GUG UAU UAA**
- 7.19. ¿los “barandales” de la molécula de ADN se llaman?:
- 7.20. Haga lo mismo en el caso del factor Rh
- 7.21. Realice los ejercicios de genética correspondientes a cruce monohíbrido, dihíbrido, herencia incompleta o intermedia, y herencia ligada al sexo que se encuentran en la página [www.biologia.arizona.edu/mendel/mendel.html](http://www.biologia.arizona.edu/mendel/mendel.html)

		<b>Segunda Letra</b>				
		U	C	A	G	
Primera letra	U	UUU Fenilalanina UUC UUA Leucina UUG	UCU Serina UCC UCA UCG	UAU Tirosina UAC UAA Código de parada (stop codon) UAG	UGU Cisteína UGC UGA Código de parada (**) UGG Triptófano	U C A G
	C	CUU Leucina CUC CUA CUG	CCU Prolina CCC CCA CCG	CAU Histidina CAC CAA Glutamina CAG	CGU Arginina CGC CGA CGG	U C A G
	A	AUU Isoleucina AUC AUA AUG Metionina (Iniciación)	ACU Treonina ACC ACA ACG	AAU Asparagina AAC AAA Lisina AAG	AGU Serina AGC AGA Arginina AGG	U C A G
	G	GUU Valina GUC GUA GUG	GCU Alanina GCC GCA GCG	GAU Ácido Aspartico GAC GAA Ácido Glutámico GAG	GGU Glicina GGC GGA GGG	U C A G

# DERMATOGLIFOS

**1. OBJETIVOS:**

- ✓ Utilizar adecuadamente una técnica fácil para obtener dermatoglifos.
- ✓ Distinguir la configuración de las huellas digitales.
- ✓ Conocer la forma de análisis de los dermatoglifos para hallar el índice de correlación de dos personas familiares y dos no familiares, mediante una fórmula algebraica.
- ✓ Desarrollar la capacidad de trabajo en equipo.

**2. INTRODUCCIÓN:**

Las huellas dactilares permiten dar cuenta de las diferencias genéticas de los organismos y aunque no dan la posibilidad de conocer sus genotipos exactos, se comprueban la relación familiar entre dos individuos y asociar los cambios a los patrones normales con trastornos clínicos.

**3. MARCO TEÓRICO:** Realice la consulta de las siguientes temáticas:

- ✓ Zonas de la palma de la mano y sus características
- ✓ Pliegues palmares
- ✓ Dermatoglifos: Definición e importancia en la genética clínica.
- ✓ Configuración de las huellas digitales y tipos de huellas digitales.
- ✓ Herencia poligénica.

**4. MATERIALES:**

- Para tomar las huellas: Grafito o tinta,
- Papel adhesivo transparente, para el análisis: Lupa

**5. PROCEDIMIENTO:**

- ✓ Tomar las huellas de los dedos de las manos derecha e izquierda de dos personas con parentesco familiar y dos sin parentesco. Para esto disperse sobre las yemas de los dedos polvo de grafito y luego imprima las huellas sobre el papel adhesivo transparente.
- ✓ Observe las huellas con la lupa, realizando el conteo de las crestas de los 10 dedos de cada uno de los individuos.
- ✓ A partir de estos datos realice tanto con la pareja familiar como de los que no lo son el proceso algebraico que indique la correlación existente entre los individuos estudiados. (r)

**6. RESULTADOS**

- ✓ Impresión de las 10 huellas digitales de cada una de las tres personas.
- ✓ Tablas de datos: Una tabla por cada persona.

MANO	DEDO No.	X	Y	X <sup>2</sup>	Y <sup>2</sup>	X.Y
Izquierda	1					
	2					
	3					
	4					
	5					
Derecha	6					
	7					
	8					
	9					
	10					
SUMATORIA						

- ✓ Método algebraico del parentesco: Hallar los dos r de acuerdo a la aplicación de la fórmula:

$$r = \frac{\sum XY - (\sum X * \sum Y / N)}{\sqrt{(\sum X^2 - (\sum X)^2 / N) * (\sum Y^2 - (\sum Y)^2 / N)}}$$

**7. ANÁLISIS DE RESULTADOS**

- Dependiendo del rango de r obtenido, qué se puede decir acerca del parentesco o no. Recuerde que entre el r más cercano a cero menor parecido genético y más cercano a 1, más parecido genético.
- Analice qué tipos de huellas son los más generalizados.
- Indique qué otra aplicación tiene el conocimiento y aplicación de la dactiloscopia.

**8. CONCLUSIONES:** Desarrolle una por cada objetivo planteado.

**BIBLIOGRAFÍA SUGERIDA:**

BERNAL, Jaime. 1983. *Genética Clínica*. Editorial Catálogo Científico. 1ª y 2ª edición. Bogotá.  
 GARDEN, Eldon J. *Principios de Genética*. Universidad Javeriana.

