



Universidad del Sureste
Licenciatura en Medicina Humana

Título:

Histonas

Materia:

Biología Molecular

Docente:

Quim. Nájera Mijangos Hugo

Alumno:

Vazquez Saucedo William

Semestre:

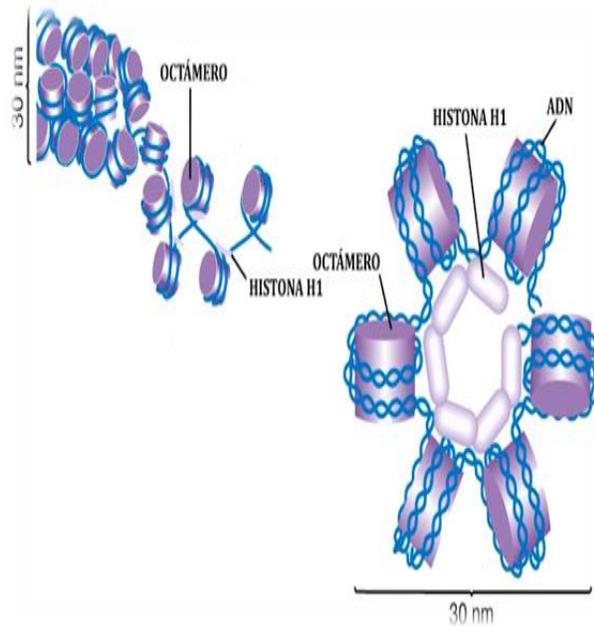
4°A

Comitán de Domínguez; Chiapas, 10 de Septiembre de 2020

Función de las Histonas y la formación del nucleosoma

Sin las histonas, el ADN sería una maraña desorganizada de nucleótidos. Estas proteínas permiten el empaquetamiento eficiente del material hereditario en el núcleo celular. Sin embargo, su papel excede con mucho el de mero soporte estructural para el ADN: las histonas regulan también el metabolismo del material hereditario.

Su principal característica reside en constituir una base estructural y funcional susceptible de continuas mejoras. La gran diversificación y especialización de las histonas ha permitido que las diferentes formas de vida alcancen la complejidad celular.



Histonas

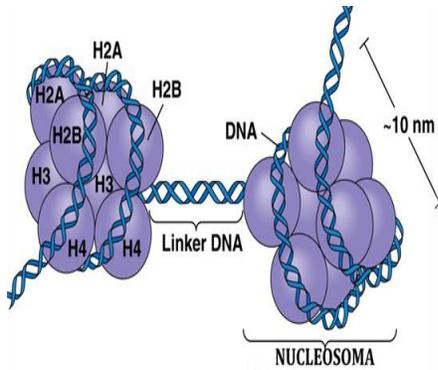
Las proteínas celulares más frecuentes son las proteínas histonas, siendo que cada célula eucariótica presenta varios cientos de millones de moléculas de histonas, mientras que las demás proteínas no alcanzan unos cientos (como mucho, a miles). Son proteínas de masa molecular baja, aproximadamente 11-12 Kd y exhiben un alto contenido, cerca de 20%, de lisina y arginina (aminoácidos básicos). Con las cargas positivas de las cadenas laterales de estos restos, las histonas (que son extremadamente básicas) se unen a los grupos fosfato del ADN (cargados negativamente); para ello no es relevante la secuencia de bases dentro del ADN. A menudo, las histonas son modificadas por metilaciones, acetilaciones, fosforilaciones o ADP-ribosilaciones.

Metilaciones: Determinan cambios permanentes en la cromatina. Están destinadas al mantenimiento de un tipo determinado de expresión génica. Enzimas encargadas: HMTasas.

Acetilaciones: en las colas de las histonas a nivel de lisina y arginina: modifican la cromatina determinando que pueda transcribir. Enzimas encargadas: HAT.

Desacetilaciones: determinan la compactación de la cromatina, silencia la actividad transcripcional. Enzimas encargadas: HDAC.

En los seres humanos hay cinco tipos principales: la histona H1 y las histonas H2A, H2B, H3 y H4. Estas últimas se denominan también histonas nucleosomales y forman un octámero con dos histonas de cada; alrededor de este núcleo se enrolla



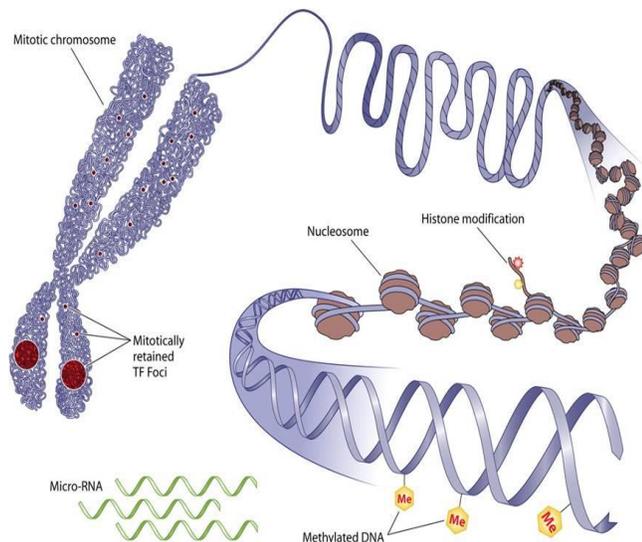
dos veces un hilo de ADN. Este complejo ADN-histona recibe el nombre de nucleosoma y constituye el componente primario del cromosoma.

El ADN gira unos 147 pares de bases alrededor del núcleo de la histona y a continuación se desplaza unos 20-70 bp en un giro hacia la izquierda hasta alcanzar el siguiente nucleosoma. La pieza intermedia, también denominada ADN de conexión está “desnuda”, es decir, no está equipada con

histonas. La histonas H1 se coloca como pieza de cierre en cada nucleosoma y al mismo tiempo toma contacto con las agrupaciones vecinas. De esto modo, las proteínas H1 van “grapando” los nucleosomas para formar un hilo denso: la fibra de cromatina.

Las características de las histonas han contribuido a que las histonas fueran visualizadas únicamente como proteínas que permitían al ADN enrollarse adquiriendo así un primer grado de compactación que le facilitaría ser almacenado en el núcleo. Sin embargo, pasó mucho tiempo hasta que se reparó en el hecho de que la naturaleza requería de un grupo de moléculas que participaran en la compactación del ADN: cualquier secuencia de aminoácidos con carga positiva podría llevar a cabo dicha función. Actualmente, se sabe que todo el ADN nuclear está enrollado en nucleosomas que se organizan en fibras de cromatina y que los reguladores de genes no pueden unirse a un ADN tan compacto, ya que sus lugares de unión están copados (tapados) por nucleosomas. Así, los factores de transcripción primero deben hacer la tarea de distender los nucleosomas para obtener un acceso físico.

Un conjunto de factores de transcripción puede modificar covalentemente los restos de histonas situados en el núcleo de los nucleosomas. Algunos tienen actividad histona-acetil-transferasa, con la que acetilan el grupo ϵ -amino de los restos de lisina. Así, estos pierden su carga positiva y ya no pueden mantener los enlaces iónicos, lo que hace que el núcleo de los nucleosomas se distienda.



De este modo, las secuencias reguladoras del ADN quedan accesibles. Las histonas también pueden modificarse por metilación, ribosilación o fosforilación; aún no se conoce en detalles cuáles son los mecanismos precisos con los que estas modificaciones influyen en la regulación genética.

Fuente de Informacion

- Sergio; O. (2009) Caracterizcion y analisis Funcional de las Histonas. Recuperado de [http://www.iib.unsam.edu.ar/archivos/docencia/tesis/archivos/CarolinaDalmasso .pdf](http://www.iib.unsam.edu.ar/archivos/docencia/tesis/archivos/CarolinaDalmasso.pdf)
- Ricardo; C. (2015) Interaccion Histonas- DNA. Recuperado de <https://eprints.ucm.es/52224/1/5309852817.pdf>