



**Universidad del Sureste
Escuela de Medicina**



Materia: biología molecular en la clínica

Tema: resumen histonas

Presenta:

Karen Alejandra Morales Moreno

Q.F.B. Nájera Mijangos Hugo

Histonas

En las células eucariotas la cromatina está formada por un complejo de ADN y proteínas que compactan eficazmente grandes cantidades de ADN dentro del pequeño volumen nuclear. Las histonas modulan la estructura y la función de la cromatina, las cuales, a su vez, afectan la utilización del ADN genómico. La estructura de la cromatina está sujeta a procesos de dinámica estructural que hacen posibles la replicación, la transcripción y la regulación de la expresión génica.

El empaquetamiento del ADN corresponde a las histonas, una familia de cinco clases de proteínas que se asocian al ADN y lo condensan optimizando el escaso espacio disponible. Cuando se descubrieron las histonas nadie vio en ellas otra función que la de eficaces “empaquetadoras” del ácido desoxirribonucleico. Se ha demostrado otras funciones de las histonas como que se hallan involucradas en la activación y desactivación controlada de las moléculas de ADN.

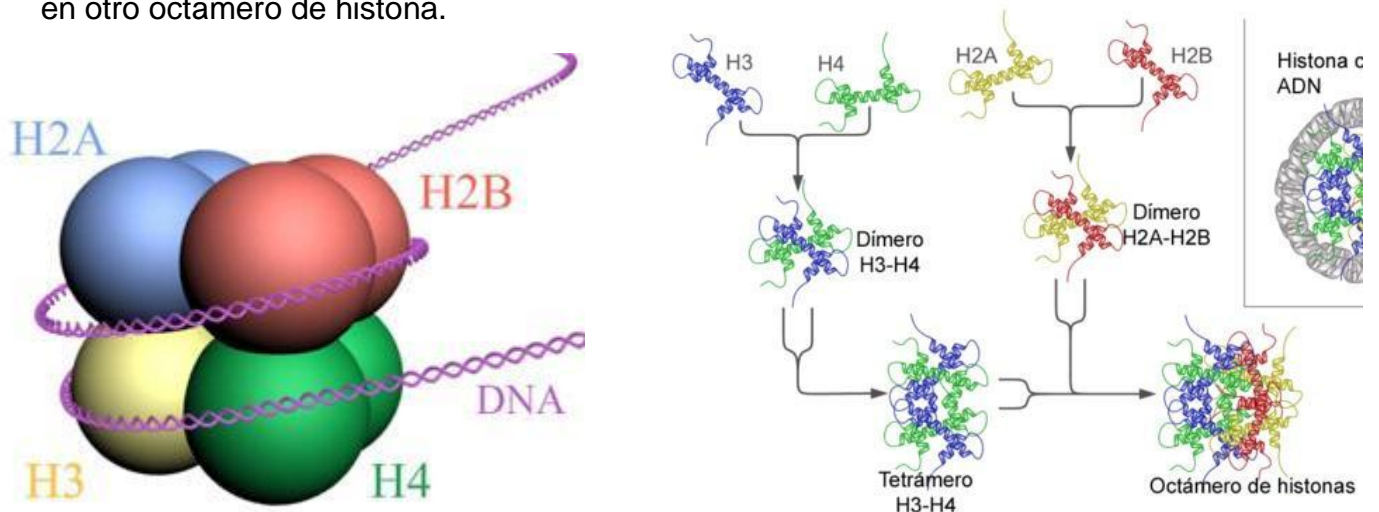
Las histonas H1 son proteínas básicas que interaccionan con el ADN internucleosomal. Las histonas H1 difieren en estabilidad evolutiva y en las tasas relativas de síntesis y degradación, en células en división y en células quiescentes, propiedades que permiten cambios en sus proporciones relativas durante el desarrollo y la maduración de los tejidos.

Las histonas H1 presentan diferencias de afinidad relativa por el ADN y por la cromatina; la H1a es el subtipo con más baja afinidad, las H1b y H1c tienen afinidades intermedias y las H1d, H1e y H1° tienen las afinidades más alta.

Formación del nucleosoma

Está construido como un octámero de proteínas llamadas histonas, o estructura en forma de tambor sobre la cual se enrollan unos 140 nt de ADN, dando casi dos vueltas completas.

Las histonas forman un octámero a manera de tambor con dos copias o monómeros de cada una de las histonas H2A, H2B, H3 y H4. El ADN da casi dos giros completos sobre los lados del octámero y continúa luego con una fracción de ADN linker que se asocia con la histona H1, para volver a dar dos giros completos en otro octámero de histona.



El hecho de que los octámeros de histona y el ADN interactúen electrostáticamente explica en parte su asociación efectiva, sin perder la fluidez requerida para hacer de los nucleosomas elementos dinámicos de compactación y decompactación de la cromatina.

Pero existe un elemento de interacción aún más sorprendente: los extremos N terminales de las histonas quedan expuestos fuera del interior del octámero, más compacto e inerte. Estos extremos no sólo interactúan físicamente con el ADN, sino que además sufren una serie de modificaciones covalentes de los cuales dependerá el grado de compactación de la cromatina y de expresión del ADN asociado.

El conjunto de modificaciones covalentes, en términos de tipo y número, entre otras cosas, se conoce colectivamente como código de las histonas. Estas modificaciones incluyen fosforilación, metilación, acetilación, ubiquitinación y sumoilación de los residuos de arginina y lisina de los extremos N terminales de las histonas.

Cada cambio, en conjunto con otros dentro de la misma molécula o en residuos de otras histonas, particularmente de las histonas H3, determinarán la expresión o no del ADN asociado, así como el grado de compactación de la cromatina.

Bibliografía

Orrego M, Ponte I, Suau P. Caracterización de la estructura secundaria de subtipos de la histona H1 por dicroísmo circular. *Revista Biosalud* 2015; 14(2): 29-48. DOI: 10.17151/biosa.2015.14.2.4