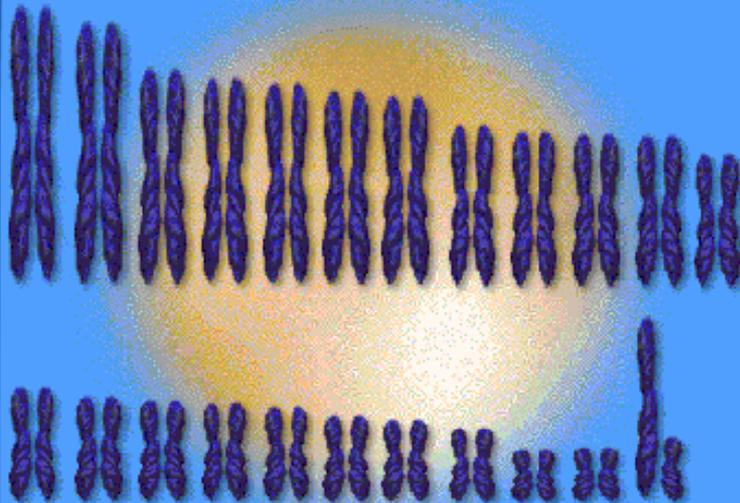
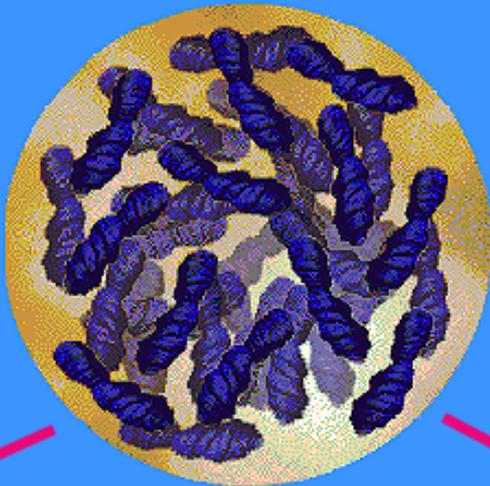


ESTRUCTURA MOLECULAR DEL MATERIAL HEREDITARIO

Dra Lilian Jara Sosa



GENOMA HUMANO

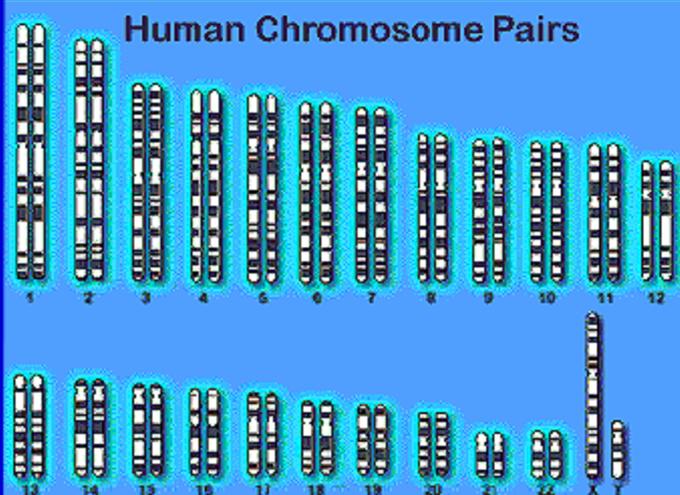
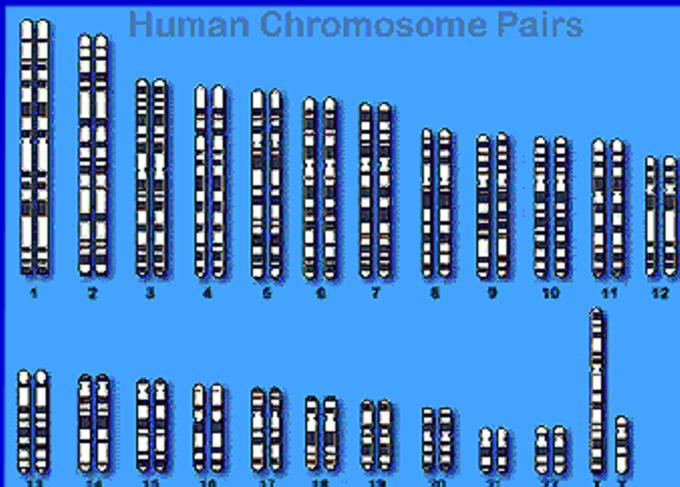


An organism's total **DNA** content is known as its **genome**.

Cells that carry two genome copies are called **diploid**.

The human genome consists of:

- 22 **autosomal chromosomes** that are the same in males and females
- Two sex **chromosomes** X and Y
- Males have one X and one Y chromosome
- Females have two X chromosomes



An organism's total **DNA** content is known as its **genome**.

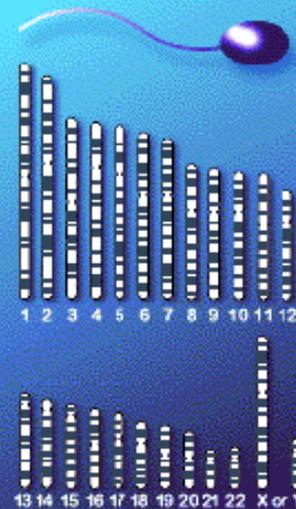
Cells that carry two genome copies are called **diploid**.

The human genome consists of:

- 22 **autosomal chromosomes** that are the same in males and females
- Two sex **chromosomes** X and Y
- Males have one X and one Y chromosome
- Females have two X chromosomes

Haploid Genome

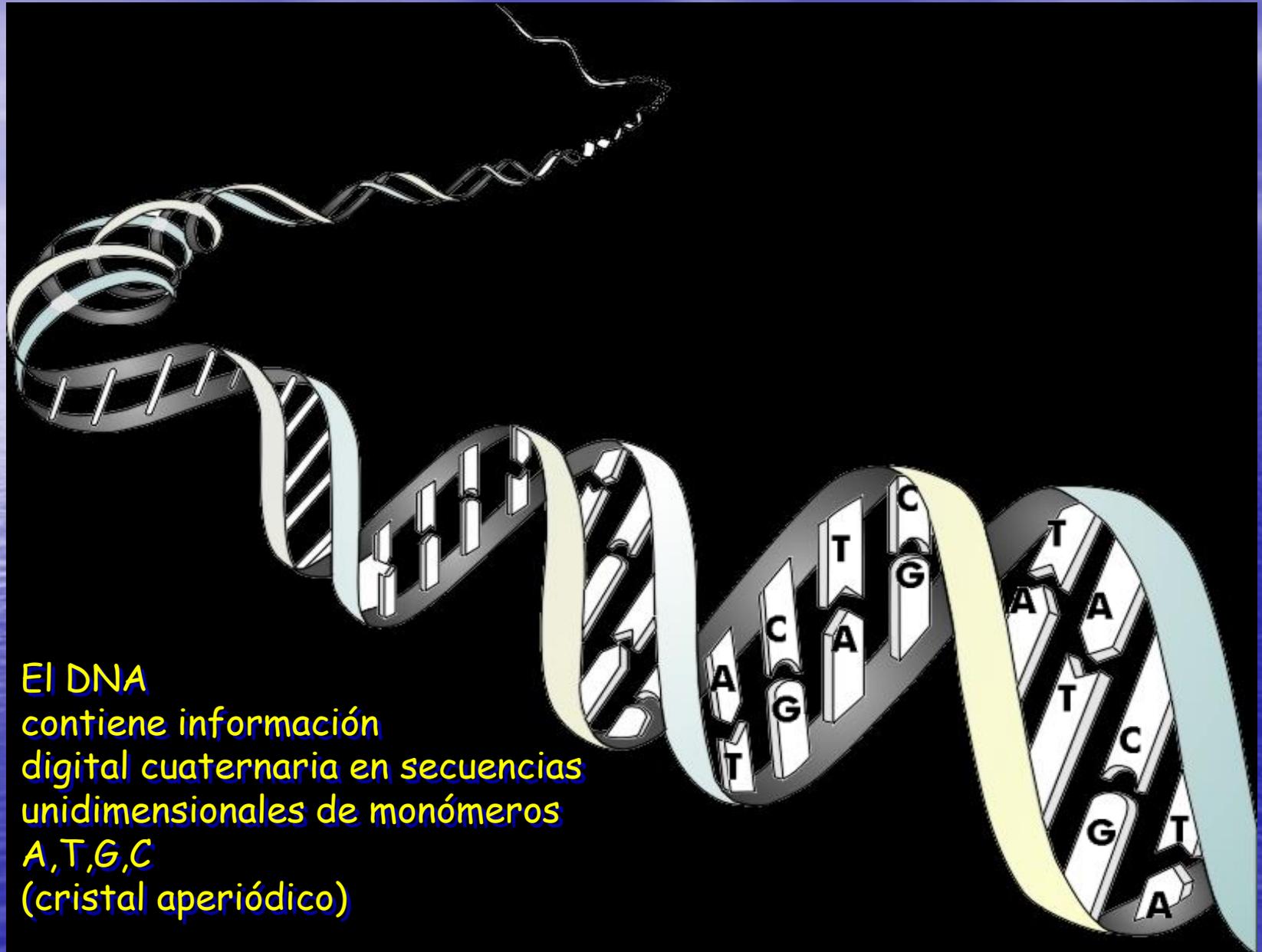
Sperm



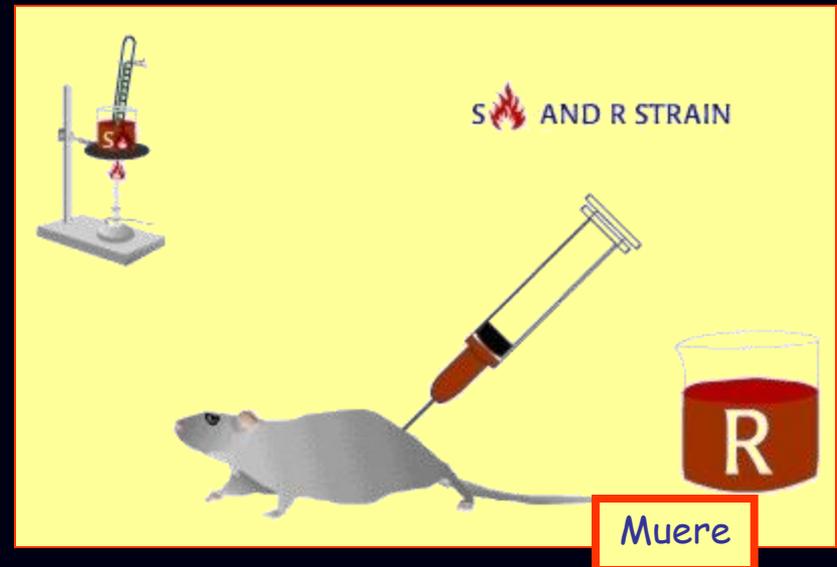
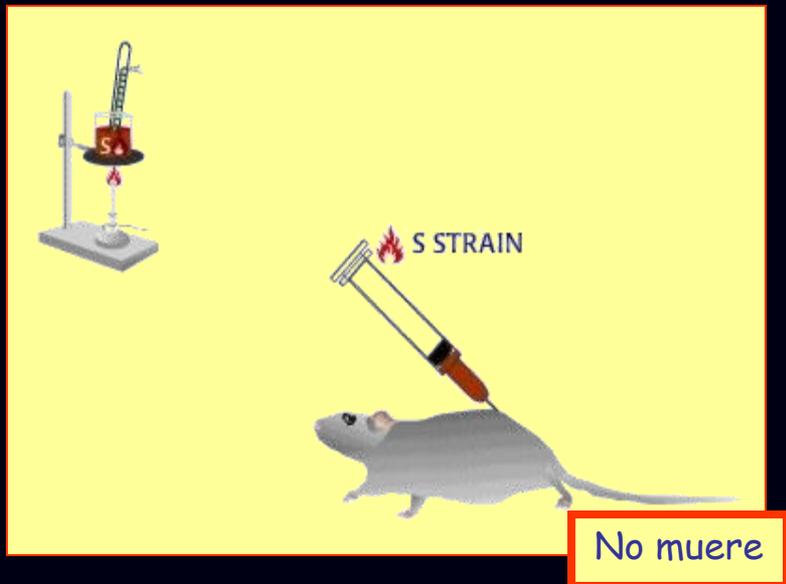
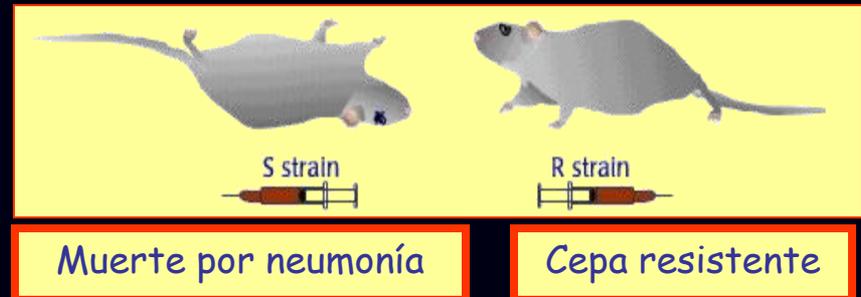
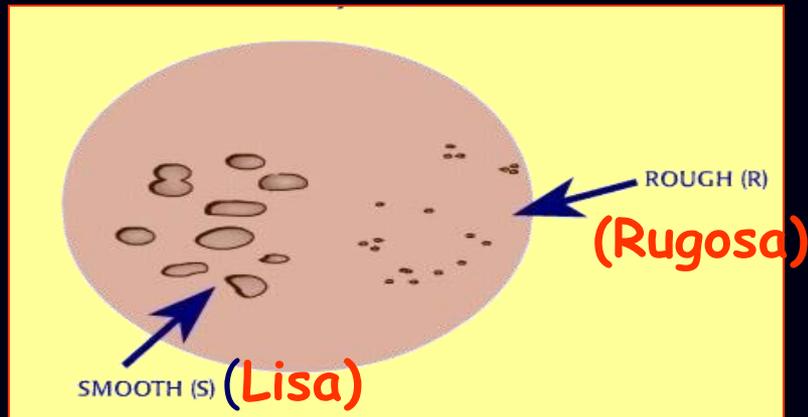
Egg



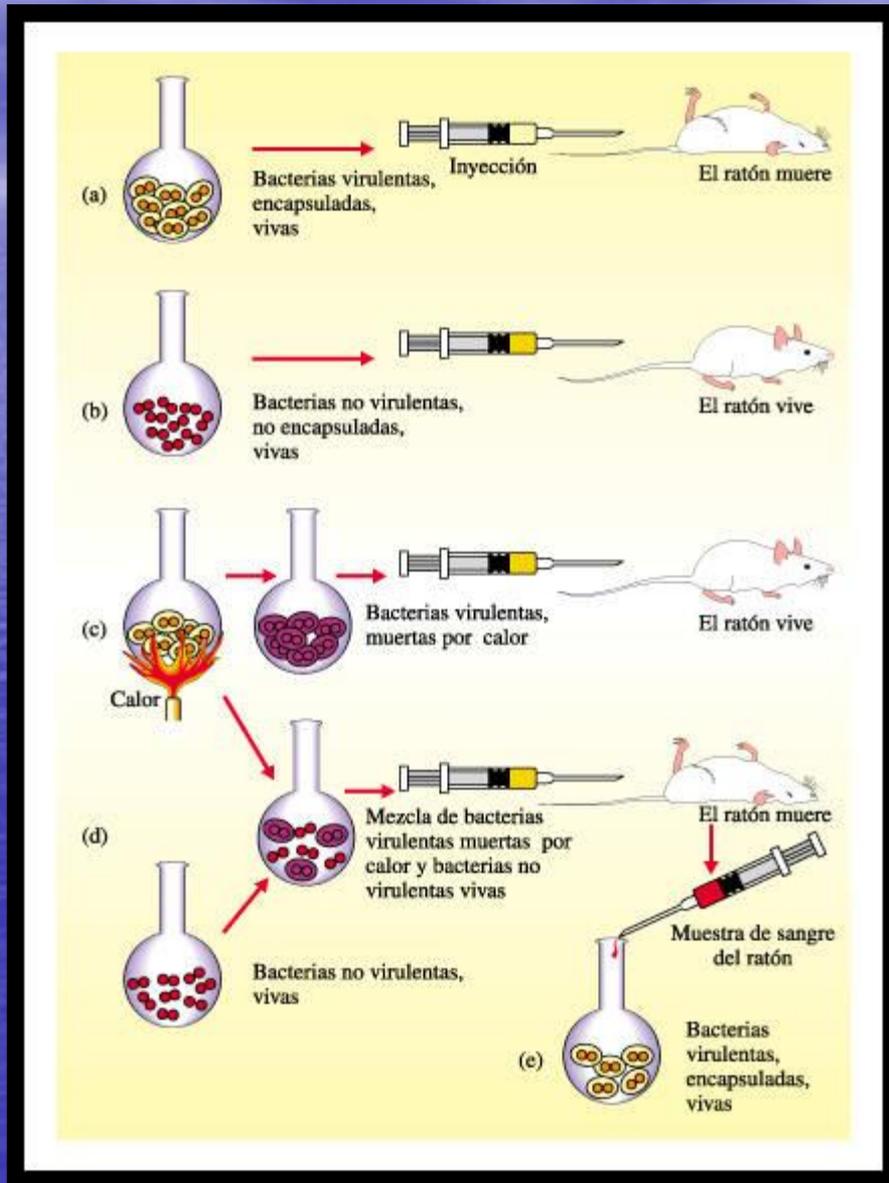
In the germ **cells** or **gametes** there is a single copy of the **genome**, and this is called '**haploid**'.



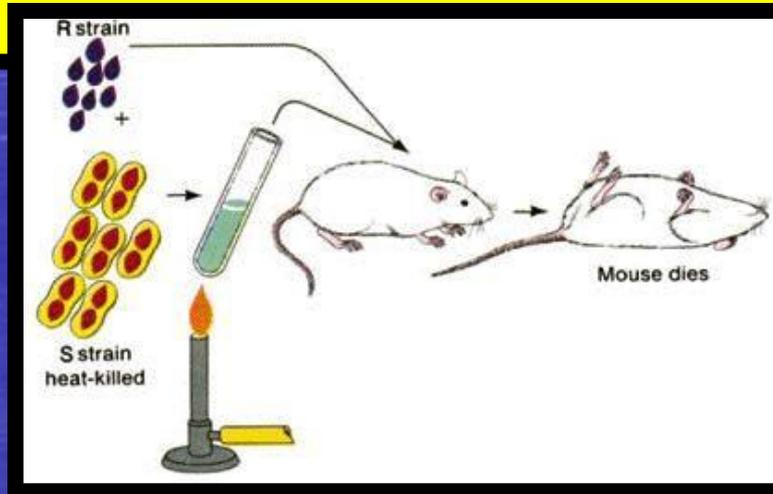
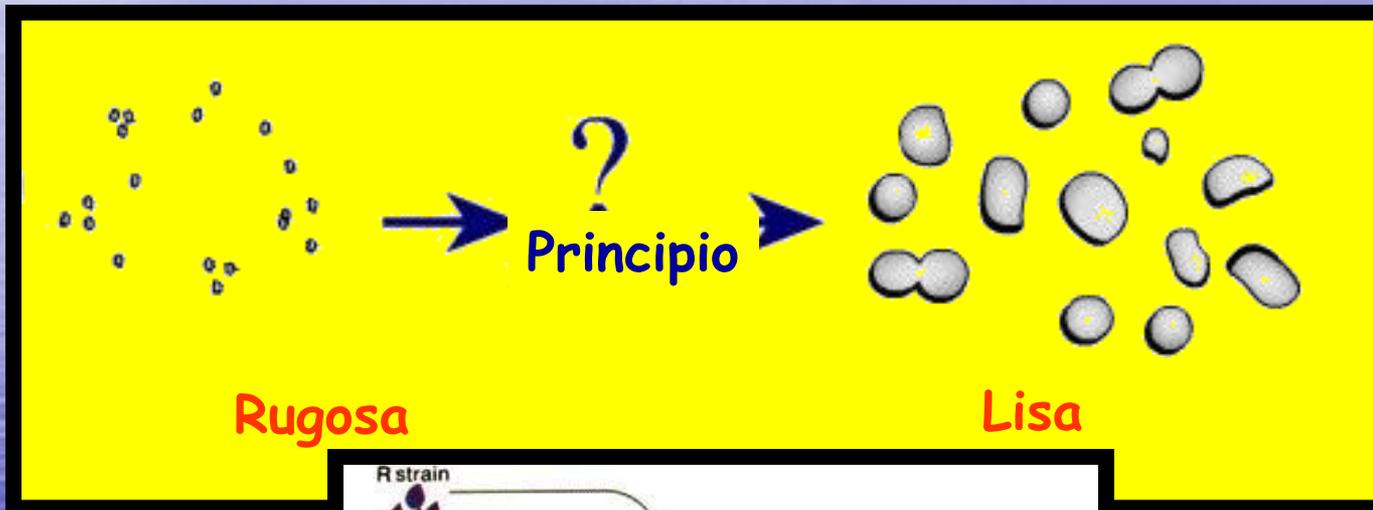
Transformación bacteriana en *Streptococcus pneumoniae* (Griffith 1928)



EXPERIENCIA DE GRIFFITH



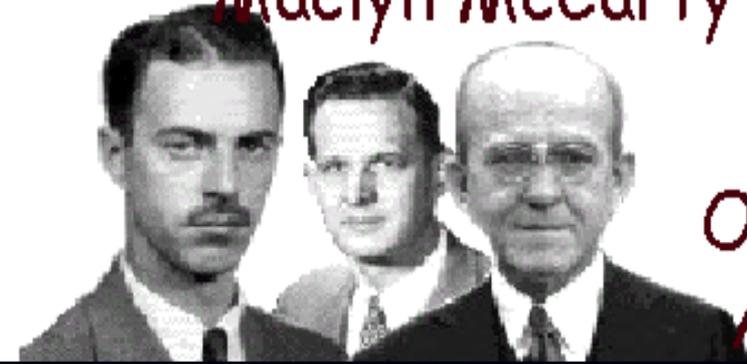
¿Cuál es el Principio transformante?



El elemento transformante es el DNA (1944)

Colin MacLeod

Maclyn McCarty



Oswald Avery

- COAT
- PROTEIN
- DNA
- RNA



NO COAT
NO PROTEINS
NO RNA



Sólo DNA produce transformación

Reglas de Chargaff



TABLE ADAPTED FROM CHARGAFF'S 1949 PAPER

DNA SOURCE	ADENINE	THYMINE	GUANINE	CYTOSINE
Calf Thymus	1.7	1.6	1.2	1.0
Beef Spleen	1.6	1.5	1.3	1.0
Yeast	1.8	1.9	1.0	1.0
Tubercle Bacillus	1.1	1.0	2.6	2.4

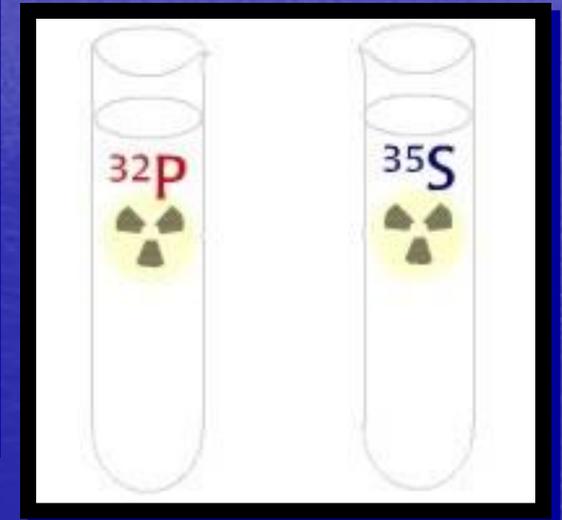
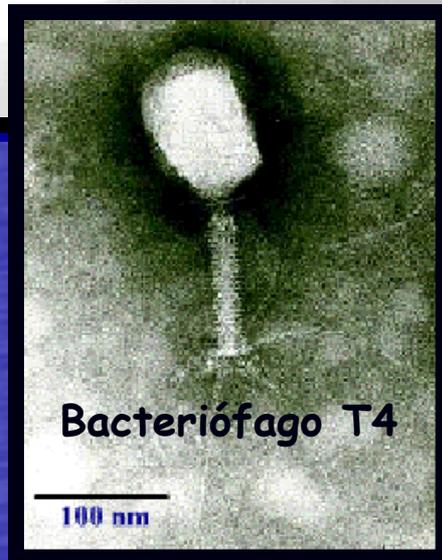
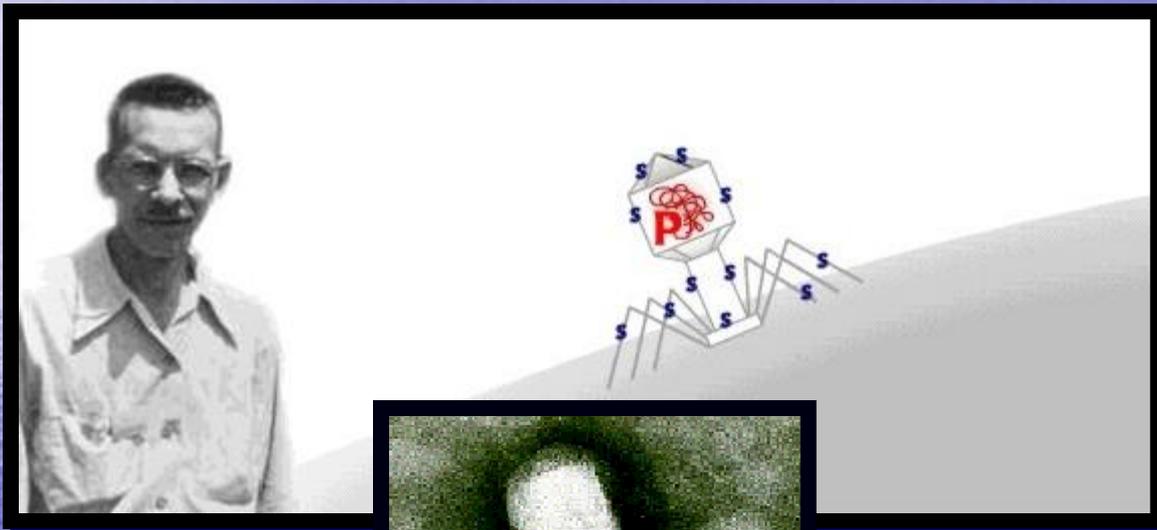
1. Proporción de purinas = Proporción de pirimidinas

$$A + G = C + T$$

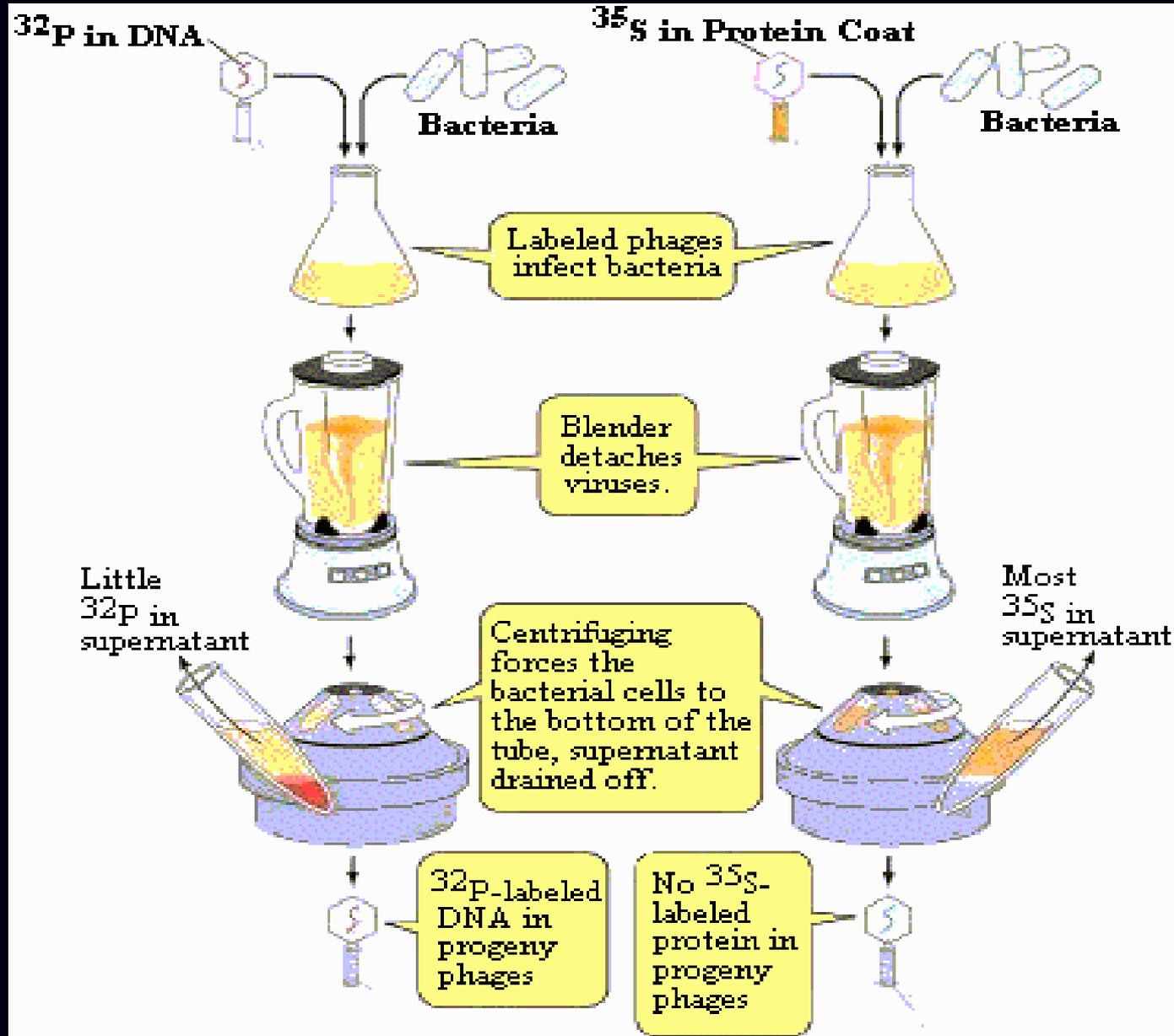
2. A = T

3. G = C

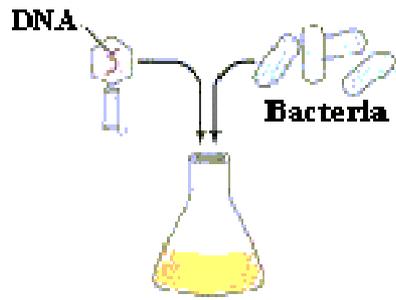
Experimento de Alfred Hershey y Martha Chase con fagos (1952)



El DNA es el material infeccioso



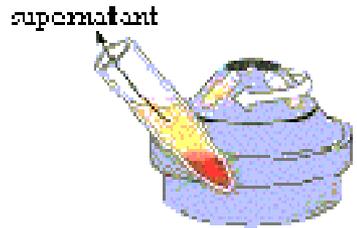
Cultivo de las bacterias con los fagos



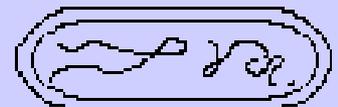
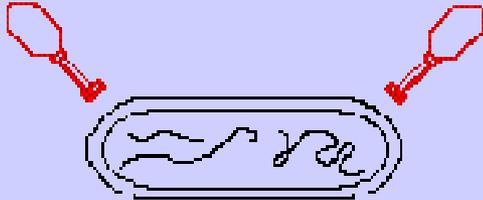
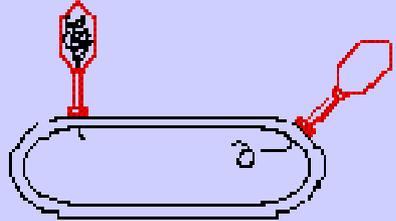
Separación fagos-bacterias



Centrifugación: las células sedimentan y los fagos no



Población de fagos que ha crecido en un medio con ^{35}S

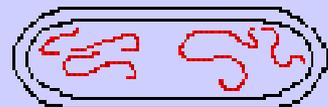
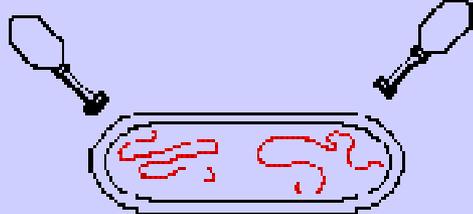
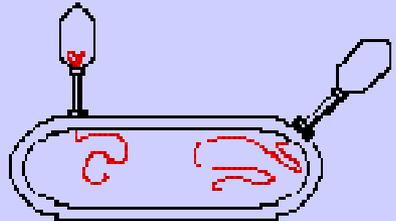


no sulfur detected in cells



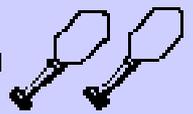
sulfur detected in supernatant

Población de fagos que ha crecido en un medio con ^{32}P

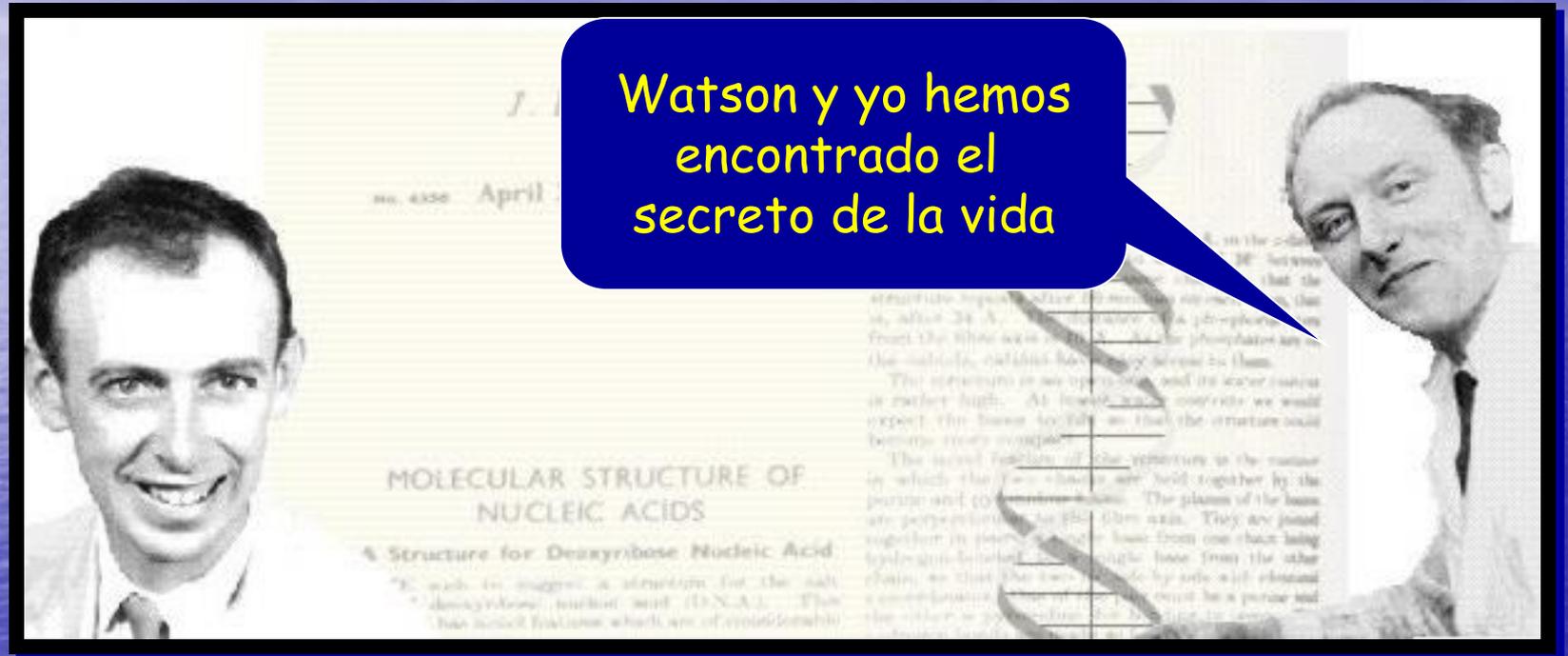


phosphorus detected in cells

no phosphorus detected in supernatant



Estructura del DNA: 1953, Año culminante:



J. Watson y F. Crick resuelven la estructura tridimensional del DNA

(Nature 171: 737-738)



Courtesy of Cold Spring Harbor Laboratory Archives.
Noncommercial, educational use only.



Courtesy of Cold Spring Harbor Laboratory Archives. Noncommercial, educational use only.



Courtesy of Cold Spring Harbor Laboratory Archives.
Noncommercial, educational use only.



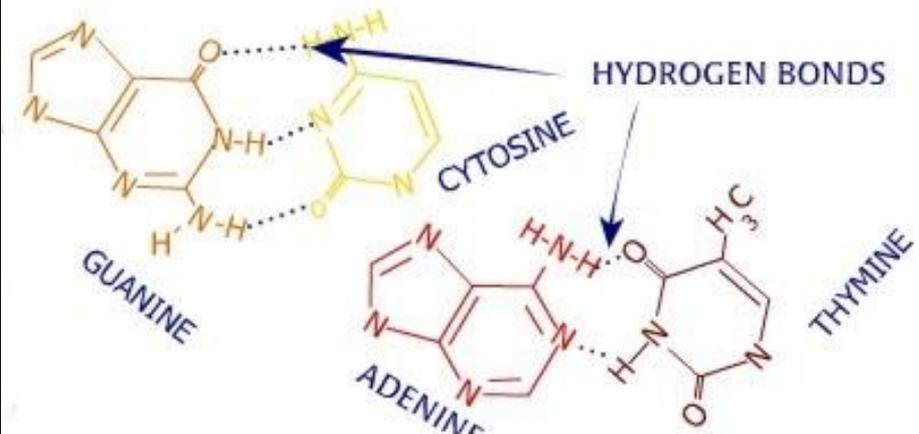
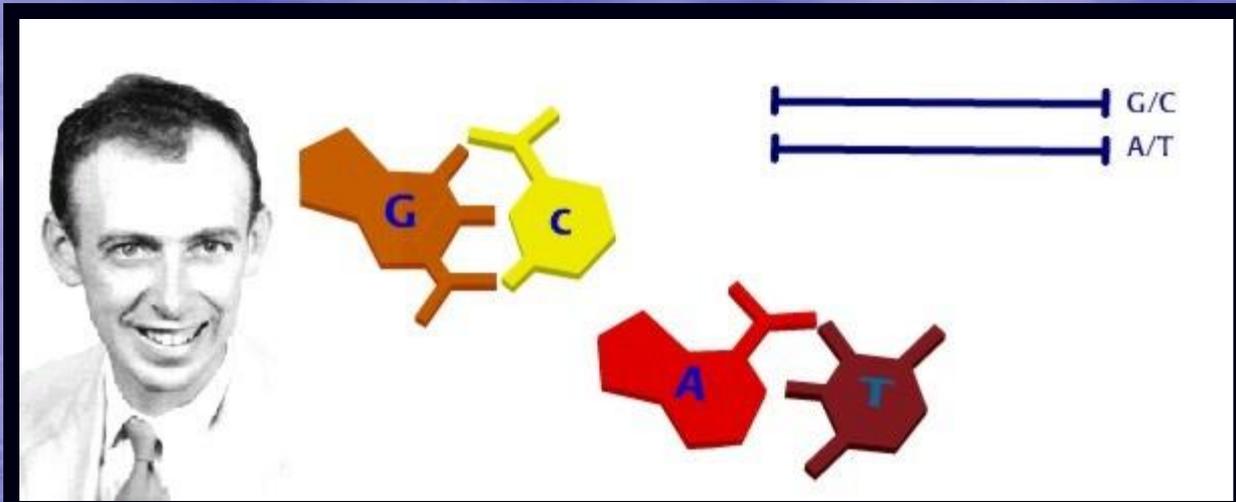
Courtesy of Cold Spring Harbor Laboratory Archives and Svenska Press Photo, Stockholm, Sweden.
Noncommercial, educational use only.

**Estructura del DNA:
1953, Año culminante:**

Dos líneas de evidencia:

- **Reglas de Chargaff**
- **Fotografías de difracción de rayos X**

Significado reglas de Chargaff

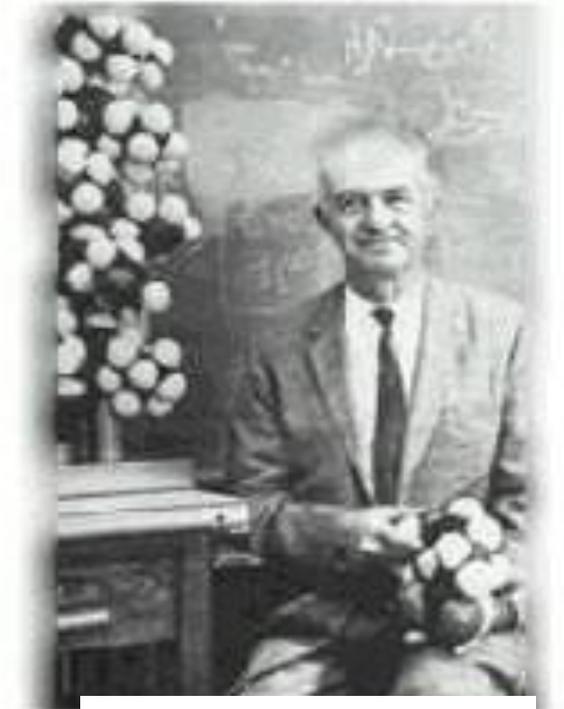
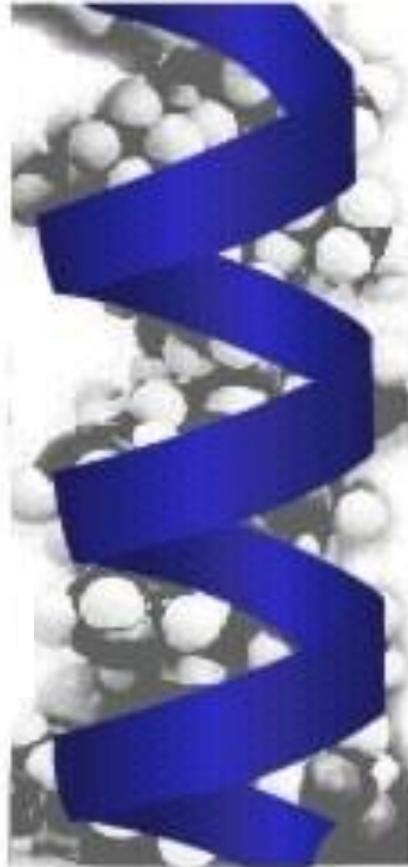


Complementariedad de las bases

Difracción de rayos X

ALPHA-HELIX

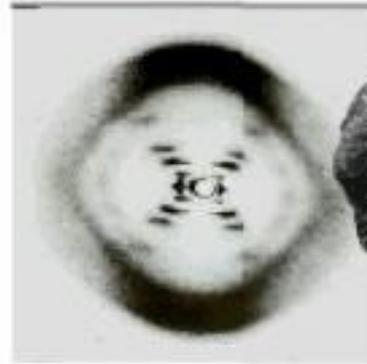
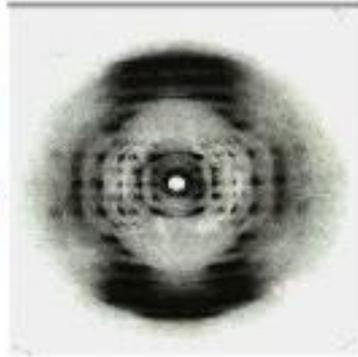
Hemoglobina



Linus Pauling

Interpretación del patrón difracción de rayos X del DNA

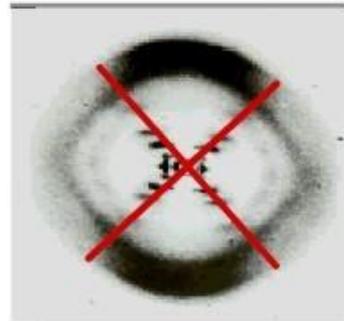
D
N
A



PHOTOGRAPHIC
FILM



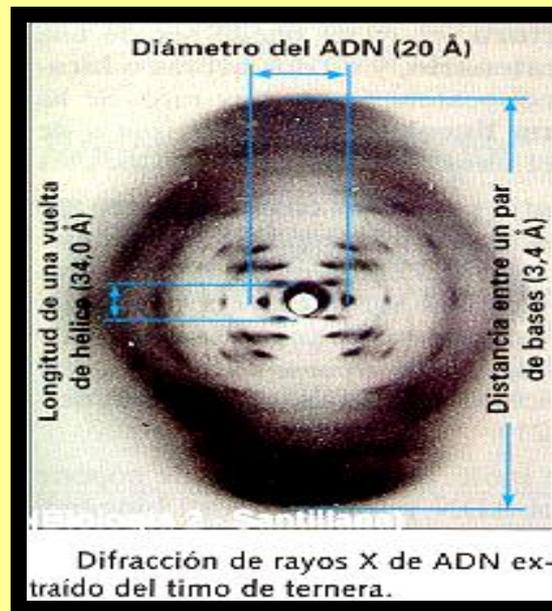
Rosalind E.
Franklin



Crick

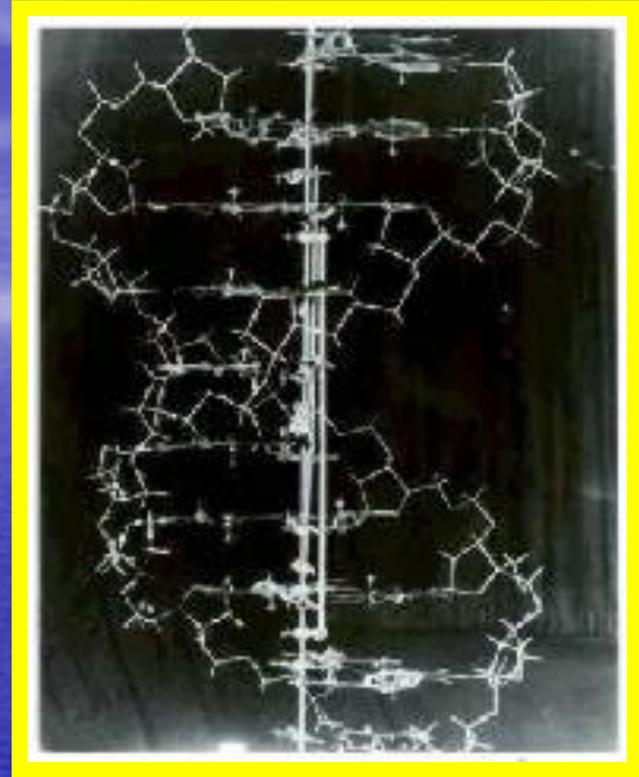
ESTRUCTURA SECUNDARIA DEL DNA

Es una estructura de doble hélice. Permite explicar el almacenamiento de la información genética y el mecanismo de duplicación del DNA. Fue postulada por Watson y Crick basándose en la difracción de rayos X realizada por Franklin y Wilkins.



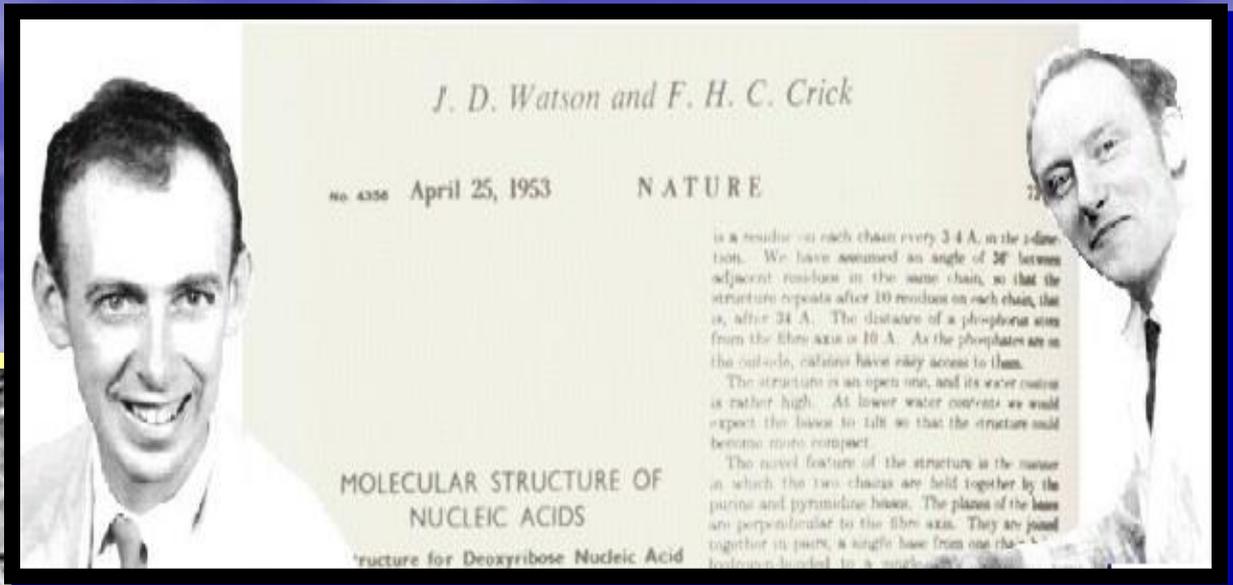
Modelo en metal del DNA

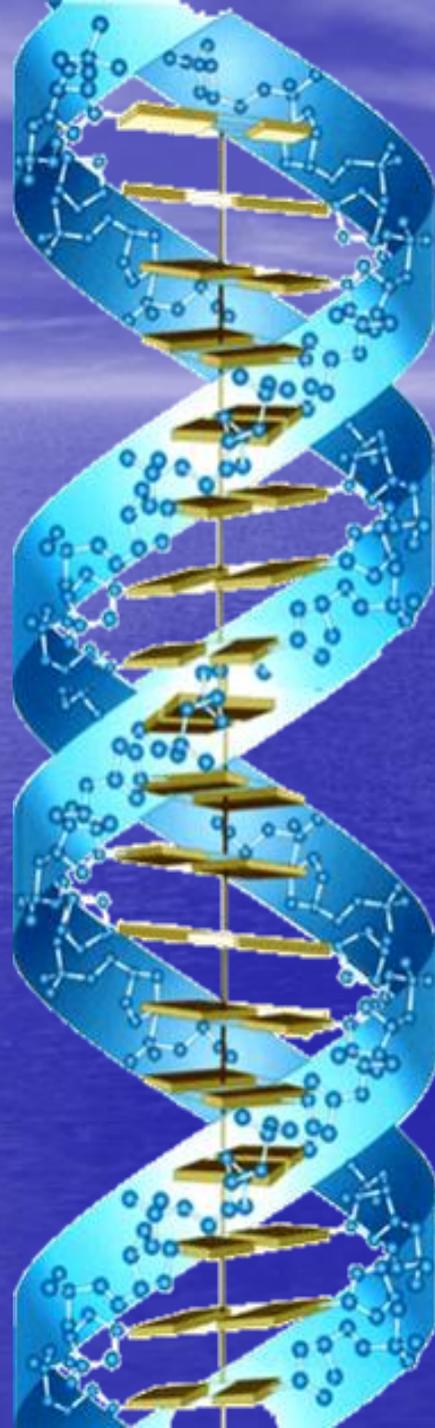
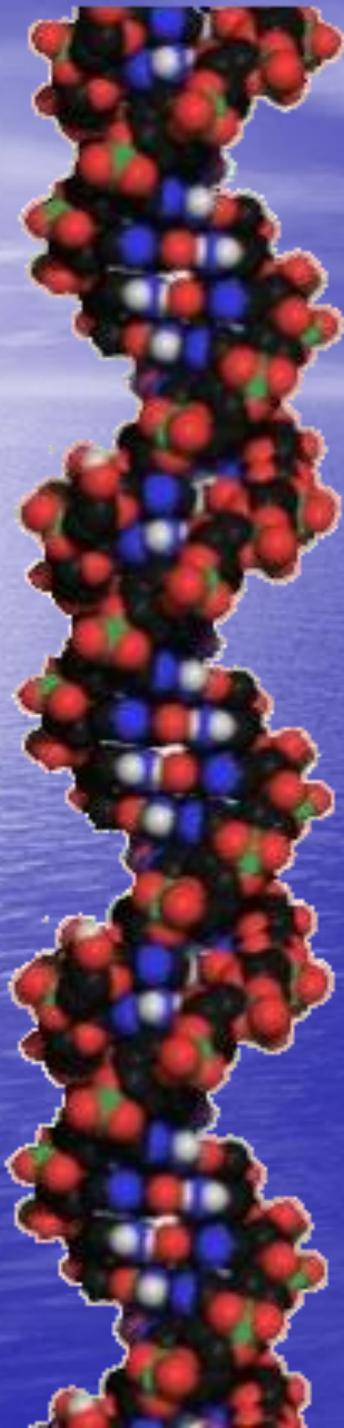
J. Watson y F. Crick



Concluyen: La estructura del DNA es una doble hélice, formada por cadenas orientadas en direcciones opuestas (antiparalelas). La estructura se mantiene gracias a enlaces de hidrógeno entre las bases nitrogenadas que se encuentran orientadas hacia el interior de las cadenas

1953





Una estructura tan bonita tenía, por fuerza, que existir

J. Watson



**Esto es para mí la prueba
verdadera de la existencia de
Dios**

Salvador Dalí

**Antes pensábamos que nuestro futuro estaba en las
estrellas. Ahora sabemos que está en nuestros
genes.**

James Watson

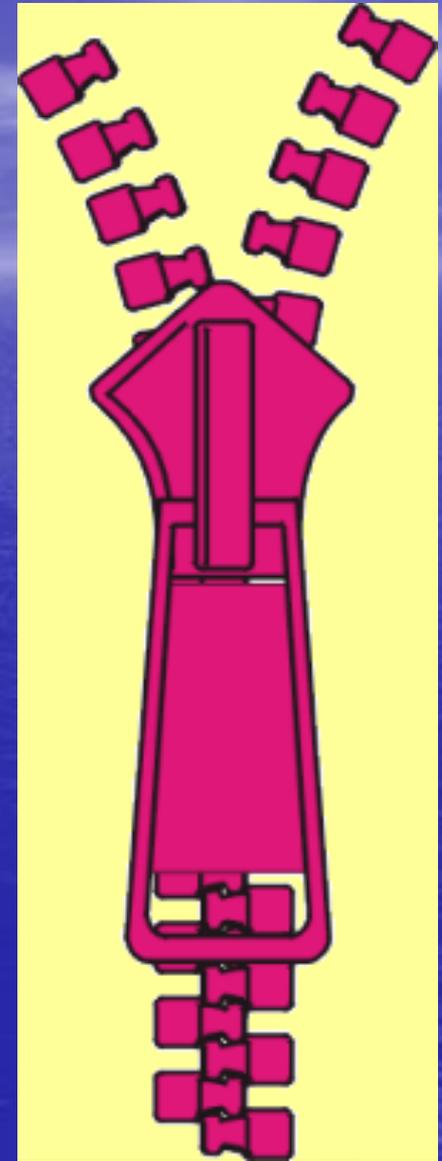


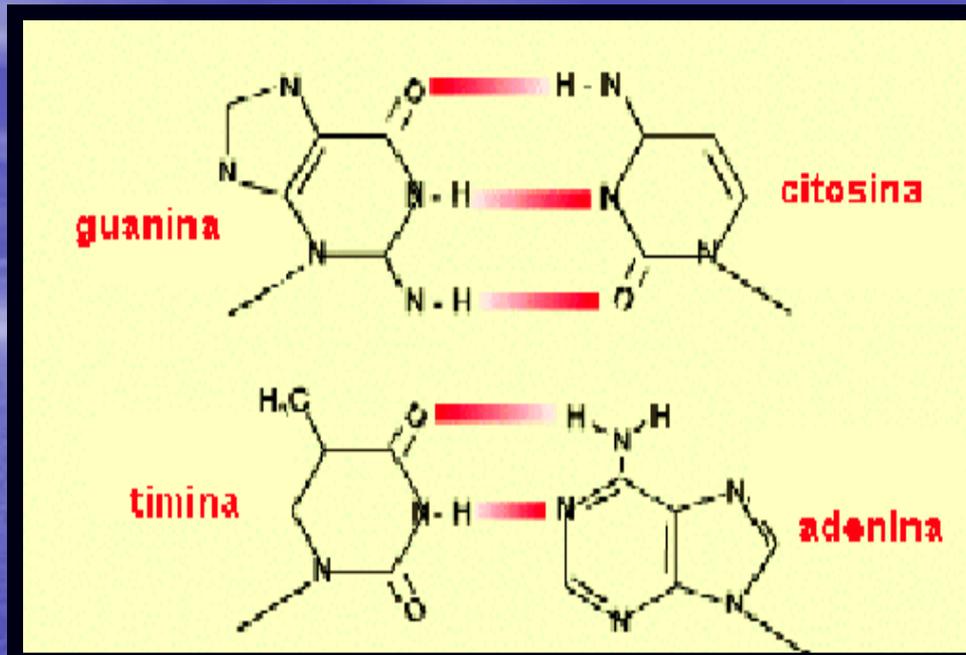
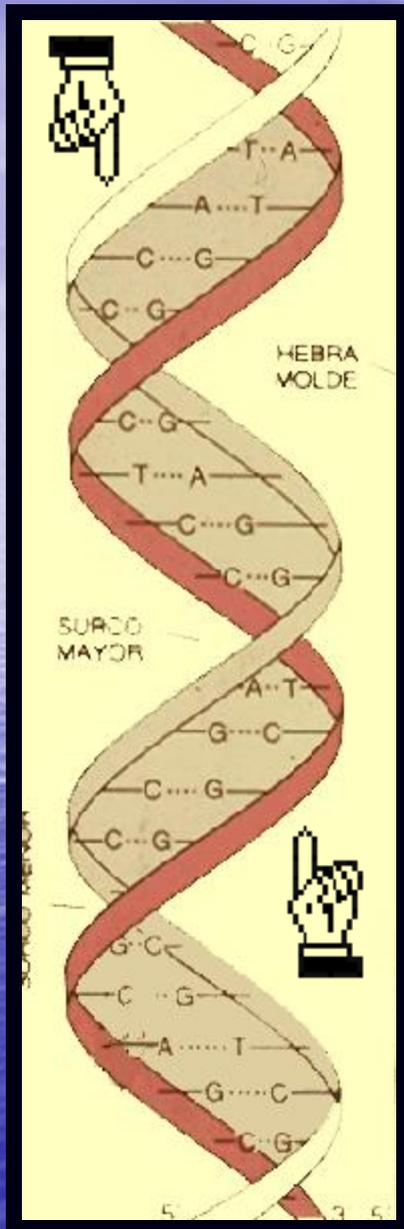
La estructura del DNA explica:

- La naturaleza de la secuencia lineal de los genes (información digital cuaternaria en secuencias unidimensionales de monómeros A,T,G,C)
- El mecanismo de replicación exacta de los genes
- La naturaleza química de las mutaciones
- Por qué la mutación, la recombinación y la expresión génica son fenómenos separables a nivel molecular

- Esencial a la relación íntima entre estructura molecular y función genética del DNA es el concepto de molde

- La complementariedad de las bases nitrogenadas permite que la secuencia de una cadena sencilla de DNA actúe como un molde para la formación de una copia complementaria de DNA (replicación) o de mRNA (transcripción)

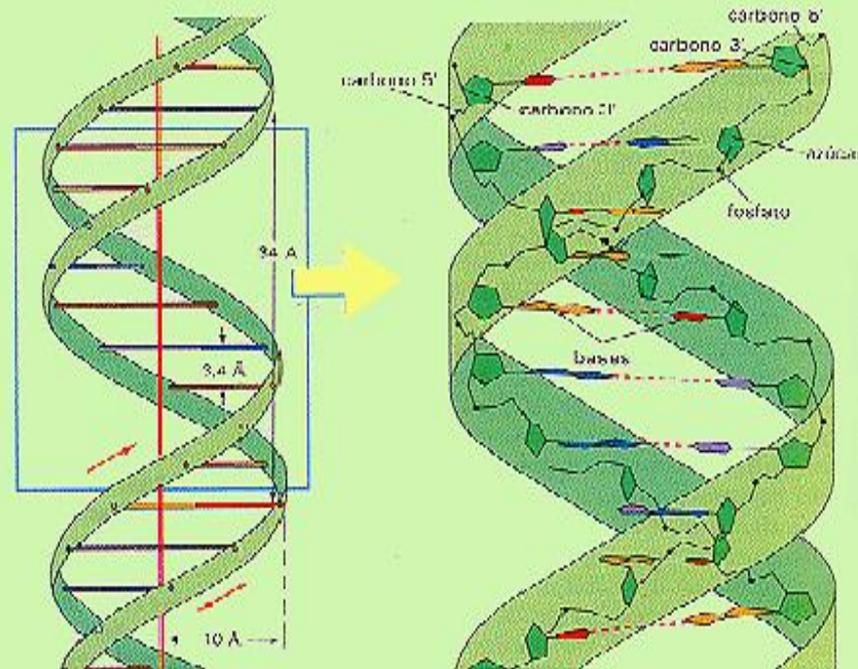




La estructura se mantiene gracias a enlaces de hidrógeno entre las bases nitrogenadas que se encuentran orientadas hacia el interior de las cadenas

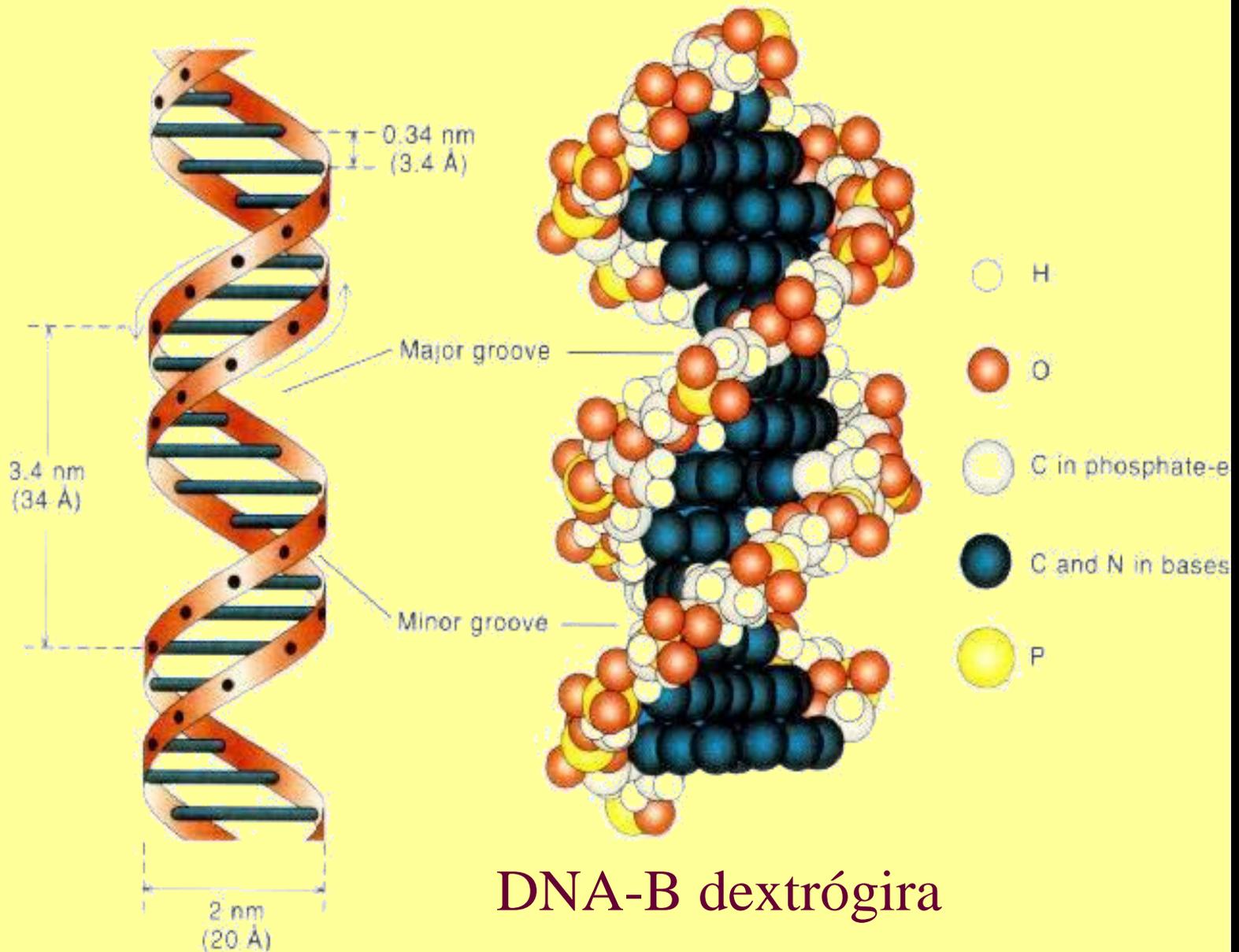
Doble hélice, formada por cadenas orientadas en direcciones opuestas (antiparalelas).

ESTRUCTURA SECUNDARIA DEL DNA: Doble hélice o fibra de DNA de 20Å



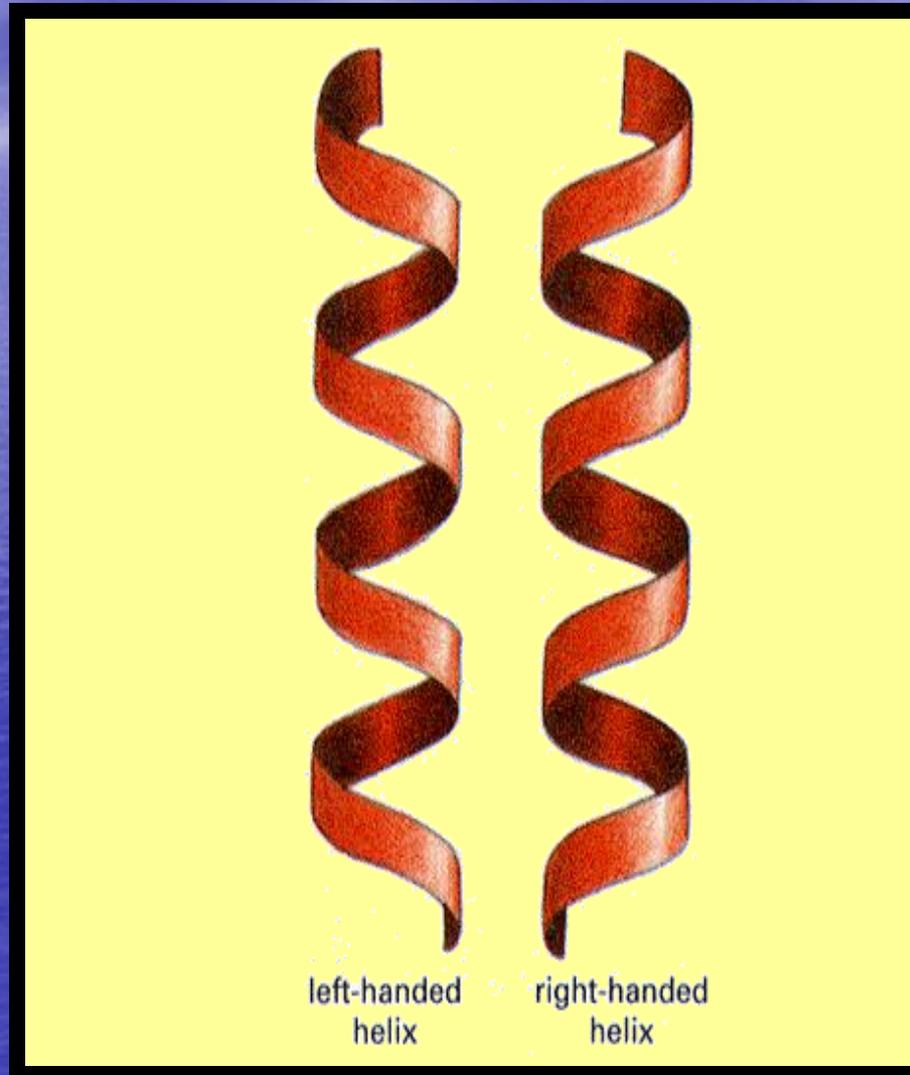
Es una cadena doble, dextrógira o levógira, según el tipo de ADN. Ambas cadenas son complementarias, pues la adenina de una se une a la timina de la otra, y la guanina de una a la citosina de la otra. Ambas cadenas son antiparalelas, pues el extremo 3' de una se enfrenta al extremo 5' de la otra.

Existen tres modelos de ADN. El ADN de tipo B es el más abundante y es el descubierto por Watson y Crick.



DNA-B dextrógira

Hélices levóginas y dextróginas



FORMAS ESTRUCTURALES DEL DNA

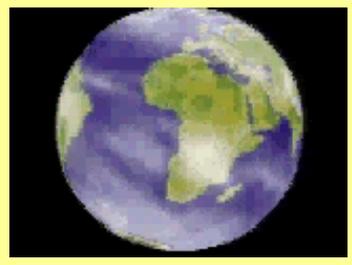
- La doble hélice es capaz de adoptar muchas formas y de interaccionar de muchas maneras con otras moléculas presentes en la célula.
- Se han descrito tres formas estructurales de DNA :
 - El **DNA B**, dextrógira, que corresponde con el modelo de Watson y Crick.
 - El **DNA A**, en el que los pares de bases están desplazados hacia el exterior de la hélice.
 - El **DNA Z**, levógira, que tiene un esqueleto más irregular con un solo surco que discurre en forma de Z. Está generada por ciertas secuencias alternantes de purinas y pirimidinas.



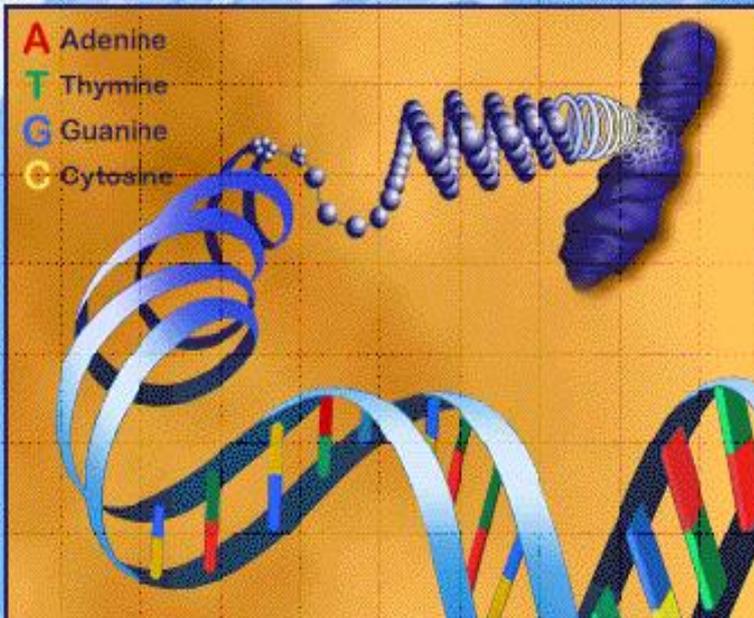
Hay grandeza en esta concepción de la vida,... que mientras este planeta ha ido girando según la constante ley de la gravitación, se han desarrollado y se están desarrollando, a partir de un comienzo tan sencillo, infinidad de formas cada vez más bellas y

maravillosas

Charles Darwin



BASES NUCLEOTIDICAS



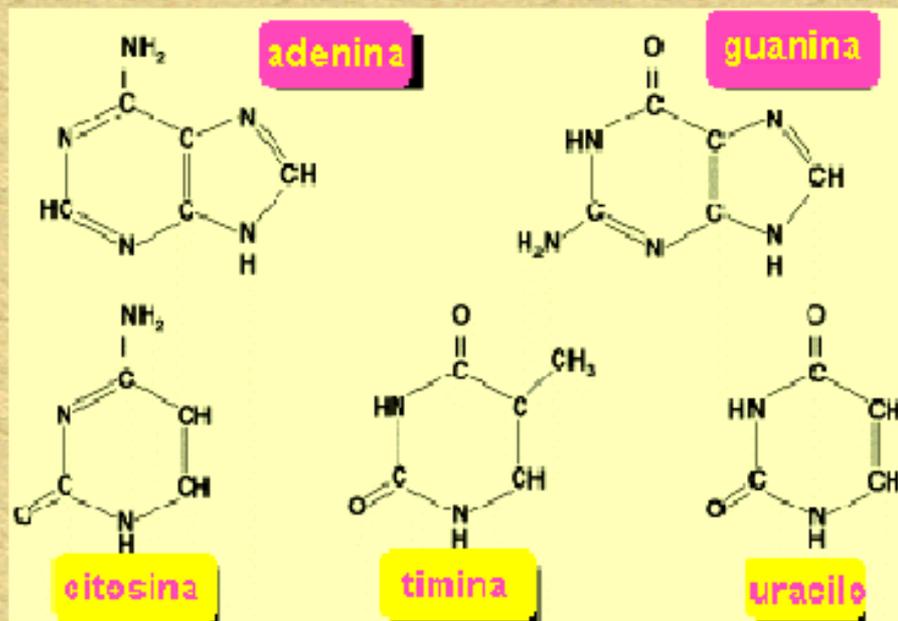
Nucleotide Bases

- Adenine (A)
- Thymine (T)
- Guanine (G)
- Cytosine (C)

BASES NITROGENADAS

Las bases nitrogenadas que componen los ácidos nucleicos son los compuestos que codifican la información genética en la molécula.

Las bases nitrogenadas se clasifican en dos grandes familias:



enlazado de Biología

1.- Bases púricas:

Adenina

Guanina

2.- Bases pirimidínicas:

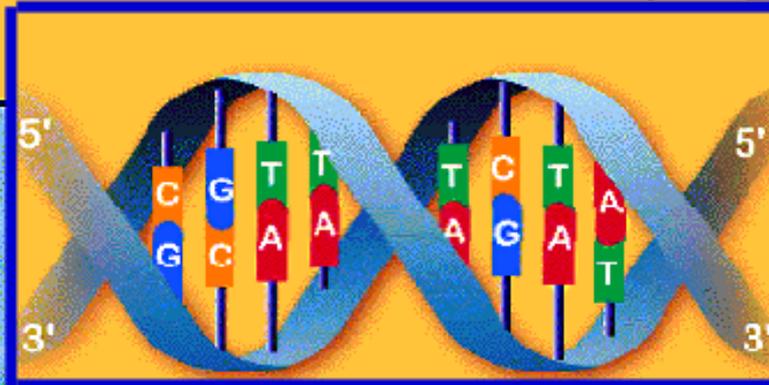
Citosina

Timina

Uracilo

Las bases nitrogenadas, al igual que las pentosas, varían en la composición de los ácidos nucleicos. El ADN contiene adenina-guanina-citosina y timina que se emparejan en la doble hélice una de cada familia A-T y G-C

APAREAMIENTO DE BASES



Base pairs bond the double helix together.

The “beginning” of a strand of a **DNA** molecule is defined as **5'**.

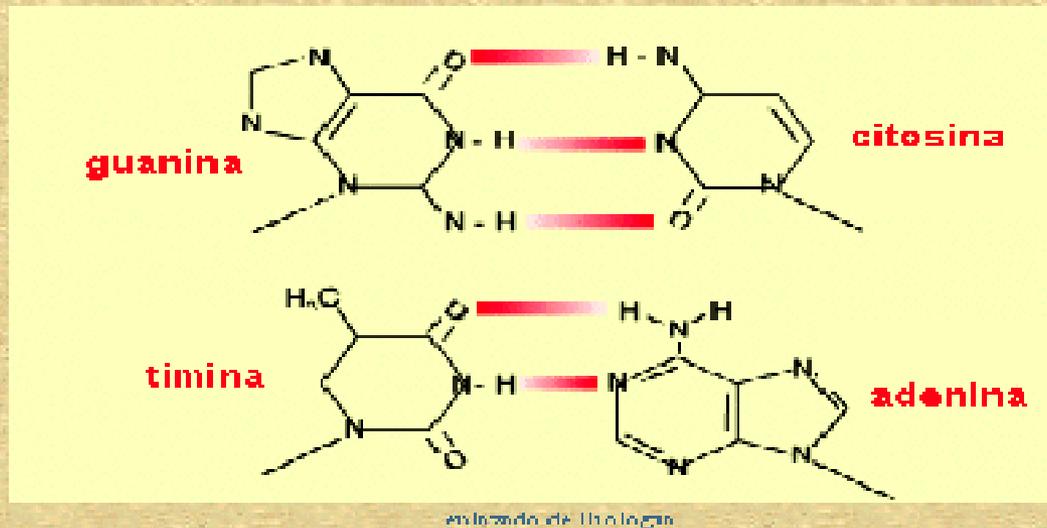
The “end” of the strand of a DNA molecule is defined as **3'**.

The 5' and 3' terms refer to the position of the bases relative to the sugar molecule in the DNA backbone.

The two strands in a double helix run in opposite directions.

BASES NITROGENADAS

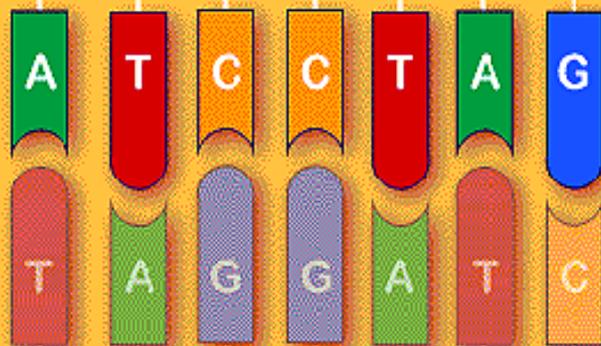
Las bases nitrogenadas, al igual que las pentosas, varían en la composición de los ácidos nucleicos. El ADN contiene adenina-guanina-citosina y timina que se emparejan en la doble hélice una de cada familia A-T y G-C.



El RNA contiene Uracilo en vez de Timina.

El DNA y todas las formas bicatenarias (duplex) de los ácidos nucleicos se unen entre sí gracias a los enlaces de hidrógeno que se establecen entre sus bases. La Timina enlaza con la Adenina con dos enlaces y la Guanina y la citosina se unen entre sí por tres enlaces de hidrógeno.

Sequence of Base Pairs



The order of nucleotide bases along a DNA strand is known as the sequence

Parent Strands



During **cell** division the entire DNA of the cell is copied:

- Strands separate
- Complementary strands, are generated
- Two duplicate **DNA sequences** are produced

DOGMA CENTRAL DE LA BIOLOGIA MOLECULAR

El dogma central de la biología molecular explica el flujo o procesamiento de la información genética en la mayoría de los organismos conocidos. En el dogma se distinguen tres etapas:



1. La replicación, en la cual se copia el DNA progenitor en moléculas hijas idénticas al DNA progenitor.

2. La transcripción que es el proceso mediante el cual se transcribe o pasa la información genética del DNA al RNA, para ser llevado al lugar de síntesis de las proteínas: los ribosomas.

3. La Traducción es el proceso mediante el que el mensaje cifrado en el idioma de los tripletes de bases (código genético) es descifrado por los RNA sintetizándose una proteína.

TRANSCRIPCION INVERSA

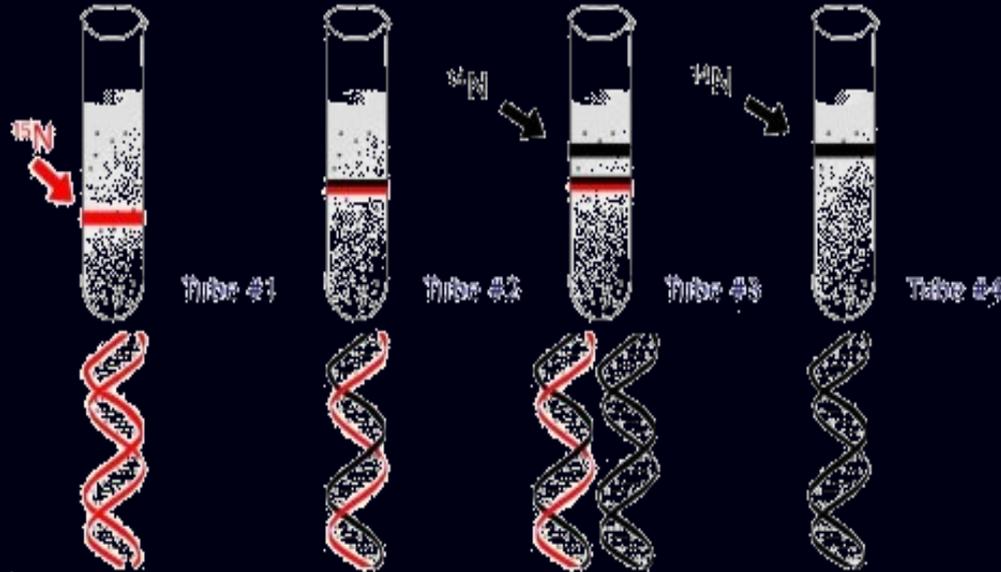
En algunas bacterias y virus la información genética se almacena en forma de RNA, y tienen la capacidad de sintetizar DNA a partir de RNA, por ello, el dogma se ha modificado para incluir a estos organismos contemplando el proceso de transcripción inversa.



Replicación del DNA



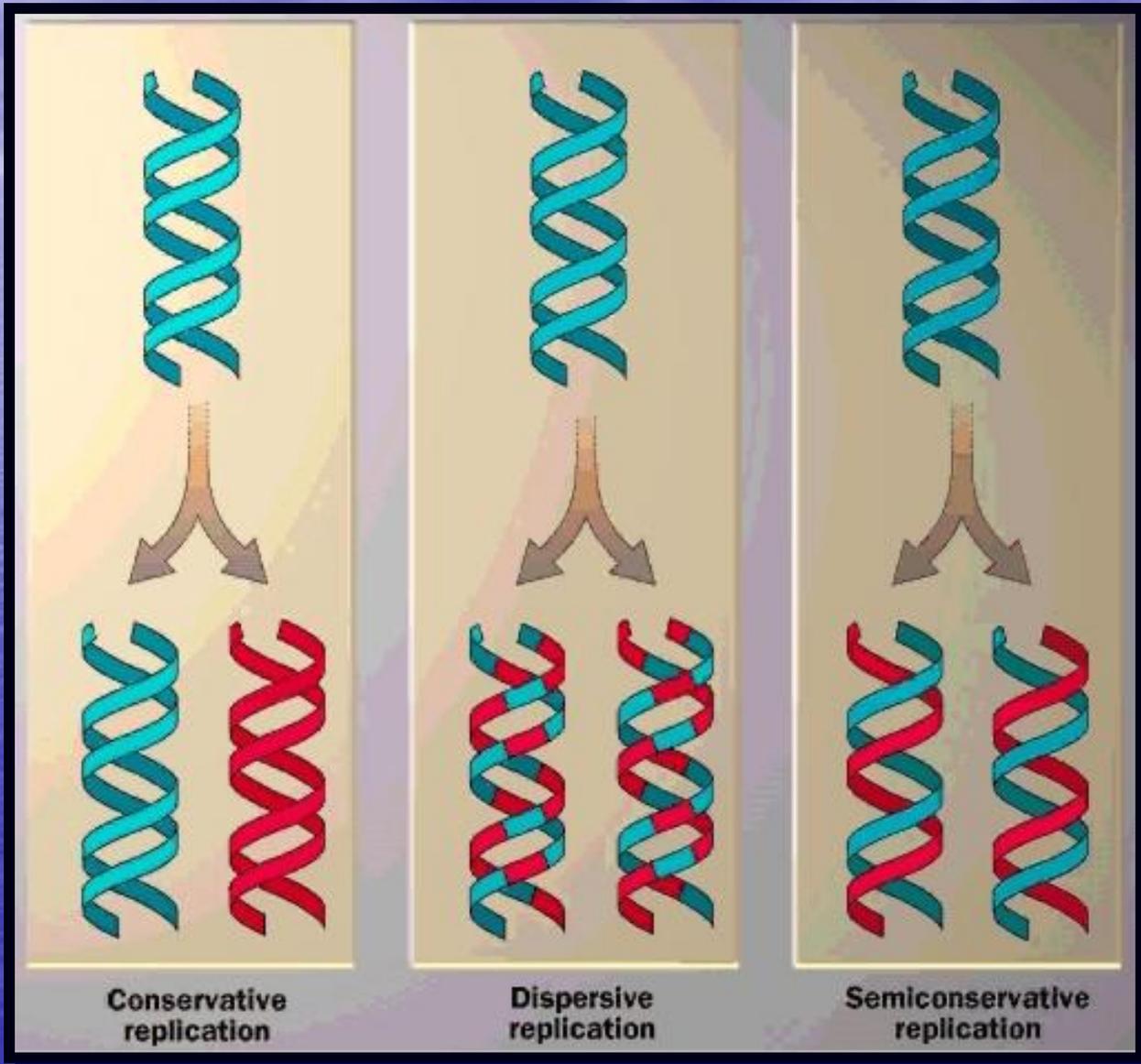
Mathew Meselson



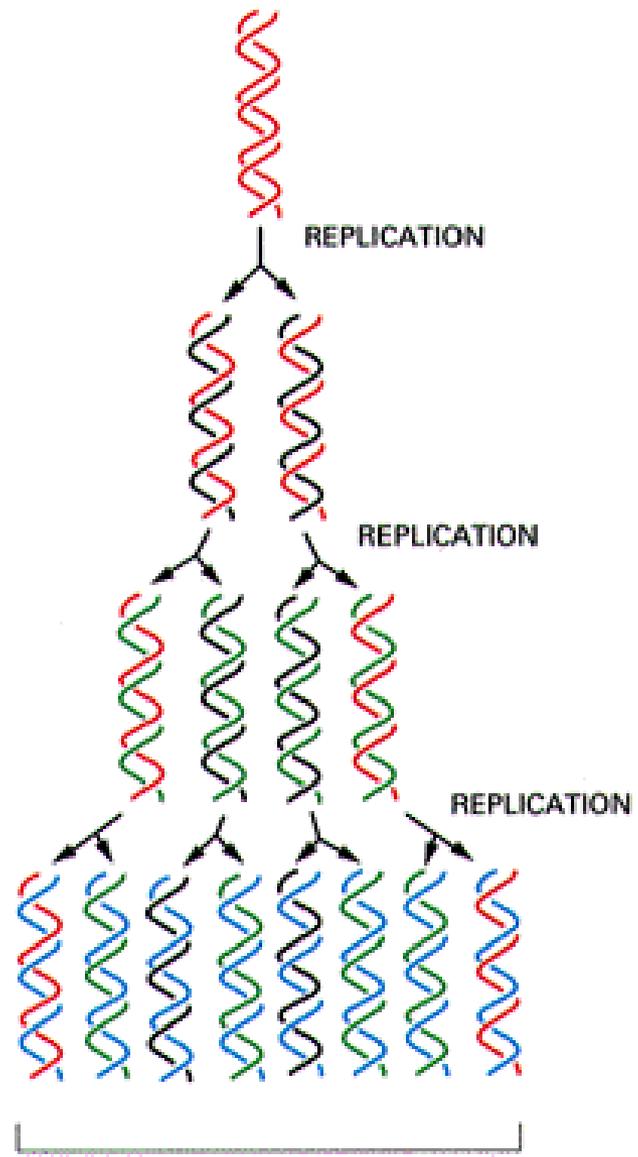
Frank Stahl

- Semiconservativa: una cadena sirve de molde para una nueva cadena
- El experimento de M. Meselson y F. Stahl (1958) demuestra que la replicación es semiconservativa

Posibles modelos de replicación



parental DNA double helix

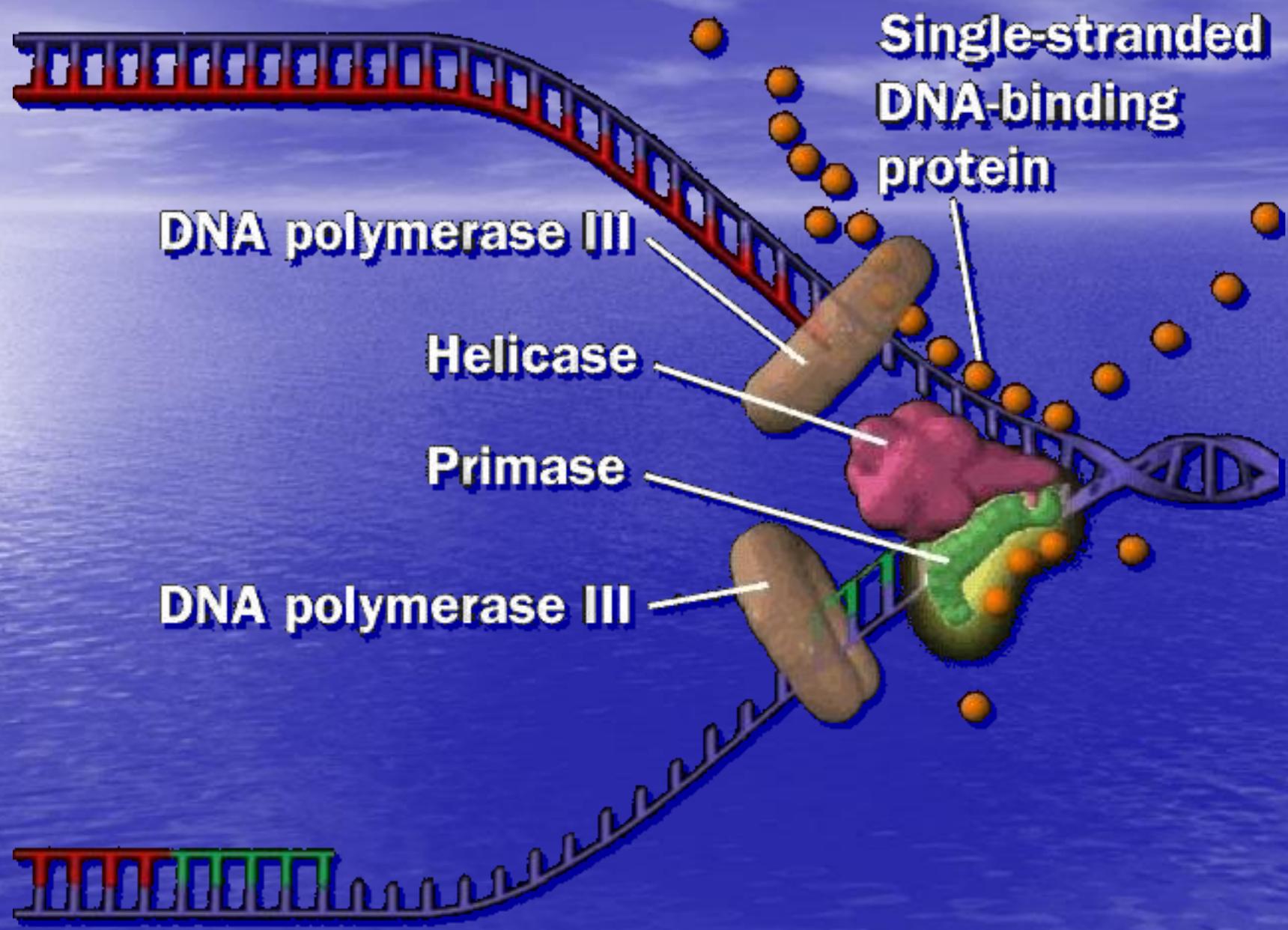


PROCESO DE REPLICACION DEL DNA

Primera Etapa

-1ª etapa: desenrollamiento y apertura de la doble hélice. Interviene un grupo de enzimas y proteínas que en su conjunto se denomina **replisoma**.

- **Primero:** intervienen las helicasa que facilitan el desenrollamiento.
- **Segundo:** actúan las girasas y topoisomerasas que eliminan la tensión generada por la torsión en el desenrollamiento
- **Tercero:** Actúan las proteínas SSBP que se unen a las hebras molde para que no vuelva a enrollarse



PROCESO DE REPLICACION DEL DNA:

Segunda Etapa

2ª etapa: Síntesis de dos nuevas hebras de DNA.

- Actúan las DNA polimerasas para sintetizar las nuevas hebras en sentido $5' \rightarrow 3'$, ya que la lectura se hace en el sentido $3' \rightarrow 5'$.
- Intervienen las DNA polimerasas I y III que se encargan de la replicación y corrección de errores. La que lleva la mayor parte del trabajo es la DNA polimerasa III. Actúa la DNA polimerasa II corrigiendo daños causados por agentes físicos.
- La cadena $3' \rightarrow 5'$ es leída por la DNA polimerasa III sin ningún tipo de problemas (cadena conductora).

La cadena $5' \rightarrow 3'$ no puede ser leída directamente, esto se soluciona leyendo pequeños fragmentos (fragmentos de Okazaki) que crecen en el sentido $5' \rightarrow 3'$ y que más tarde se unen. Esta es la hebra retardada llamada de esta forma porque su síntesis es más lenta.

La DNA polimerasa III es incapaz de iniciar la síntesis por sí sola, para esto necesita un cebador (RNA) que es sintetizado por una RNA polimerasa (primasa). Este cebador es eliminado posteriormente.

PROCESO DE REPLICACION DEL DNA:

Tercera Etapa

3ª etapa: Corrección de errores:

La enzima principal en esta fase es la DNA polimerasa III, que corrige todos los errores cometidos en la replicación o duplicación. También intervienen otras enzimas como:

- Endonucleasas que cortan el segmento erróneo.
- DNA polimerasas I que rellenan correctamente la secuencia.
- DNA ligasas que unen los extremos corregidos.

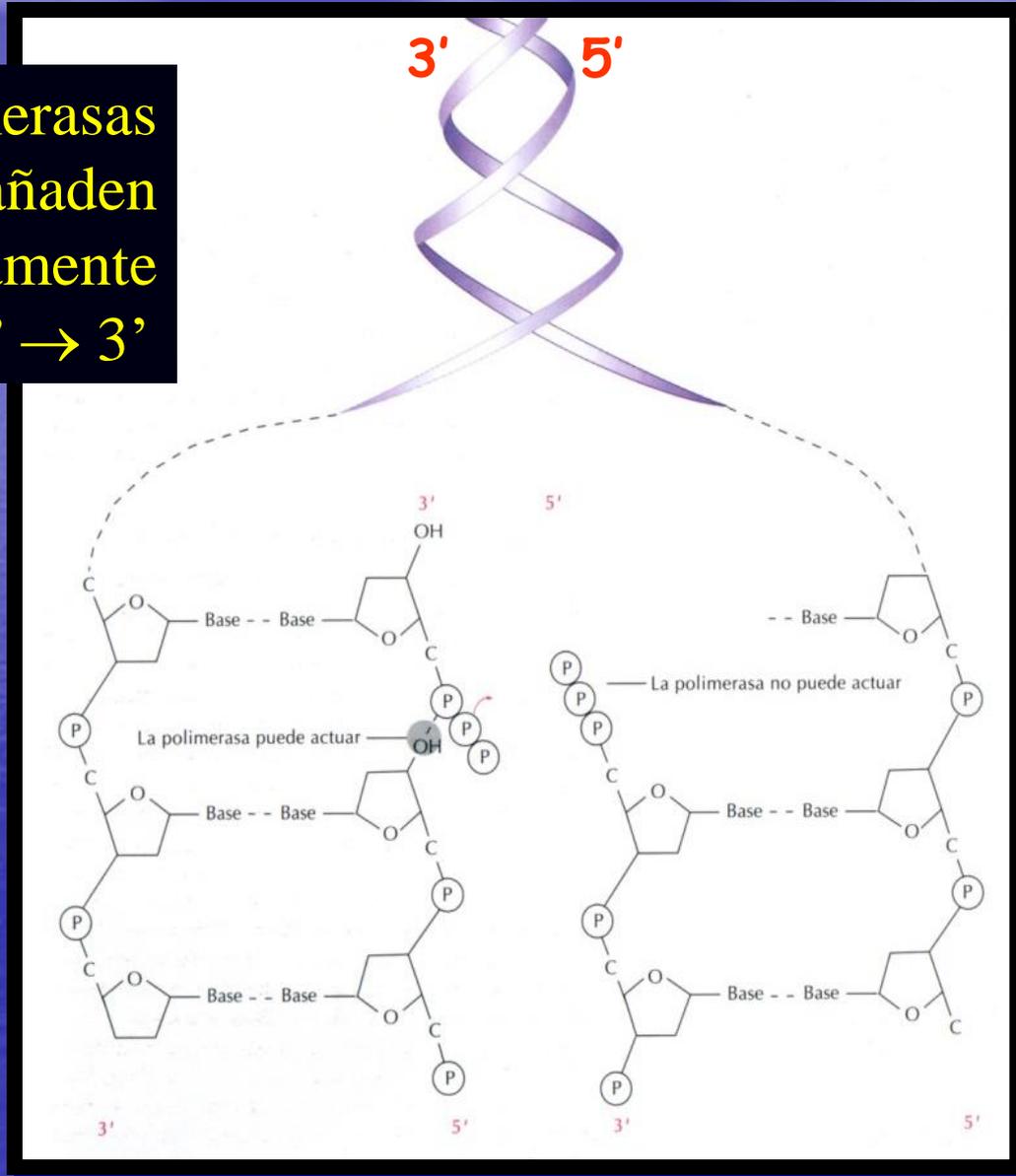
Las Polimerasas de los eucariontes se denominan Polimerasa α , β y γ . La polimerasa α es la responsable de la elongación de la cadena. La polimerasa β está implicada en los procesos de reparación. La polimerasa γ es mitocondrial.

En procariontes el proceso de síntesis de histonas ocurre concomitantemente con la síntesis de DNA.

Replicación del DNA

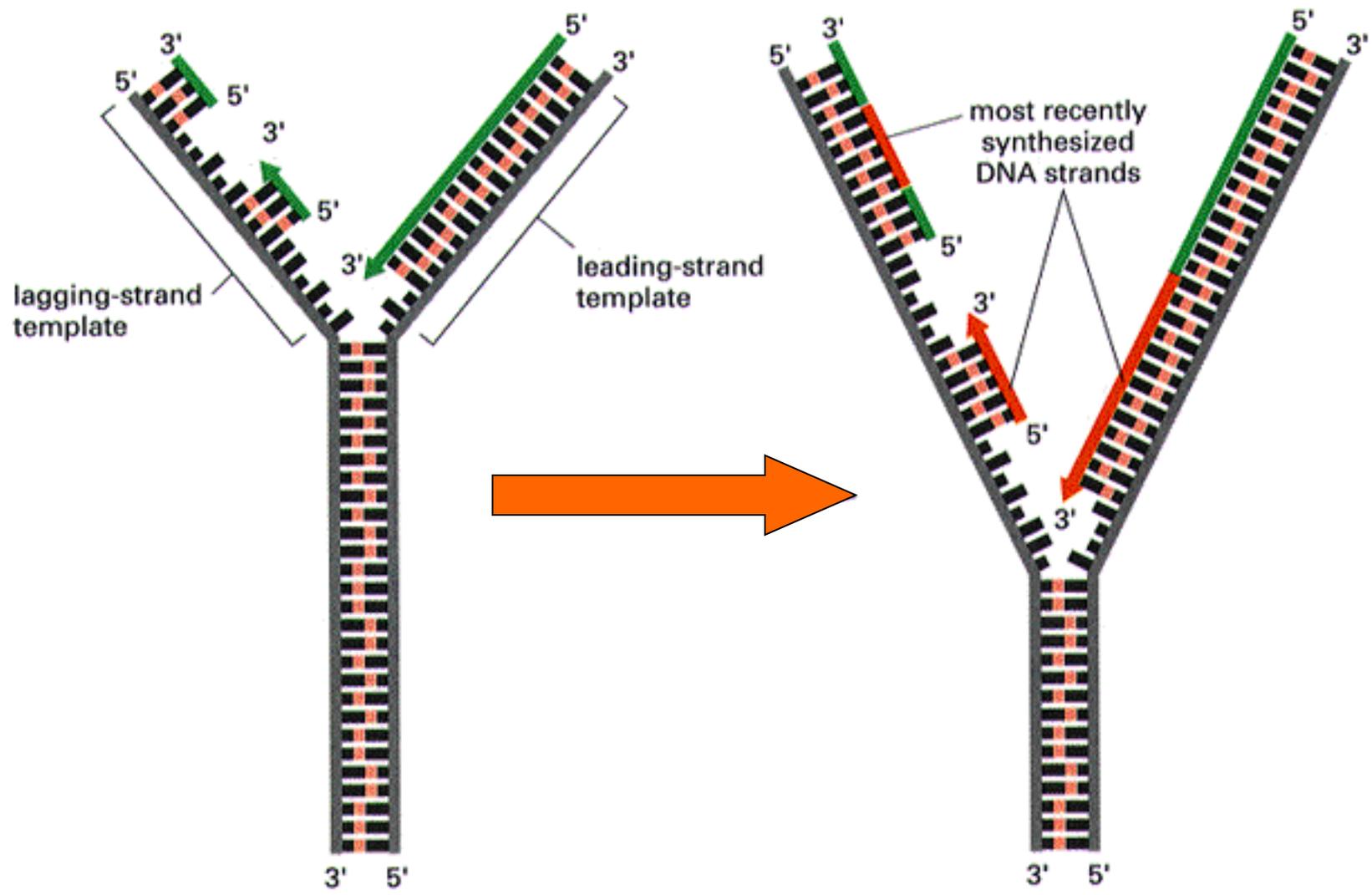
- Enzimas que sintetizan (replican) el DNA
 - E. coli
 - DNA polimerasa I (rellena huecos y repara)
 - DNA polimerasa II y III (función principal en la síntesis)
 - Añade bases en ambas cadenas en la dirección 5' → 3'
 - Requiere un 3' OH final
 - Eucariotas
 - 5 polimerasas
 - α y β principal en replicación
 - δ , ϵ y γ exonucleasas
 - Corrección de pruebas: actividad 3' → 5' exonucleotídica. Sustituye bases mal emparejadas (10^{-5}) por correctas (10^{-7})

Las polimerasas conocidas añaden nucleótidos solamente en la dirección 5' → 3'

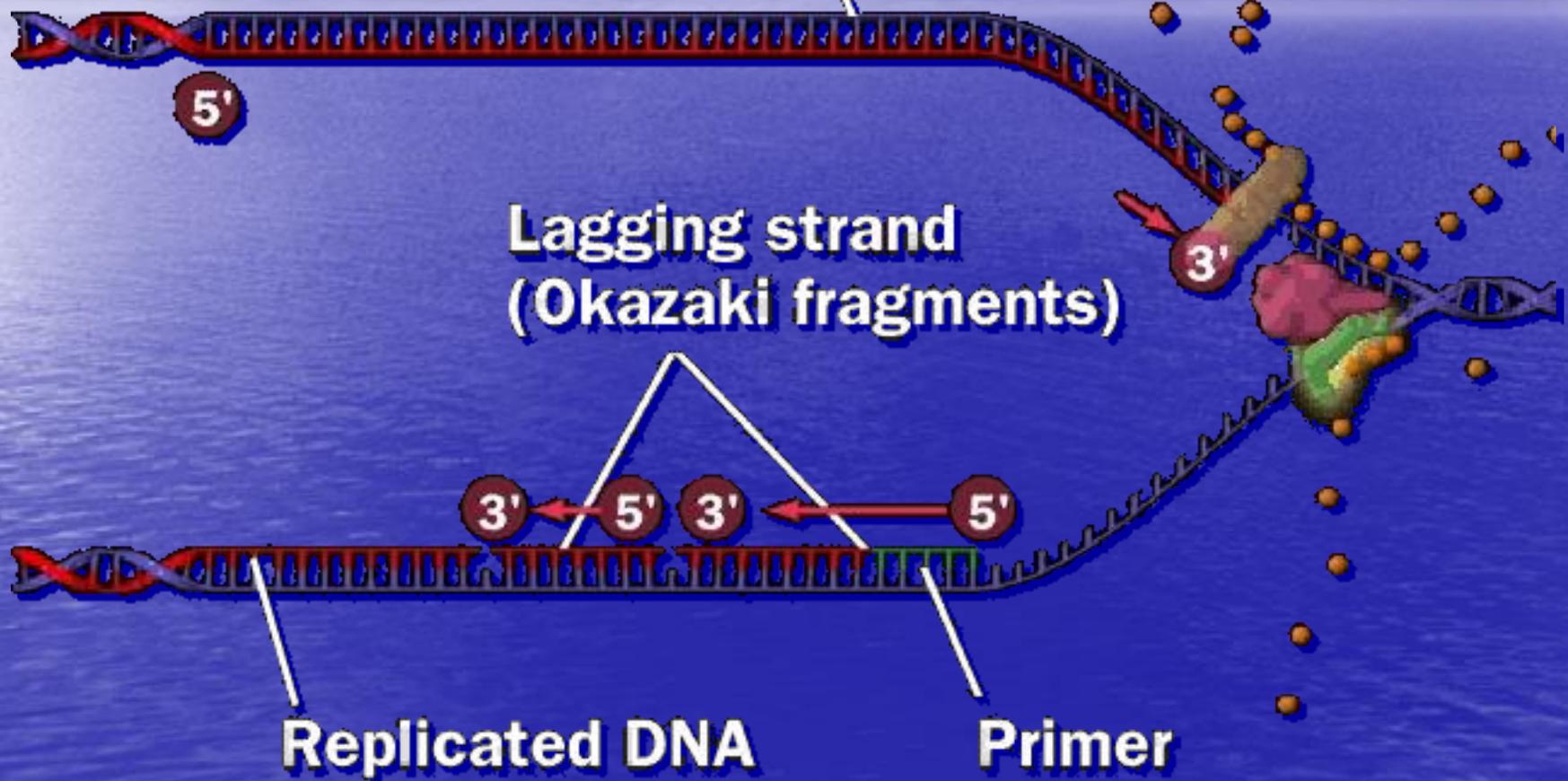


Replicación del DNA

- Replicación: continua (cadena adelantada) y discontinua (cadena retrasada)
- Discontinua
 - Cebador (pequeño RNA 2-60 nucleótidos añadido por enzima primasa o RNA pol que provee 3' OH)
 - Fragmento de Okazaki por DNA pol III (1500 bp en procariotas y 150 en eucariotas)
 - Pol I elimina cebador 3' -> 5' y llena huecos (*gap*)
 - Ligación (DNA ligasa, enlace fosfodiéster)



**Leading strand
(continuous replication)**

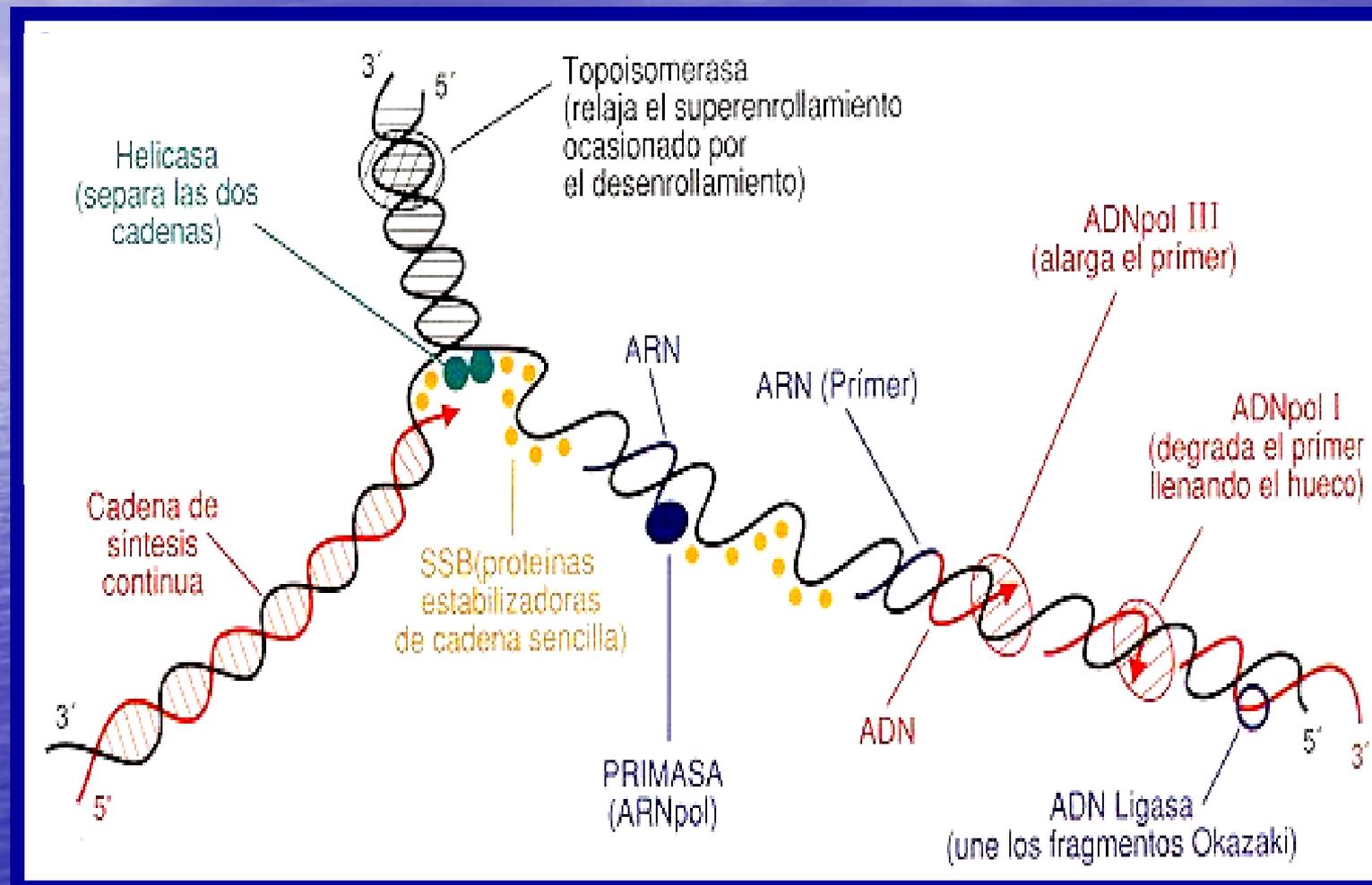


**Lagging strand
(Okazaki fragments)**

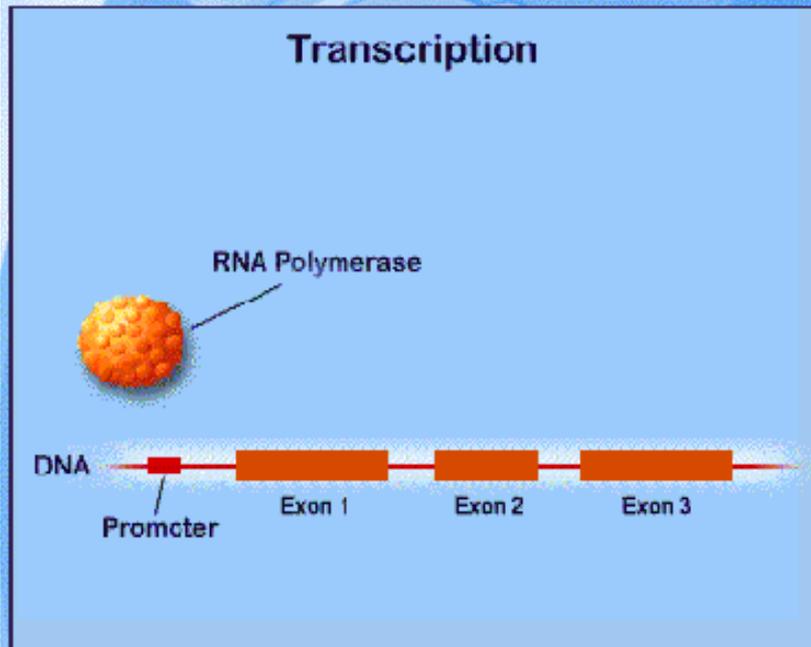
Replicated DNA

Primer

REPLICACIÓN



TRANSCRIPCION



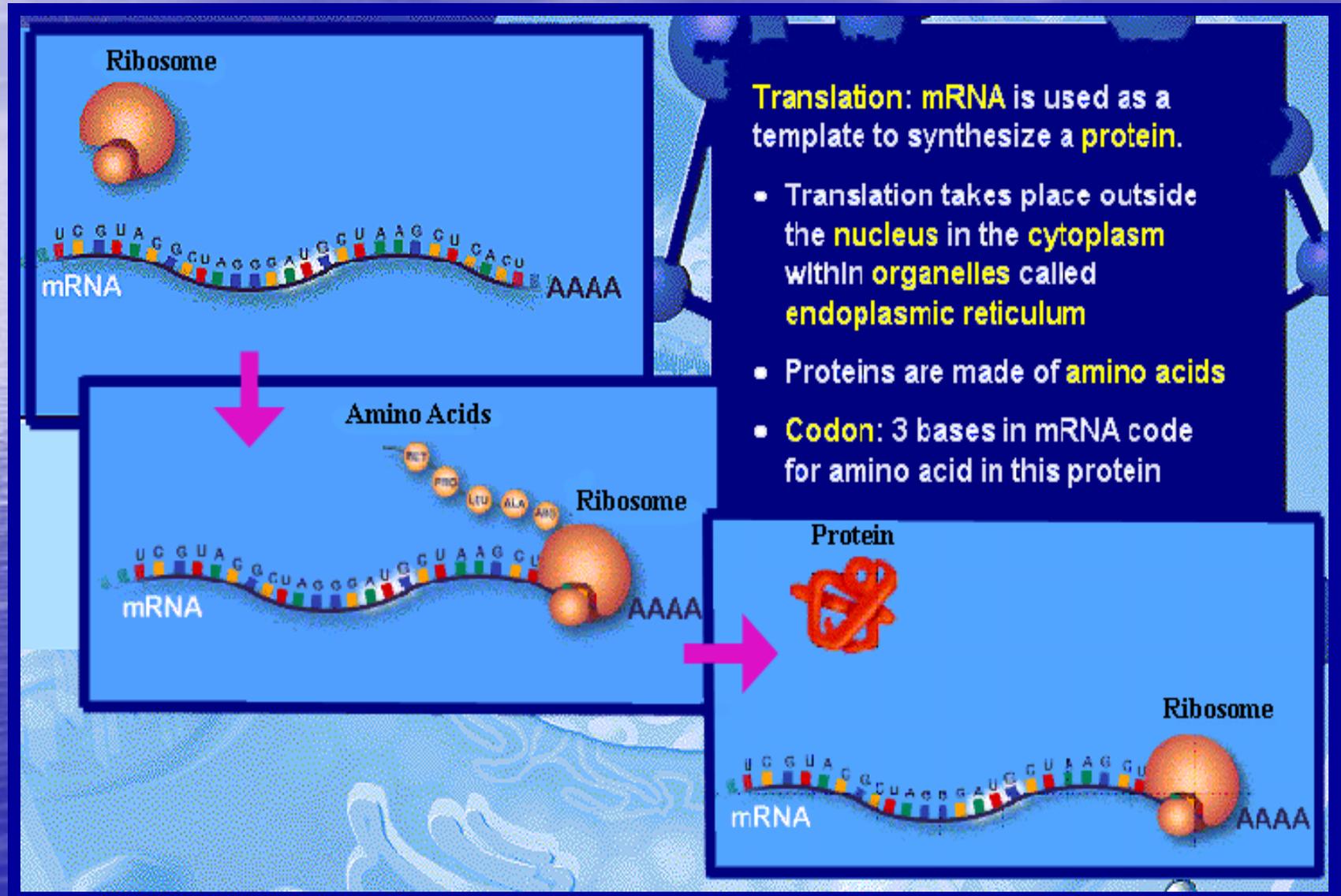
Transcription - during transcription genetic information in **DNA** is copied into **messenger RNA (mRNA)**:

- Transcription begins at the start of the gene, **5'**, (the **promoter** region) and continues until the end of the gene, **3'**
- The mRNA sequence is complementary to the DNA template strand it transcribes, except **uracil** bases replace **thymine** bases

The new RNA molecule is processed by:

- **Splicing**: removes introns
- **Capping**: modifies 5' end
- **Polyadenylation**: adds **adenines** at the 3' end

TRADUCCION



CODIGO GENETICO

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

The Genetic Code

Three nucleotides (a codon) specify an amino acid, since there are four nucleotides there are $4^3=64$ possible codons.

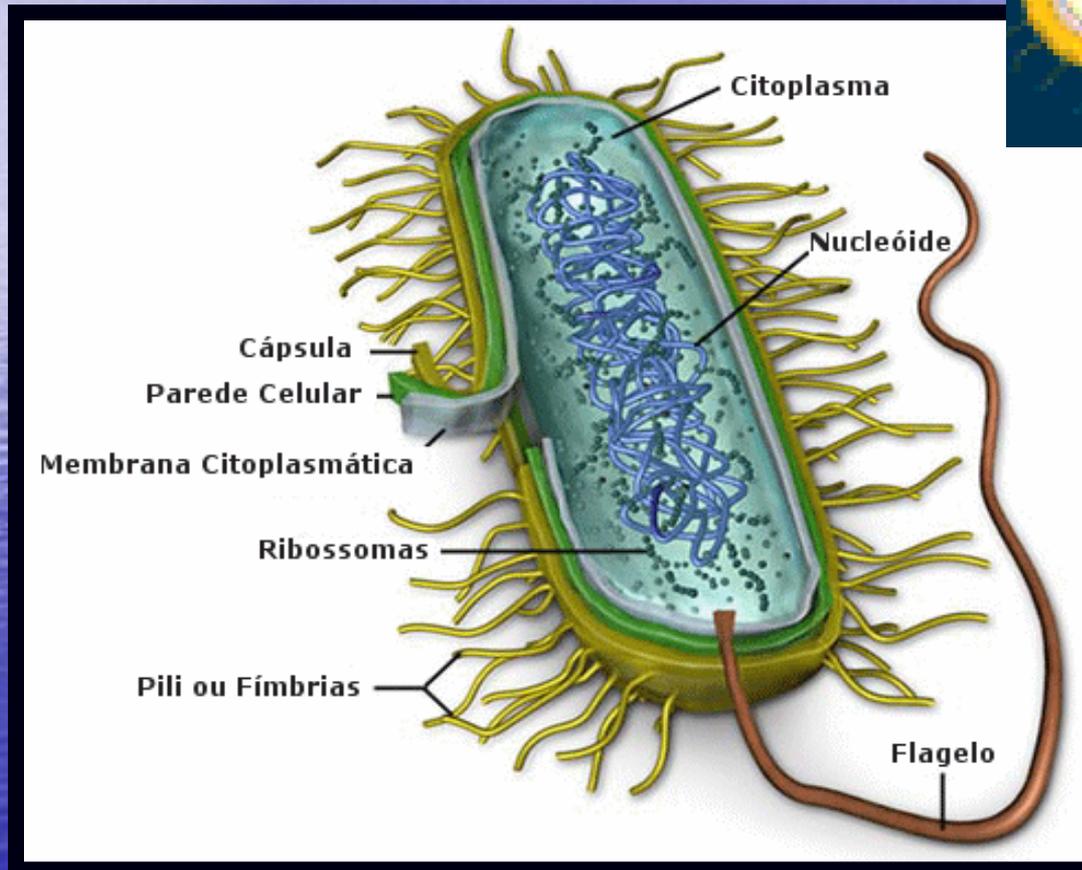
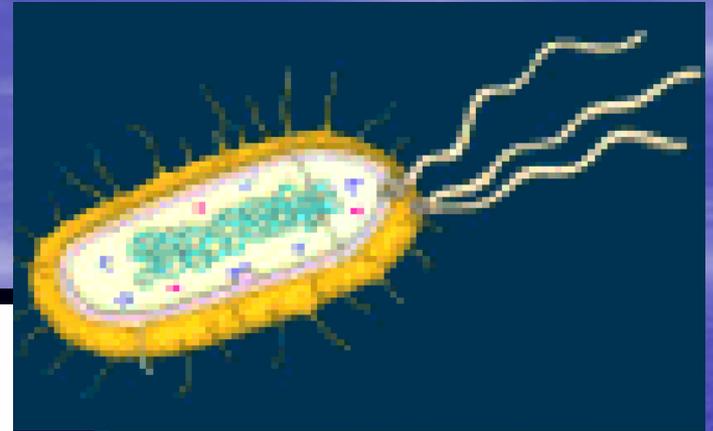
Since there are only 20 amino acids then several codons can specify the same amino acid. Therefore the genetic code is said to be degenerate.

There are also start codons, which indicate the beginning of the coding region, and stop codons, which indicate the end of the coding region.

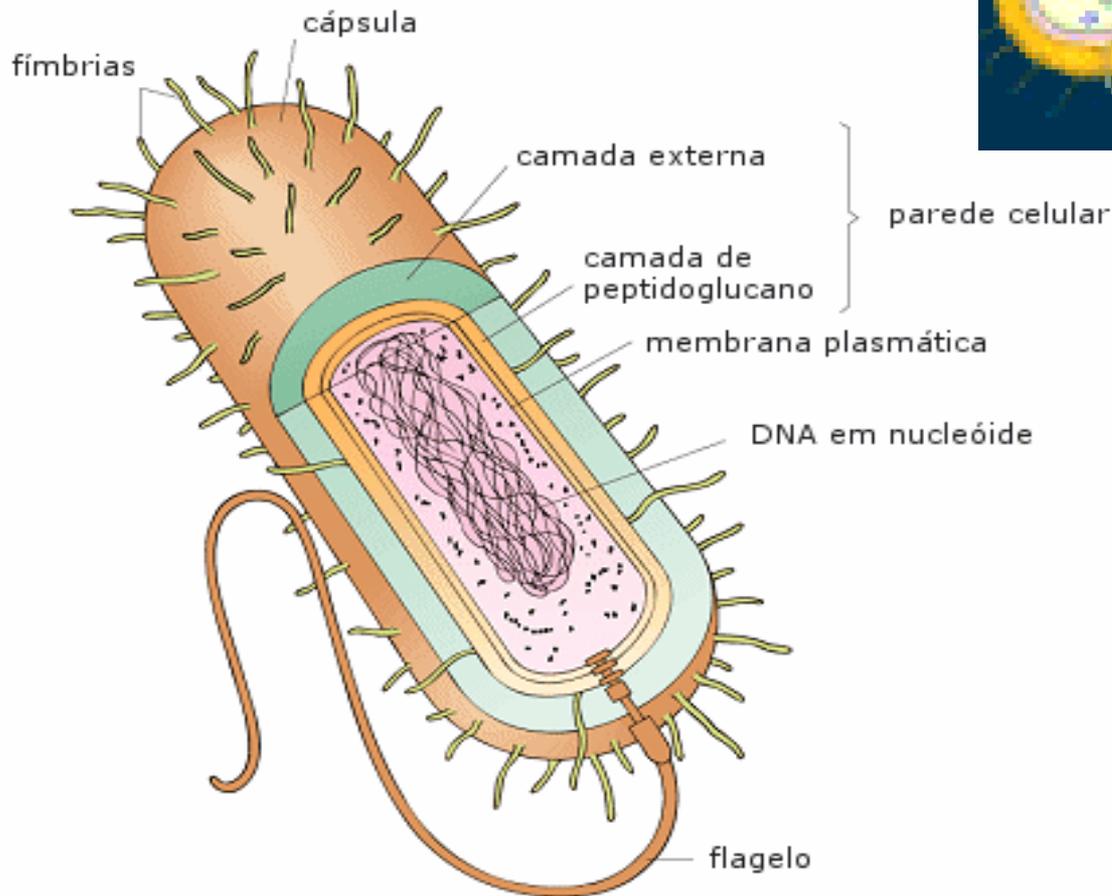
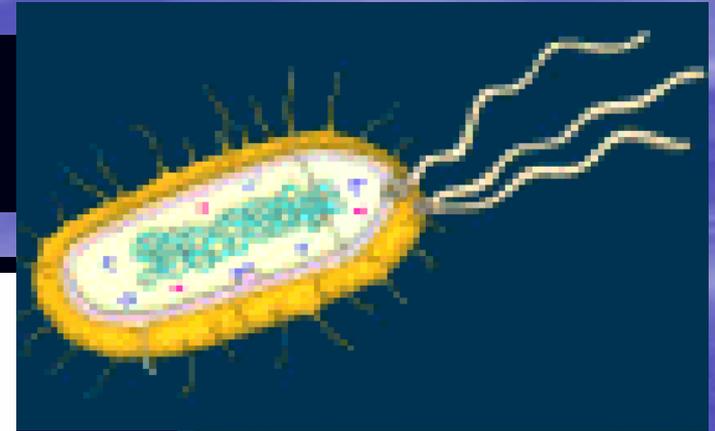
CODIGO GENETICO

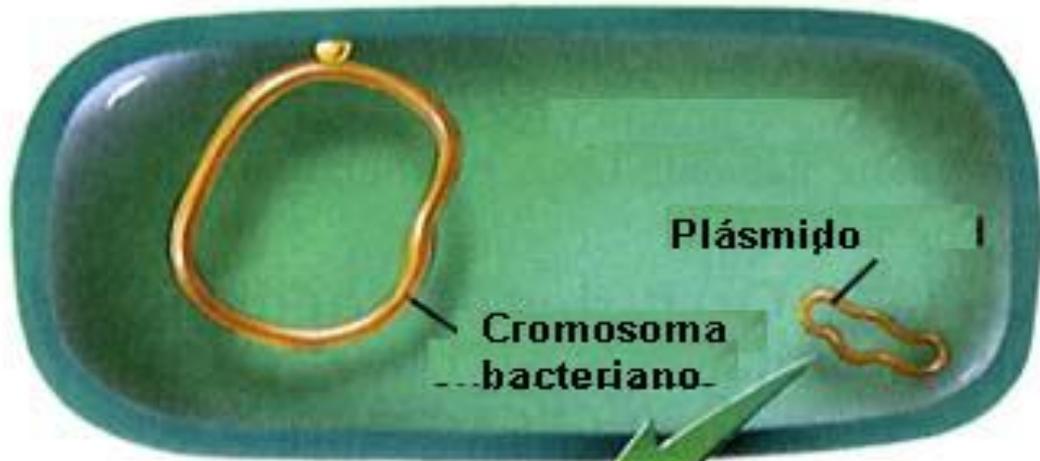
First position (5' end)	Second position				Third position (3' end)
	U	C	A	G	
U	Phe	Ser	Try	Cys	U
	Phe	Ser	Tyr	Cys	C
	Leu	Ser	Term	Term	A
	Leu	Ser	Term	Trp	G
C	Leu	Pro	His	Arg	U
	Leu	Pro	His	Arg	C
	Leu	Pro	GluN	Arg	A
	Leu	Pro	GluN	Arg	G
A	Ileu	Thr	AspN	Ser	U
	Ileu	Thr	AspN	Ser	C
	Ileu	Thr	Lys	Arg	A
	Meth	Thr	Lys	Arg	G
G	Val	Ala	Asp	Gly	U
	Val	Ala	Asp	Gly	C
	Val	Ala	Glu	Gly	A
	Val	Ala	Glu	Gly	G

PROCARIONTES

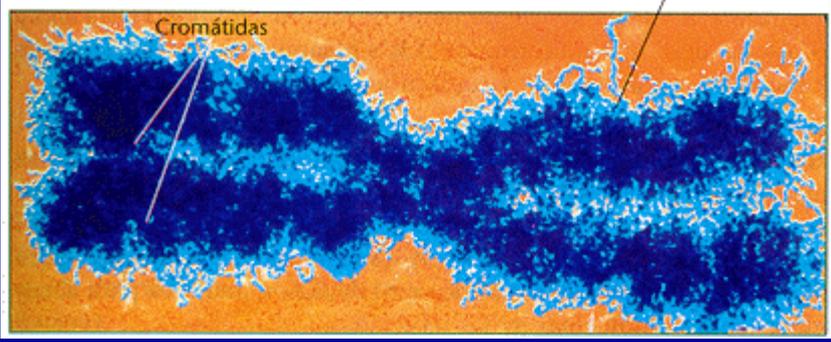
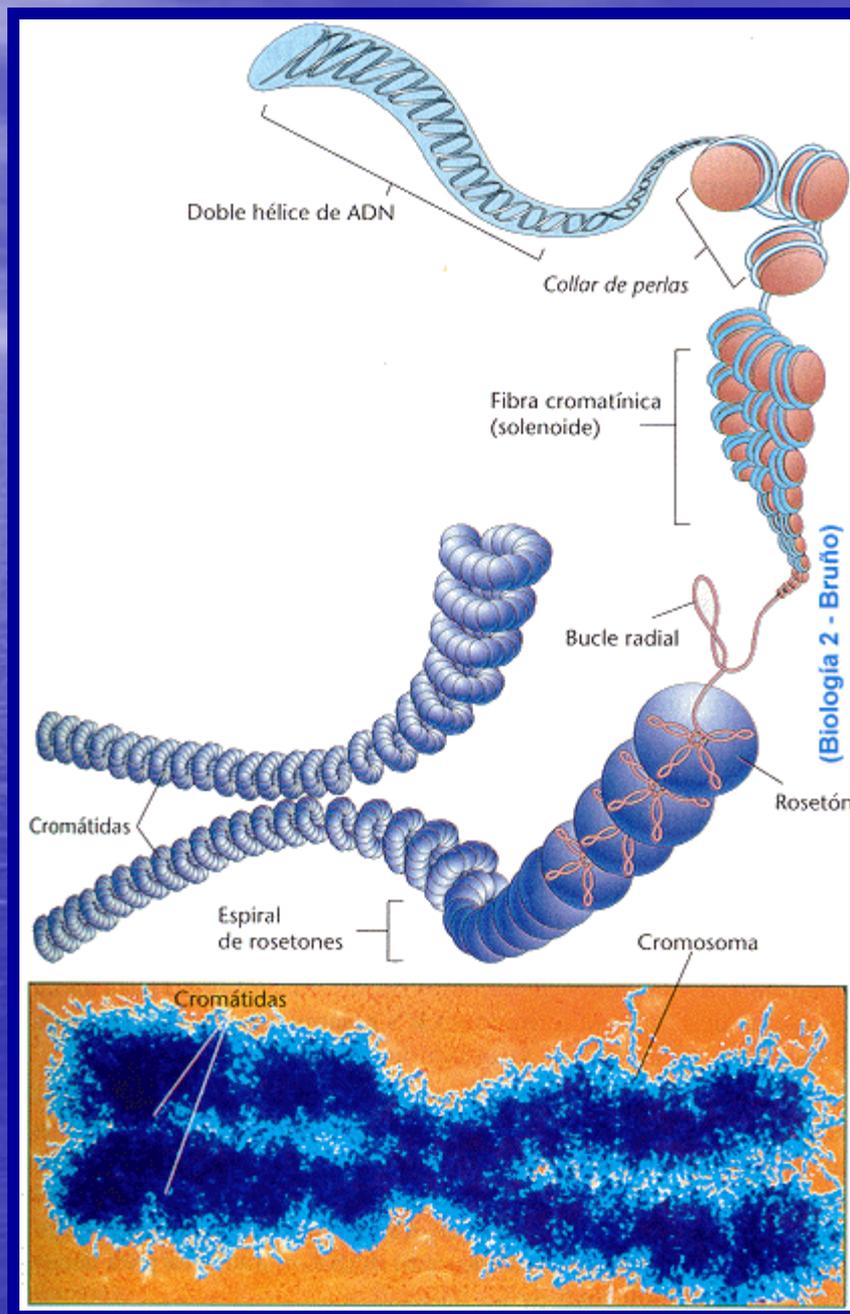


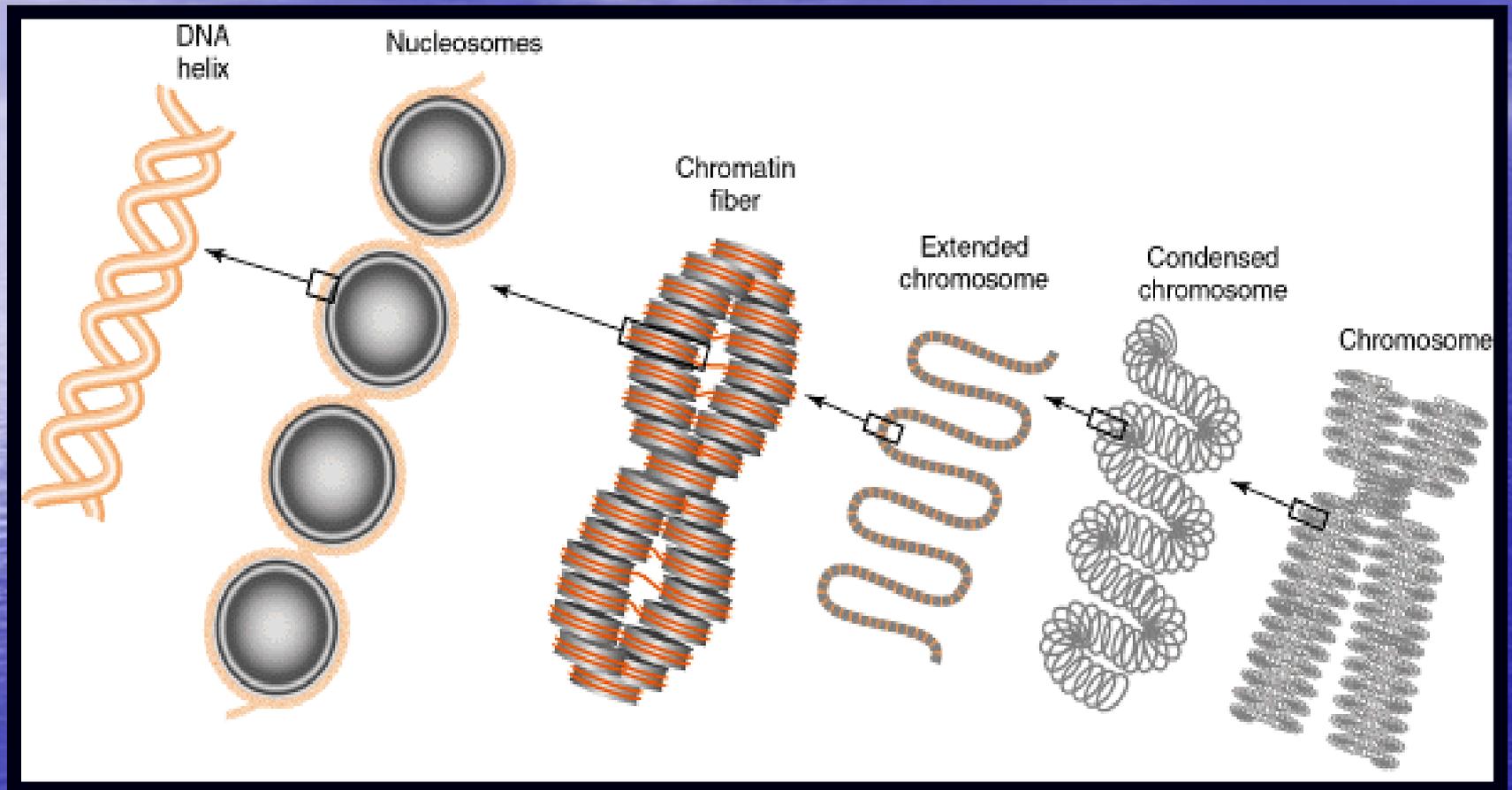
PROCARIOTES



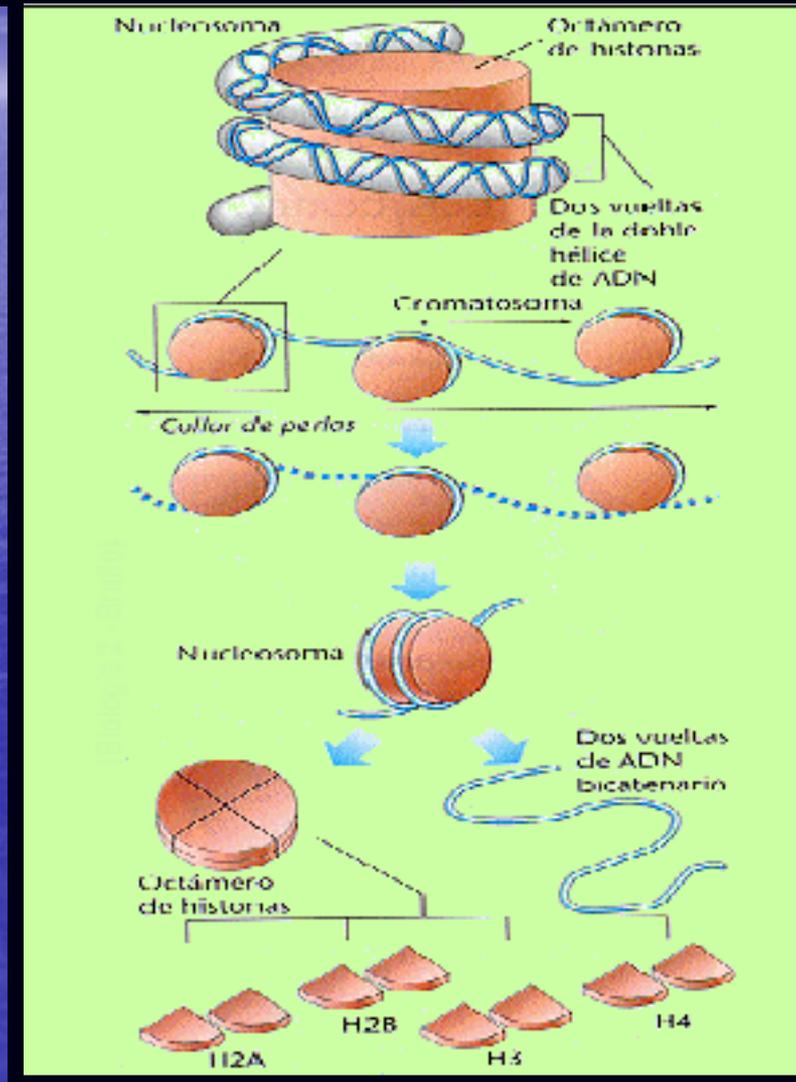
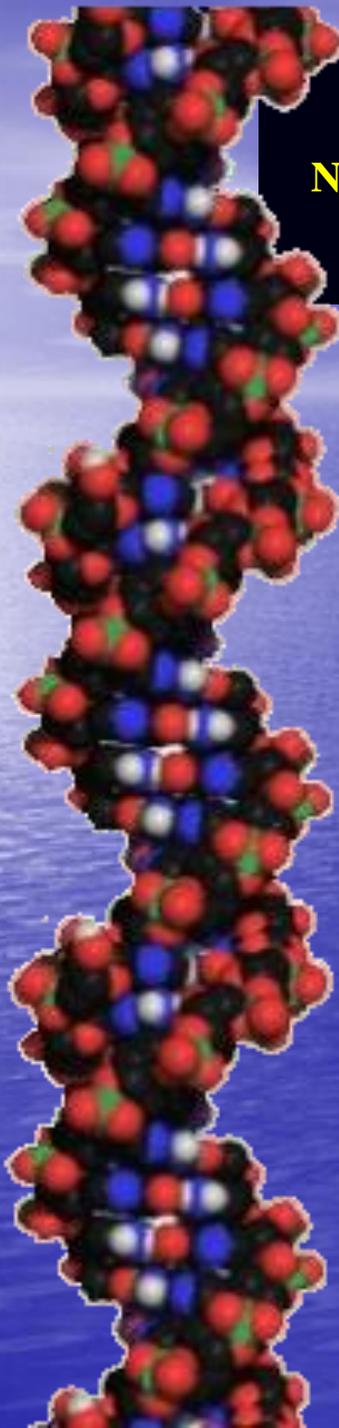


1 μm

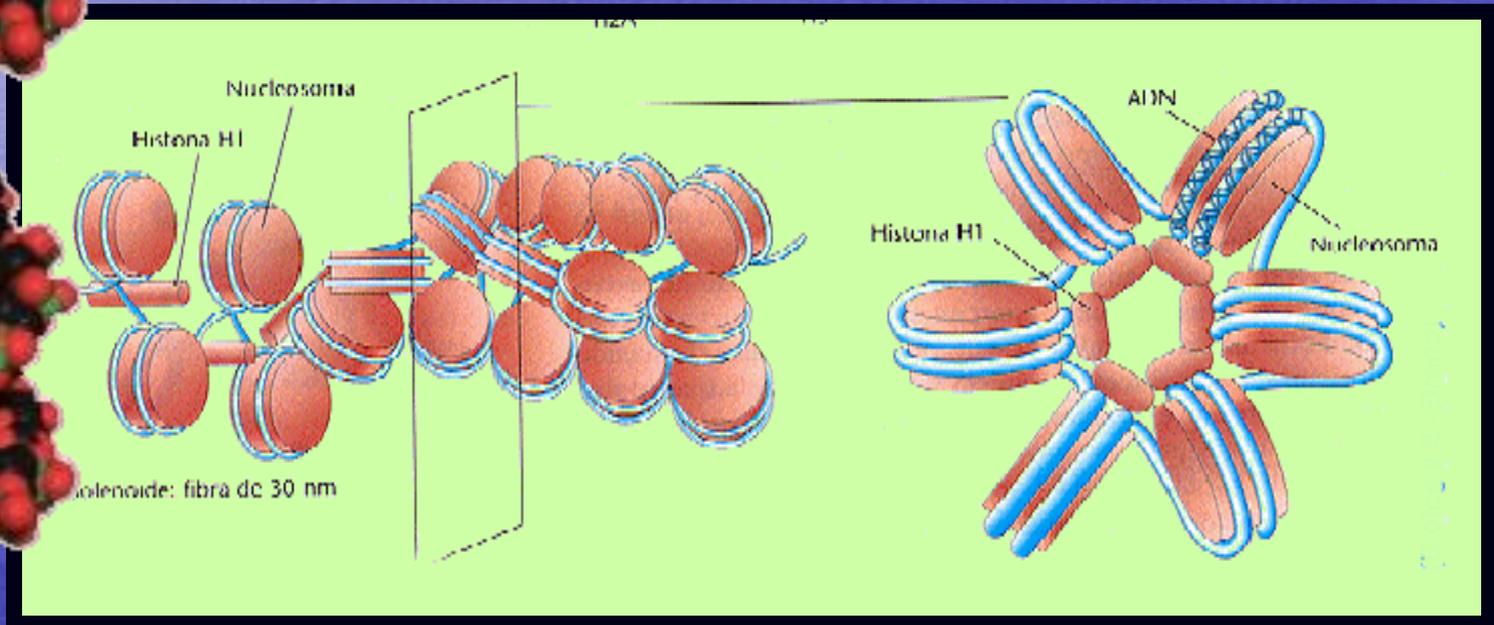




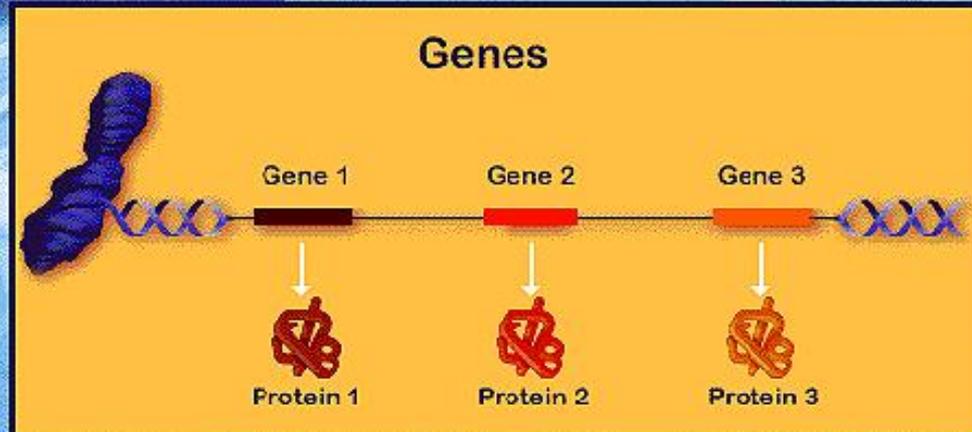
EMPAQUETAMIENTO DEL DNA EN DISTINTOS NIVELES DE ORGANIZACIÓN PARA FORMAR UN CROMOSOMA



EMPAQUE DEL DNA EN DISTINTOS NIVELES DE ORGANIZACIÓN PARA FORMAR UN CROMOSOMA

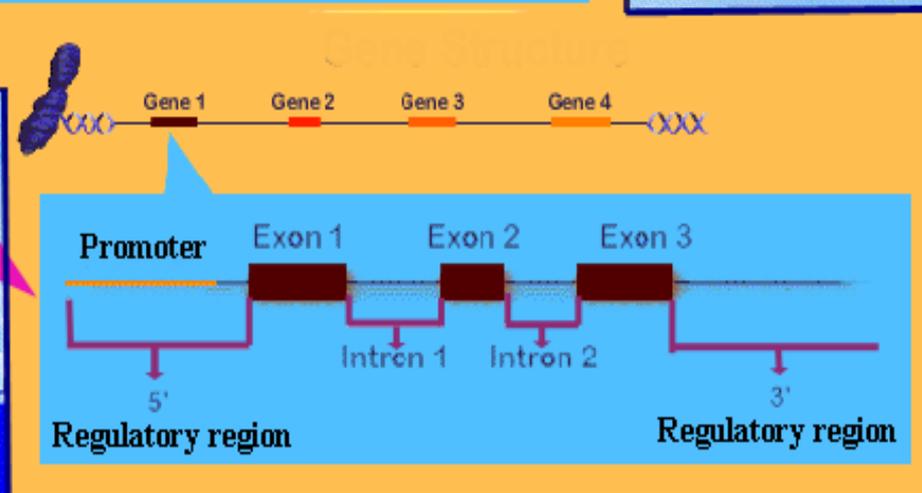
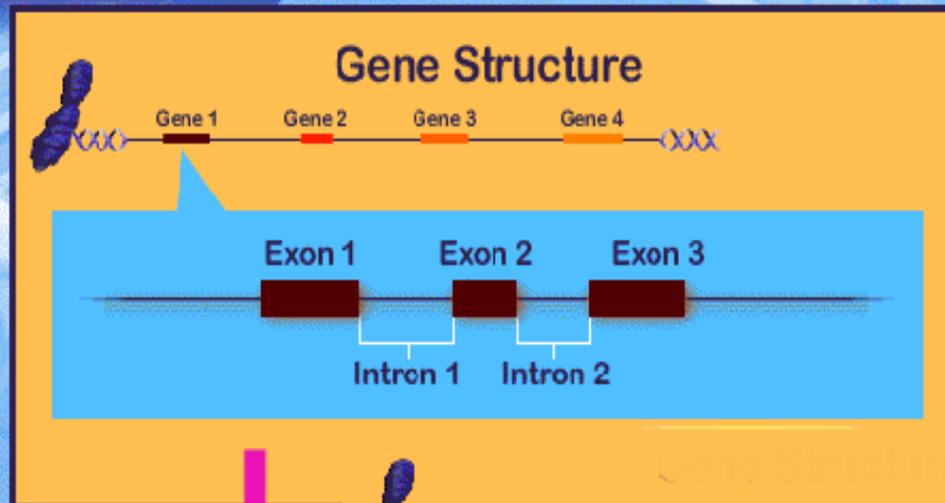


GENES



Genes are sequences of **base pairs** that encode information for **proteins** and some **RNA** molecules (such as ribosomal RNA and transfer RNA) They can range in size from less than 100 base pairs to several million base pairs.

ESTRUCTURA DE LOS GENES

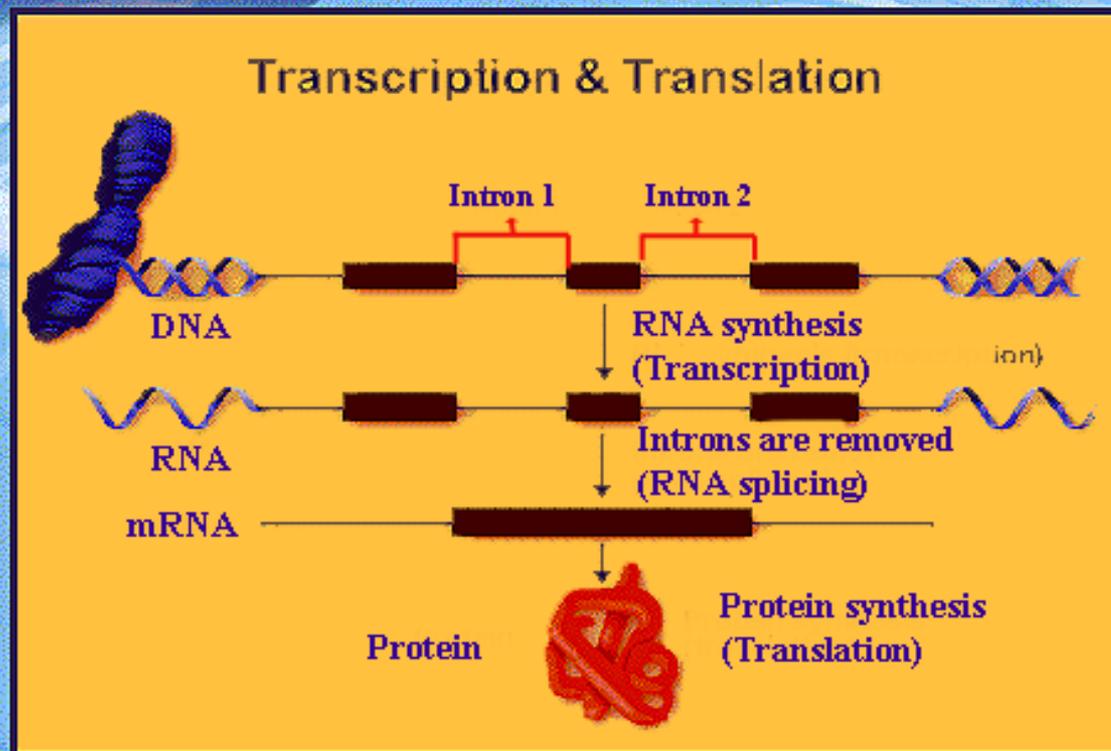


The Gene Structure

Exon = coding sequence

Intron = non-coding sequence between two exons

TRANSCRIPCION Y TRADUCCION



Gene expression is a two stage process:

- Transcription
- Translation

Tabla de comparación entre procariontes y eucariontes en la transcripción del DNA

Característica	PROCARIOTE	EUCARIOTE
Promotor	Cajas y zona operadora	Sólo cajas
Cistrón	Policistrones	Monocistrones
RNA polimerasa	Una sola con 5 subunidades distintas	Tres RNA polimerasas
Estabilización	El RNA recién transcrito, no tiene	Contiene: al comienzo de la cadena 7-metil-guanocina o CAP, al final de la cadena una secuencia poli A
Comienzo	La RNA polimerasa se acopla al promotor	La RNA polimerasa necesita la presencia de proteínas de iniciación que se unen antes que ella al DNA
Intrones	No tiene	Tiene y se elimina con splicings
Lugar de acción	Inmediatamente al ser creado	En el citoplasma

CÉLULA

MOLÉCULA

INFORMACIÓN

N
Ú
C
L
E
O

C
I
T
O
P
L
A
S
M
A

Genoma

Cromosomas

Ribosomas en el
retículo
endoplásmico

Estructura proteica
en toda la célula

ADN

Duplicación
periódica

Copia

ARN mensajero

Edición

ARN mensajero editado

Lectura de
síntesis

PROTEINAS

Aminoácidos unidos formando
moléculas de proteínas

Código

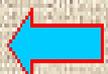
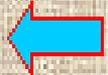
Almacenamiento
de la información
(codones: palabras de
3 letras "nucleótidos")

Transcripción o lectura
del código

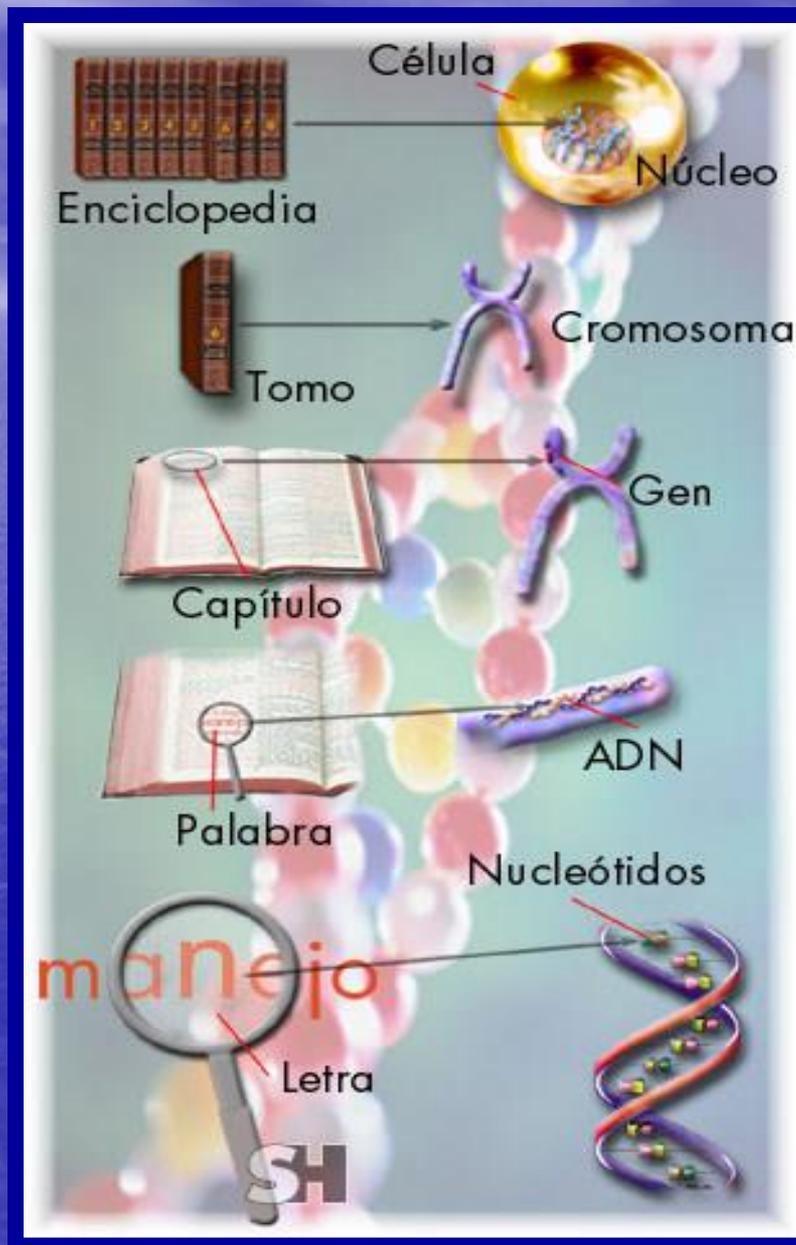
Molécula mediadora de
la información

Traducción del código

(ejecución de la información)



Copia

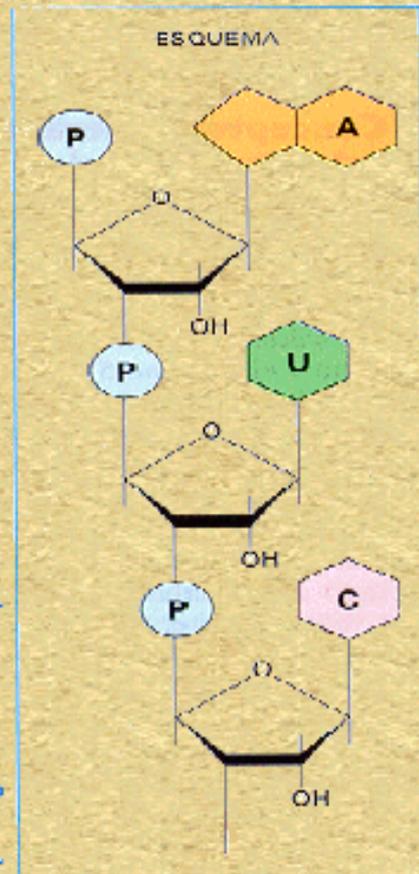
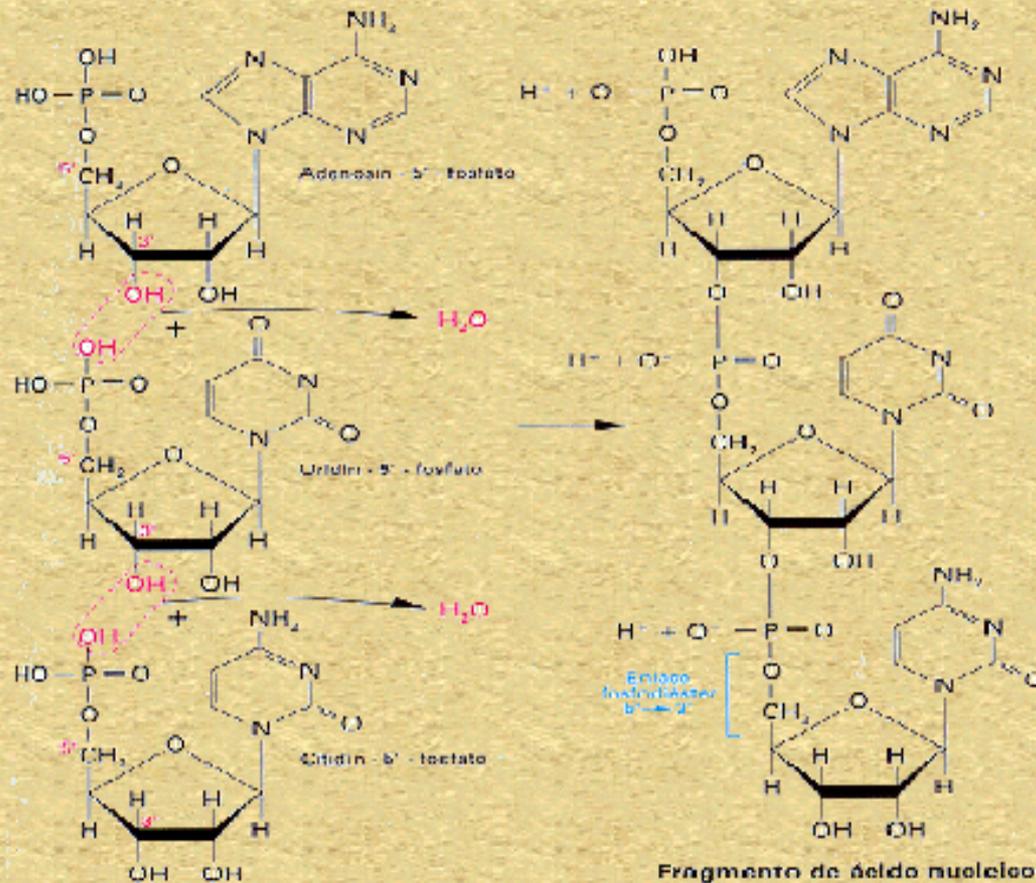


LA CIENCIA ES MARAVILLOSA

NUNCA SE TERMINA DE APRENDER

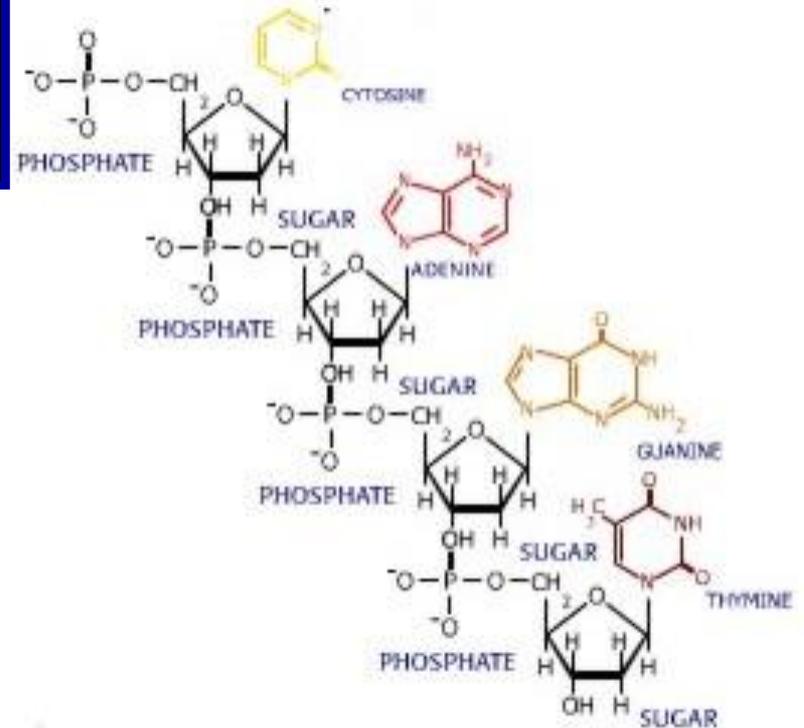
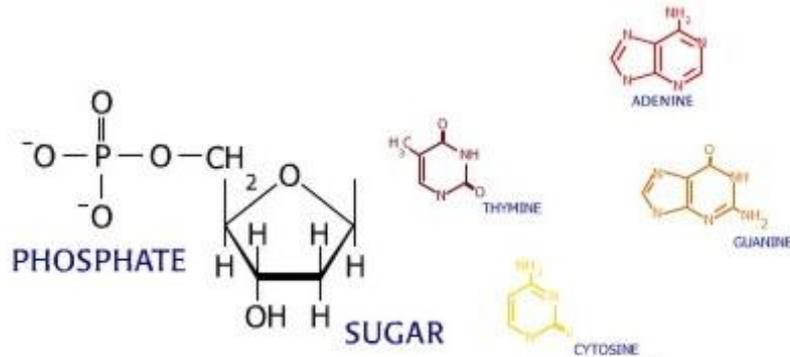
GRACIAS

ACIDO NUCLEICO: DNA

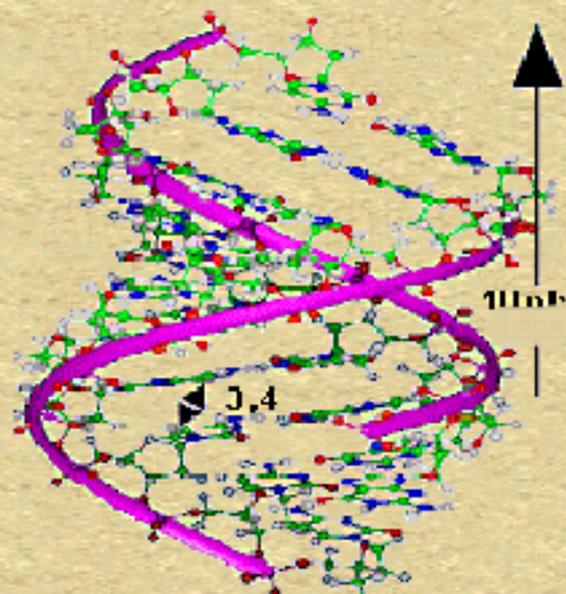


Formación de un fragmento de ARN constituido por tres nucleótidos unidos en la secuencia A-U-C. (A = adenina, U = uracilo, C = citosina.)

Componentes de los ácidos nucleicos



De acuerdo con el modelo de Watson y Crick, el ADN es una doble hélice, dextrógira, con las bases dirigidas hacia el centro, perpendiculares al eje de la molécula y un esqueleto exterior de azúcar fosfato a lo largo de los lados de la hélice (que actúa protegiendo a las bases del medio ambiente).



Las hebras que la conforman son complementarias y antiparalelas. Complementarias porque las bases de cada cadena se aparean de forma complementaria Adenina con Timina (A-T) y Guanina con Citosina (C-G). Y antiparalelas porque una cadena está colocada en posición 5' 3' y la complementaria en posición 3' 5'.

Cada base púrica o pirimidinica establece puentes de hidrógeno con su complementaria, uniendo así las dos cadenas

La separación entre los pares de bases adyacentes es de 3,4 Å (0,34nm).

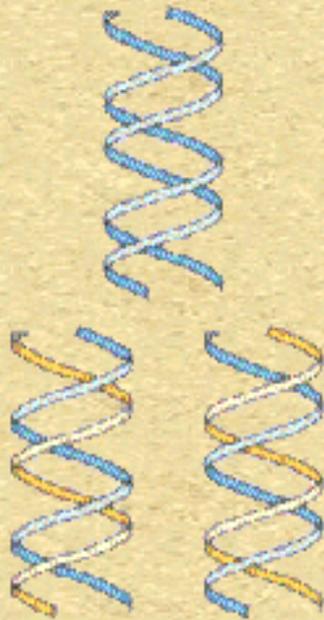
La hélice completa una vuelta cada 10 pares de bases , es decir cada 34 Å (3,4nm)

El diámetro de la hélice es de 20 Å.

De acuerdo con el modelo descrito por Watson y Crick, el ADN parece ser una molécula con estructura fija,pero no lo es, se modifica en función con su composición de bases o con la interacción con proteínas.

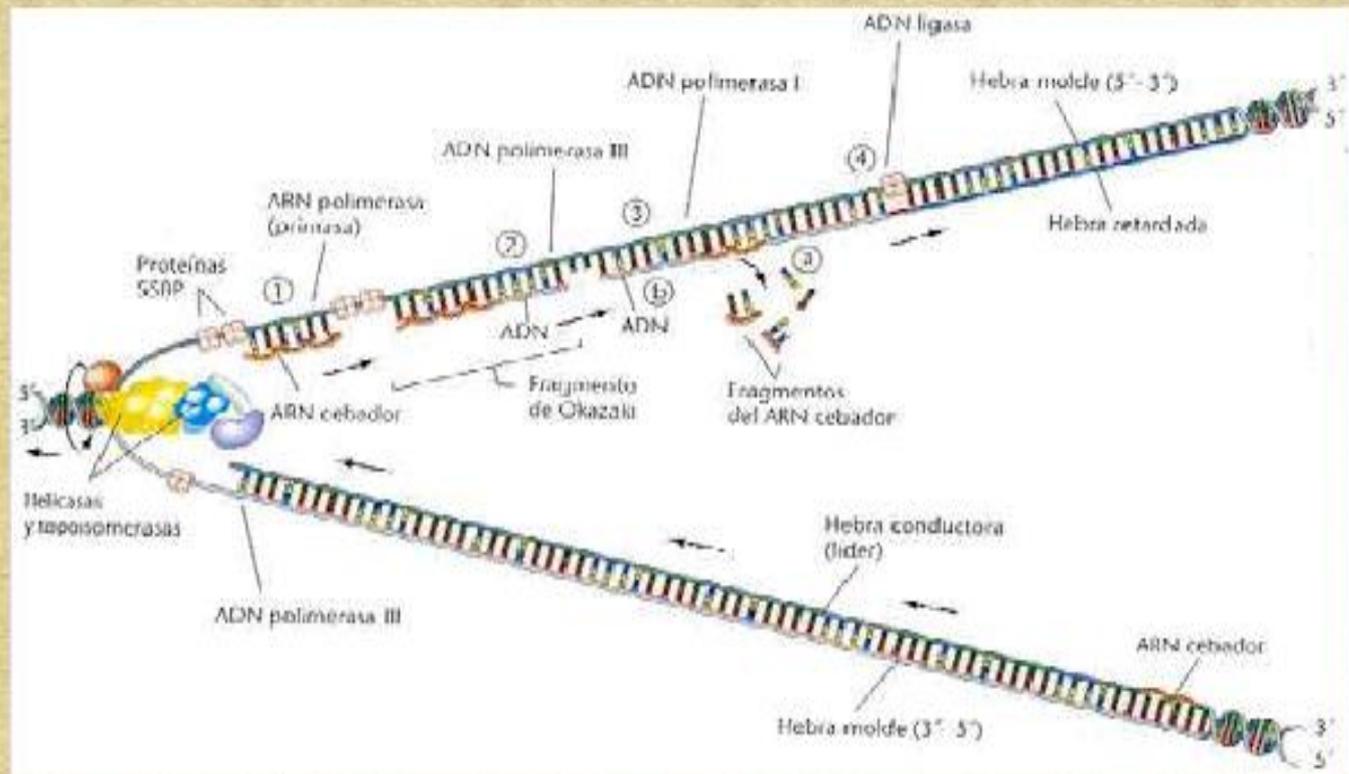
REPLICACION DEL DNA

El ADN tiene toda la información necesaria para el funcionamiento celular y de los caracteres específicos de una especie o individuo, por ello, es imprescindible que pueda ser copiado con fidelidad para que pueda repartirse entre la prole, ya sean células que se regeneran o nuevos individuos de una especie. En el primer caso la replicación se realiza durante el proceso de mitosis, y en el segundo durante el proceso de la meiosis.



Se han emitido muchas hipótesis de como se duplica el ADN, pero Watson y Crick formularon la hipótesis semiconservativa que fue posteriormente demostrada por Meselson y Stahl en 1957. Según esta hipótesis, la nuevas moléculas de DNA duplexo contienen una hebra de material original y otra nueva.

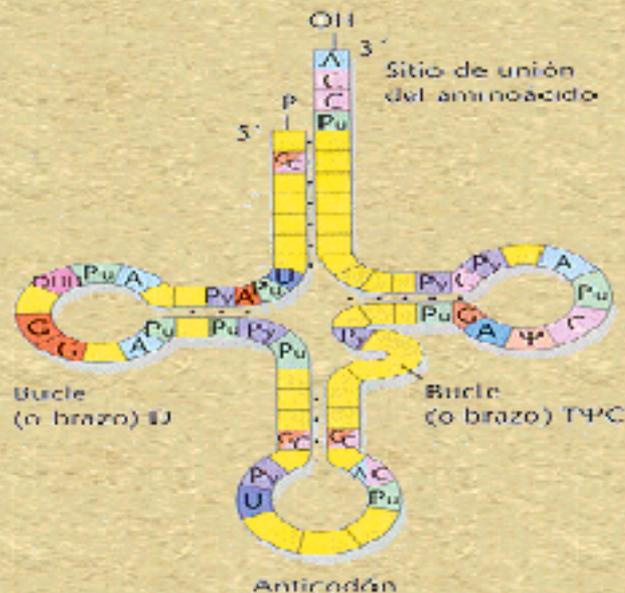
PROCESO DE REPLICACION DEL DNA



1ª etapa: desenrollamiento y apertura de la doble hélice. Intervienen un grupo de enzimas y proteínas, a cuyo conjunto se denomina replisoma.

ACIDO NUCLEICO: RNA

En los procariontos y eucariotas la síntesis de proteínas está dirigida por la información del ADN, pero para que se pueda transferir la información del ADN a las proteínas se necesita el concurso del ARN en sus diversas formas o tipos. No obstante, algunas bacterias y virus no tienen DNA para almacenar la información, siendo el RNA el que realiza esta función, además de las relacionadas con la síntesis proteica.



1. Composición del RNA

2.- Tipos y funciones

3. Estructura

4.- Diferencias entre DNA y RNA

5.- Síntesis de proteínas

6.- Lecturas complementarias

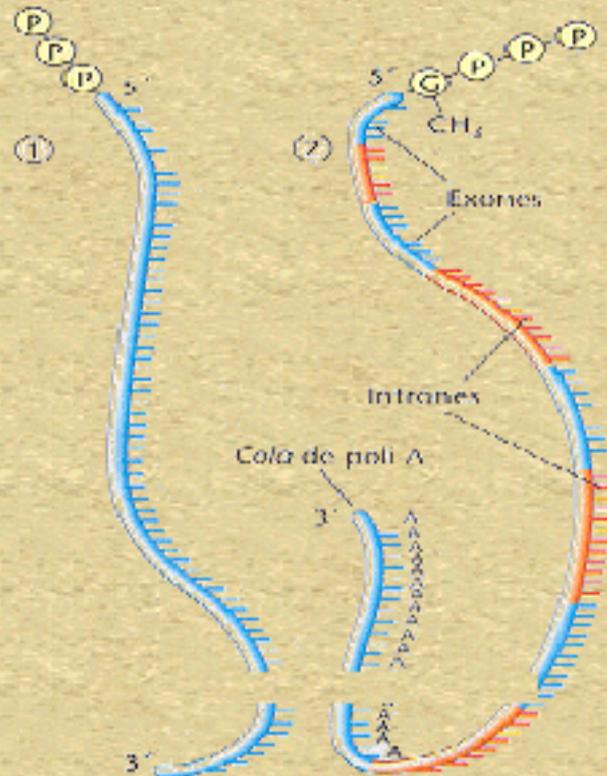
7.- Actividades

8.- Test

ACIDO NUCLEICO: mRNA

Hay tres tipos netamente diferenciados de ARN, tanto en su estructura como en su función:

1.- ARN mensajero



ARN mensajeros (ARNm) de procariontes (bacterias) (1) y de eucariontes (2).

El ARN mensajero es monocatenario y presenta un plegamiento secundario helicoidal que le da un aspecto longitudinal, sin hibridaciones estables intracatenarias.

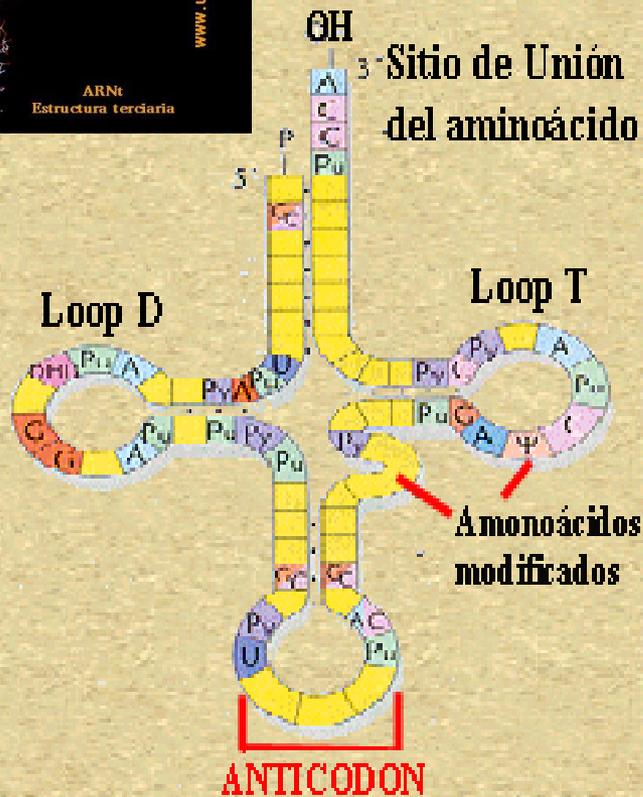
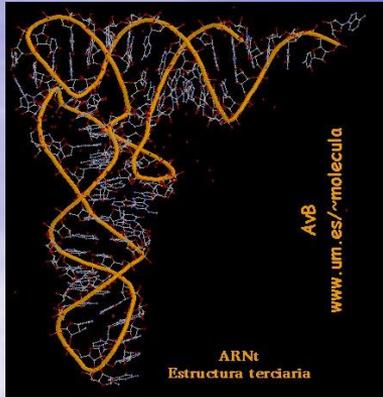
En su estructura madura podemos distinguir

un cap en el extremo 5' de la cadena que le confiere mayor resistencia a la hidrólisis. El cap está formado por la adición de un GTP al nucleótido de purina que actuó de cebador para el inicio de la síntesis. La metilación del cap en diferentes localizaciones puede generar varios subtipos de cap.

El transcrito o cadena de RNAm que según el grado de maduración puede contener solo los exones unidos entre sí, o contener exones intercalados que serán posteriormente eliminados.

Una cola Poli A de terminación en su extremo 3', formada por hasta 250 residuos de adenilinato.

ACIDO NUCLEICO: tRNA



Las diferentes moléculas de ARNt presentes en un organismo o en diversos organismos tienen diferencias en su secuencia primaria para realizar su función específica, pero son enormemente parecidas en su estructura secundaria y terciaria.

La estructura de los ARNt es monocatenaria pero presenta una serie de bucles u horquillas que le dan el aspecto de una hoja de trébol.

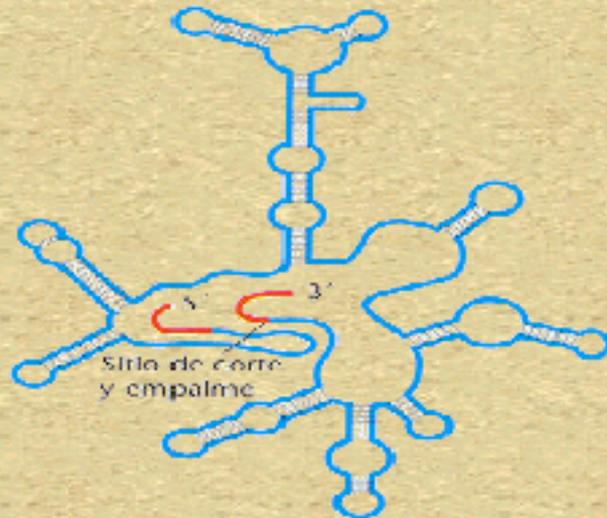
Los brazos del trébol se nombran de acuerdo con su composición o función:

El brazo que incluye los extremos 3' y 5' es donde se une el aminoácido, por ello se le denomina brazo aceptor

El brazo opuesto es el del anticodón pues contiene el triplete de lectura del codón del RNAm

ACIDO NUCLEICO: rRNA

3.- ARN ribosómico



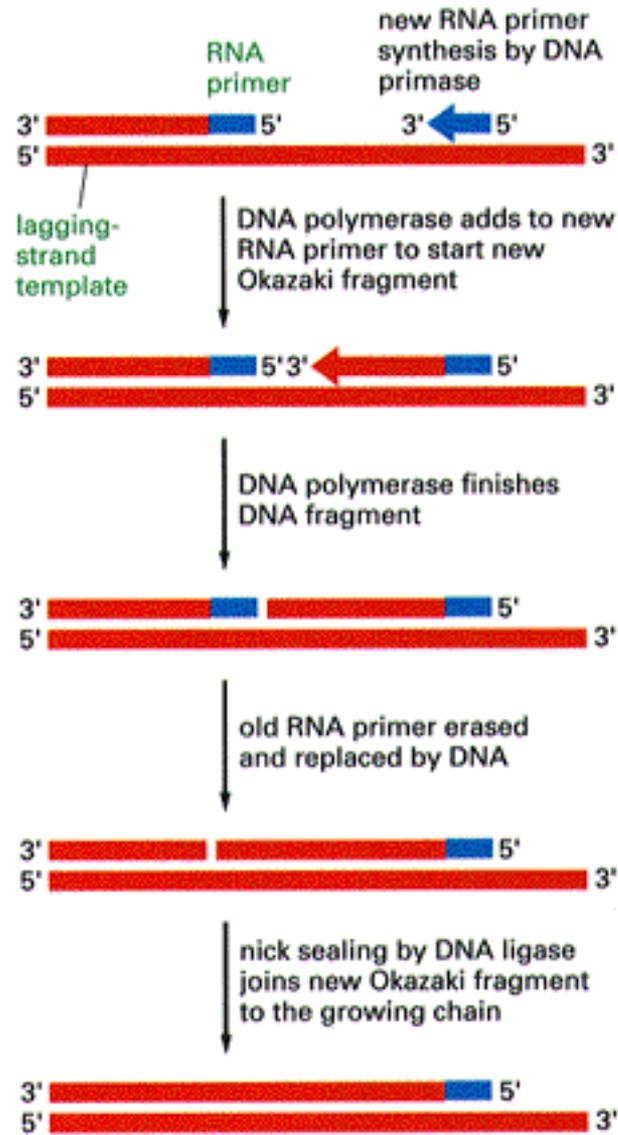
Estructura secundaria de los ARNr.

El ARNr es elemento constitutivo de los ribosomas junto a las proteínas.

Los distintos ARNr tienen una estructura monocatenaria con bucles y horquillas que condicionan su estructura secundaria.

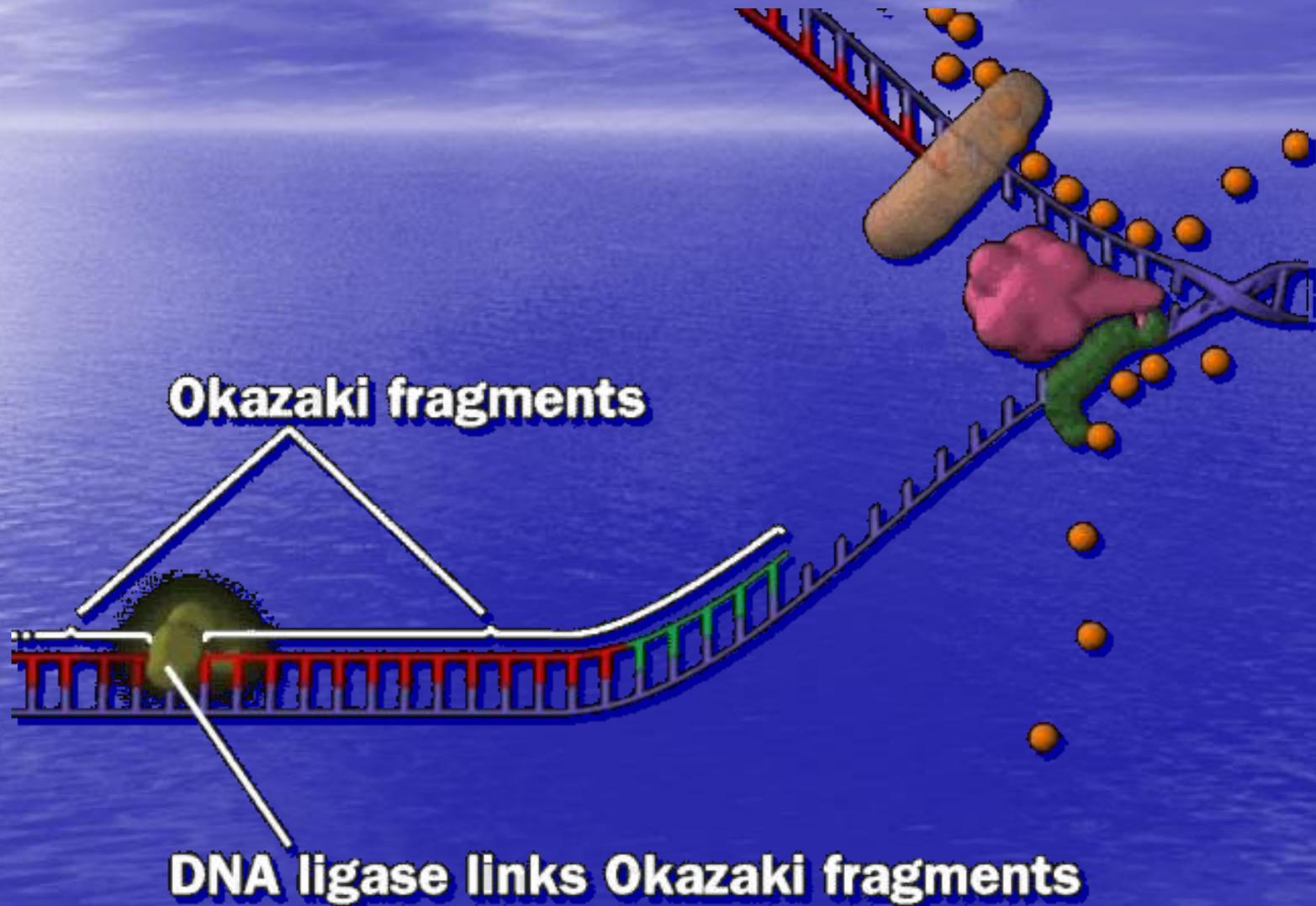
Parece ser que estos plegamientos secundarios condicionan su interacción con las proteínas ribosomales condicionando así su estructura terciaria de forma globular (subunidades de los ribosomas).





Polimerasa III

Polimerasa I

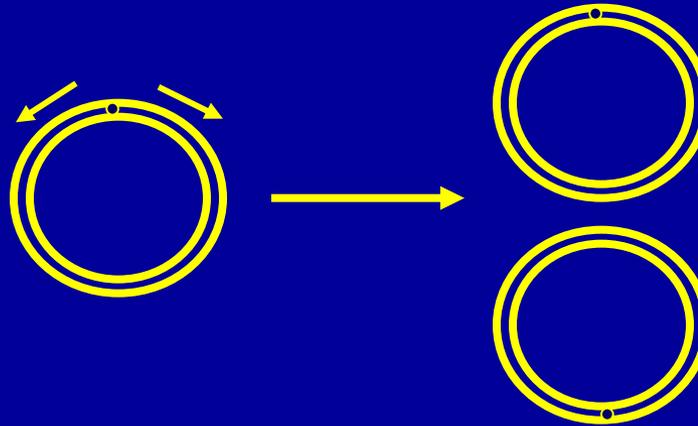


Okazaki fragments

DNA ligase links Okazaki fragments

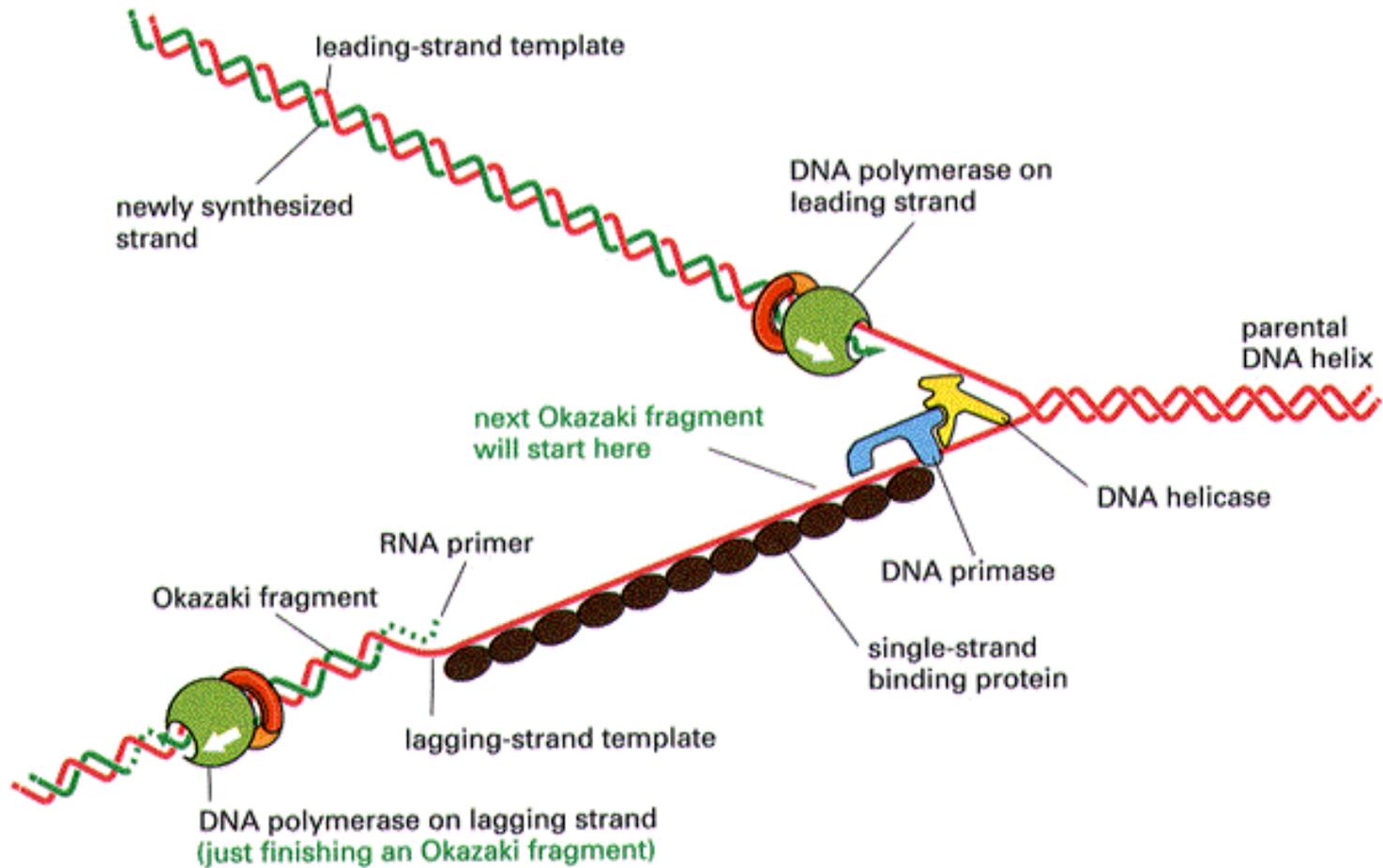
Replicación del DNA

- Origen de replicación:
 - Secuencia reconocida (*Ori C* en *E. coli*) por proteínas iniciadoras.
 - La replicación es bidireccional

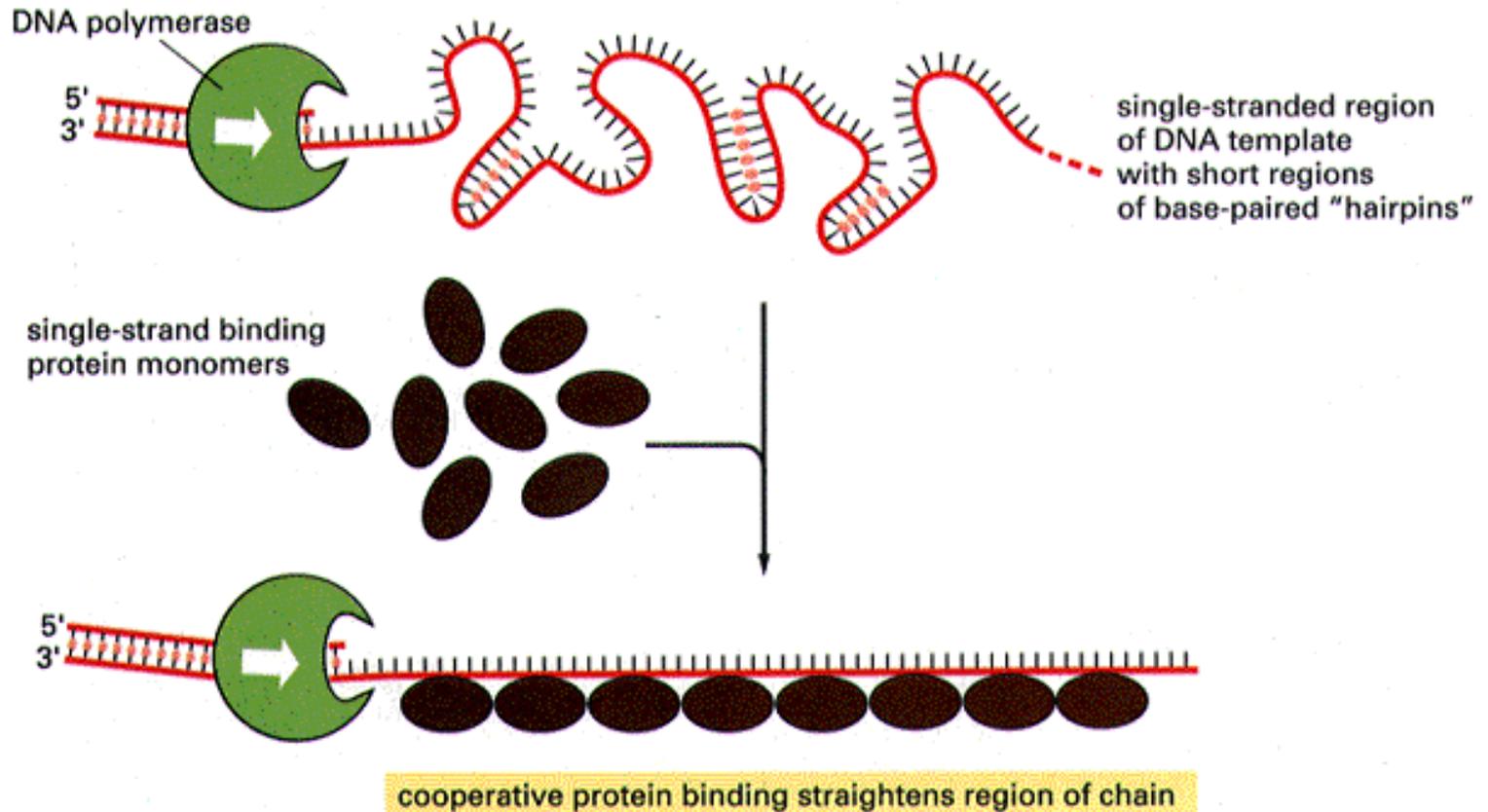


- El replisoma: complejo enzimático de la replicación que coordina la síntesis de las dos cadenas
 - Primosoma: formado por dos enzimas
 - Primasa
 - Helicasa (desenreda el DNA)
 - Proteína de unión a cadena sencilla, ssb (Unión Y, estabiliza el DNA de cadena sencilla)
 - Topoisomerasas tipo I y II -DNA ligasa- (relajación del superenrollamiento)

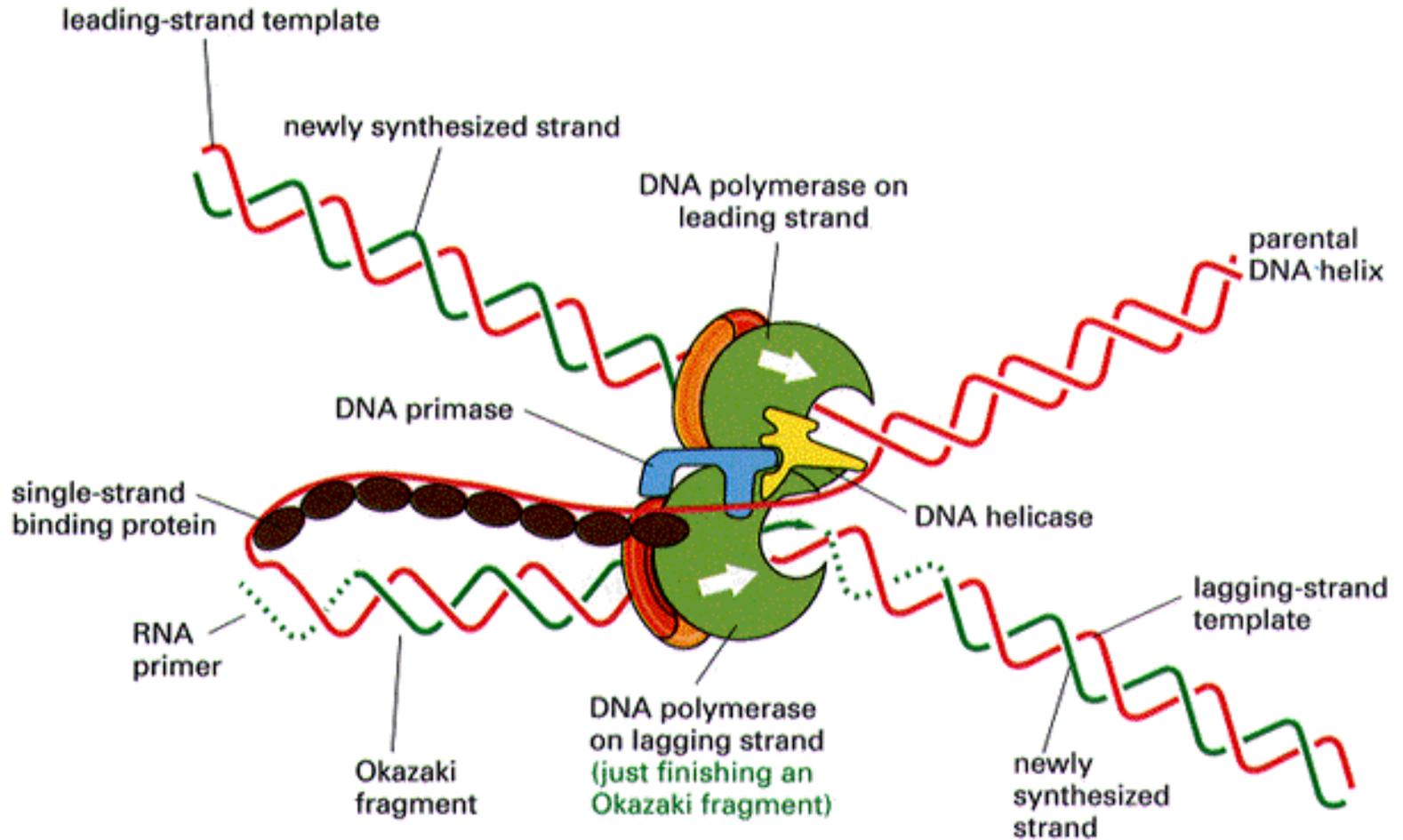
Replicación del DNA

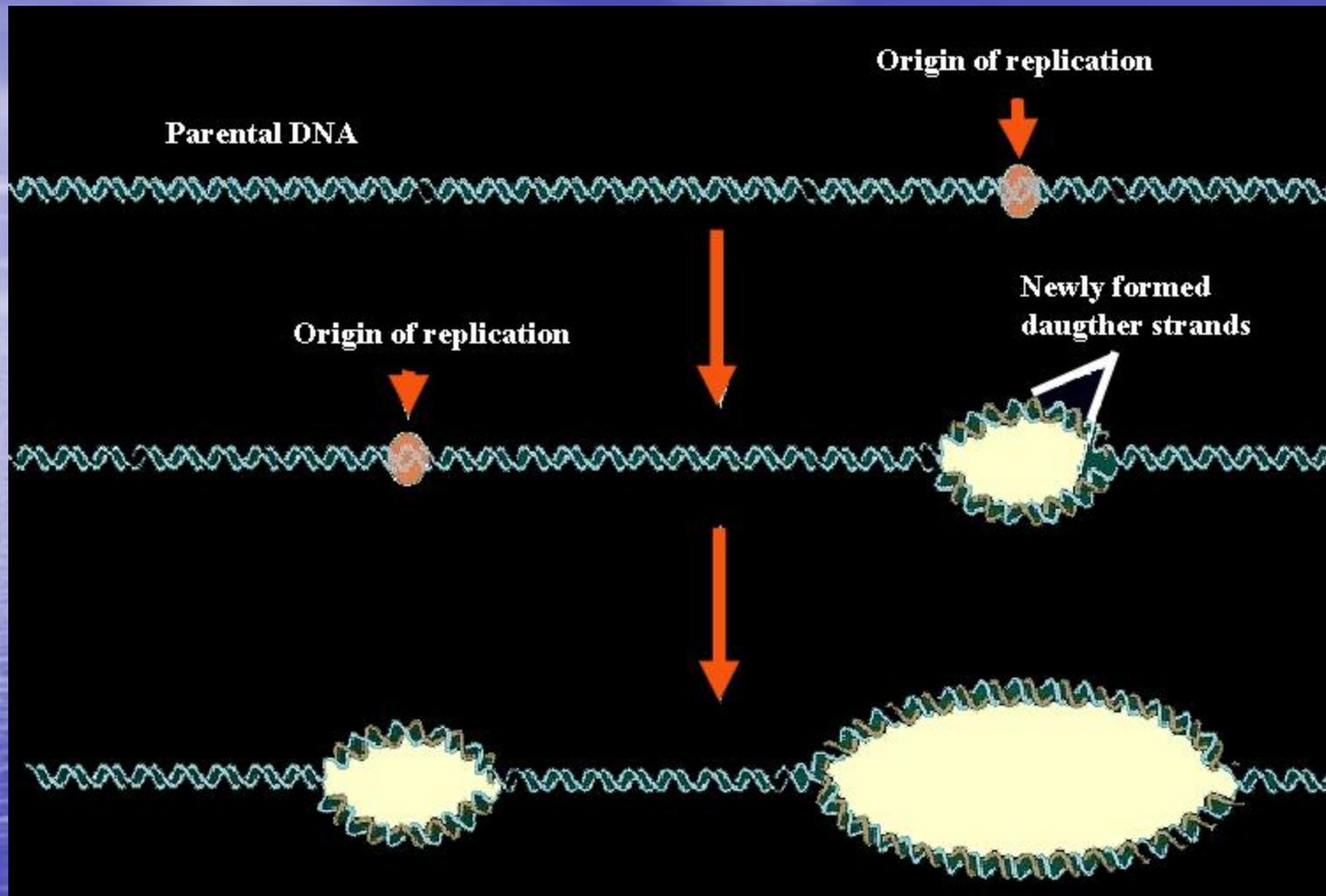


Replicación del DNA



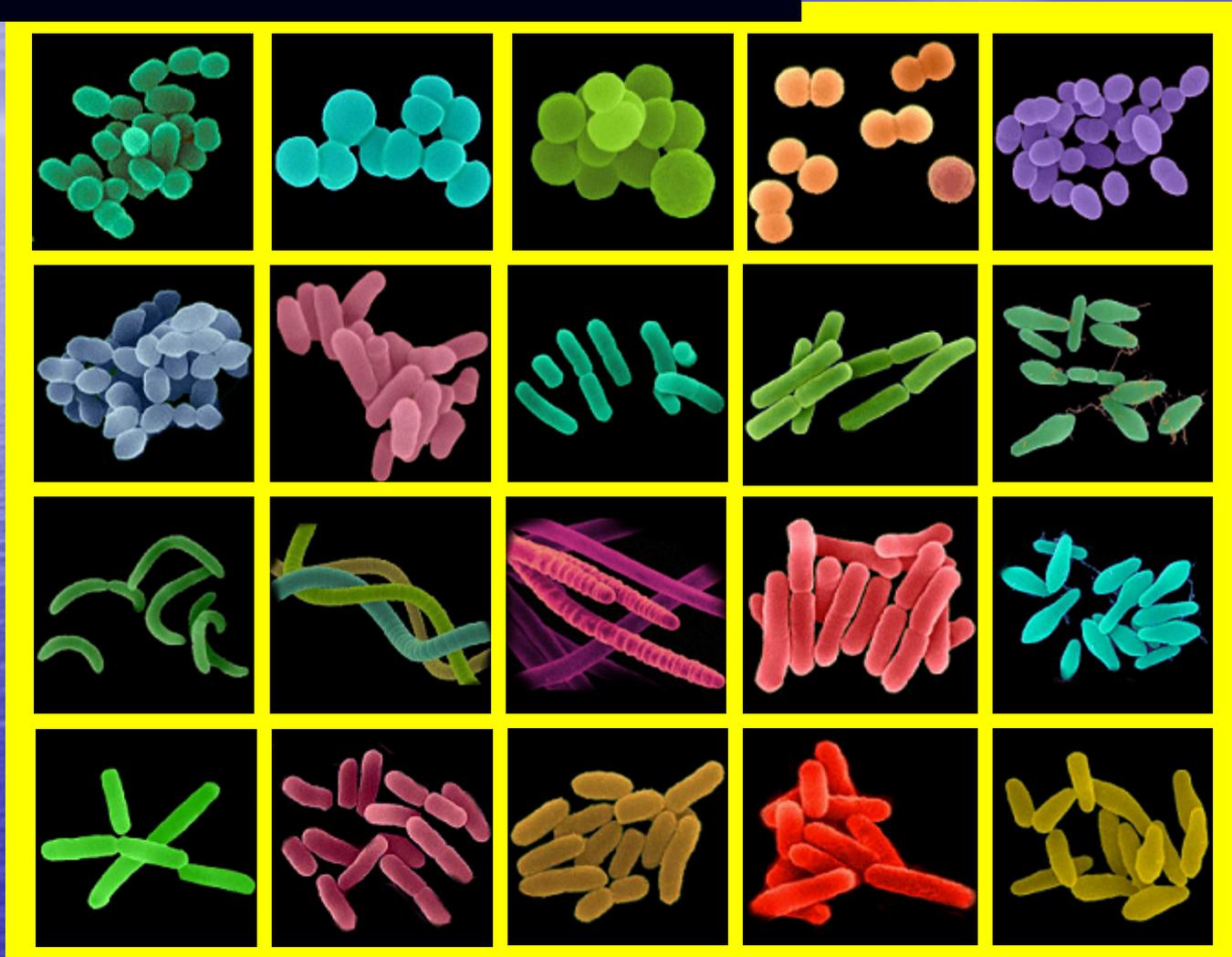
Replicación del DNA





En el DNA nuclear de eucariotas hay muchos orígenes de replicación (~500 en levaduras y 60000 en mamíferos). Cada unidad de replicación es un replicón. La replicación es bidireccional

PROCARIOTES

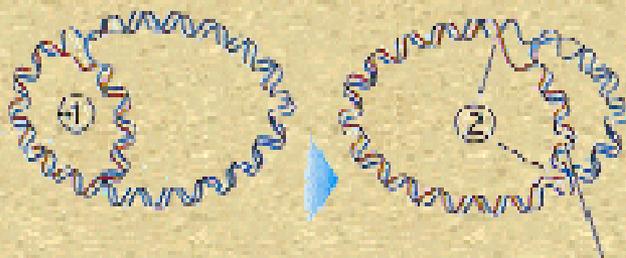


PROCESO DE REPLICACION DEL DNA

El proceso de replicación en procariontes y eucariontes es similar, las diferencias entre uno y otro son el mayor tamaño del material genético en eucariontes, su empaquetamiento con histonas, que en los eucariontes se producen muchas horquillas de replicación al mismo tiempo, y que se conocen mucho peor las proteínas intervinientes en eucariontes que en procariontes. Por ello, describiremos el proceso en procariontes.

Al igual que en eucariontes, los procariontes replican su DNA de forma continua en la hebra 5' - 3' (conductora) y de forma discontinua en la hebra 3' - 5' (retardada).

El DNA en las bacterias suele ser circular y su replicación ocurre en tres etapas, empezando por un único punto:



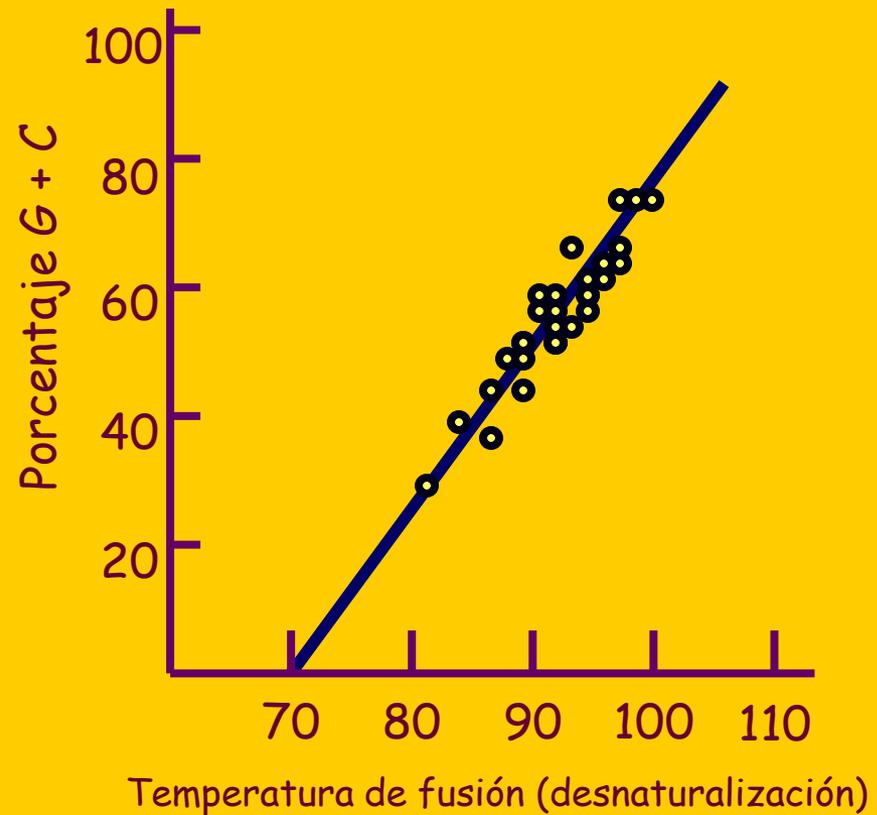
1ª etapa: desenrollamiento y apertura de la doble hélice

2ª etapa: síntesis de dos nuevas hebras de ADN.

3ª etapa: corrección de errores.

Desnaturalización del DNA

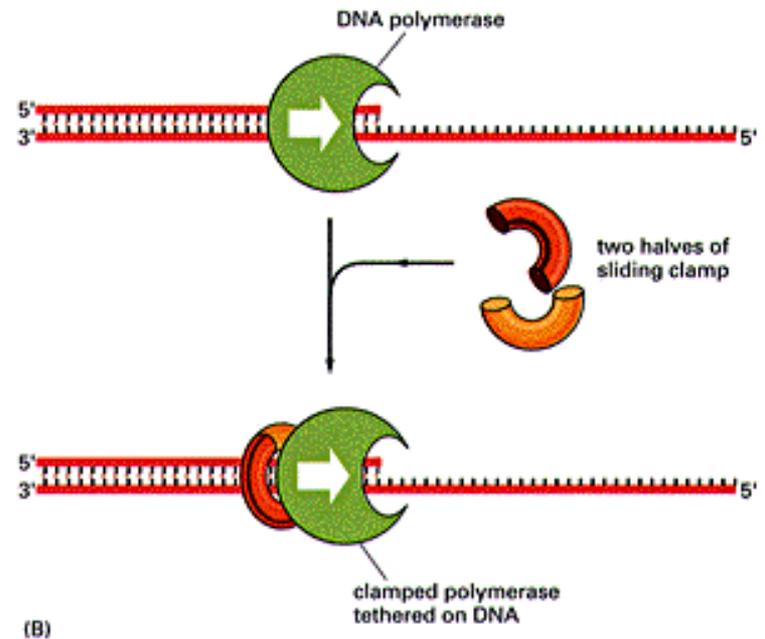
- Separación de las dos hebras por calor
- Una mayor proporción G-C tiene una mayor temperatura de desnaturalización ('fusión')



Replicación del DNA



(A)



(B)