



**UNIVERSIDAD DEL SURESTE
LICENCIATURA EN MEDICINA VETERINARIA Y
ZOOTECNIA**

BIOQUIMICA II

**CATEDRATICO: SERGIO
CHONG VELAZQUEZ**

ALUMNA: RAQUEL VIRGINIA RIZO ESALANTE

replicación del ADN a lo largo de su historia

2 PARCIAL

08/02/2021

Del trabajo del bioquímico Phoebus Levene y otros, los científicos del tiempo de Watson y Crick sabían que el ADN se componía de subunidades llamadas nucleótidos. Un nucleótido está formado por un azúcar (desoxirribosa), un grupo fosfato y una de cuatro bases nitrogenadas: adenina (A), timina (T), guanina (G) o citosina (C).

Las bases C y T, que solo tienen un anillo, se llaman pirimidinas, mientras que las bases A y G, que tienen dos anillos, se llaman purinas.

Los nucleótidos del ADN forman cadenas unidas por enlaces covalentes, los cuales se forman entre el azúcar desoxirribosa de un nucleótido y el grupo fosfato del siguiente. Este arreglo resulta en una cadena alternante de grupos desoxirribosa y fosfato en el polímero de ADN, estructura conocida como esqueleto azúcar fosfato

Las reglas de Chargaff

Otra pieza clave de información relacionada con la estructura del ADN la proporcionó el bioquímico austriaco Erwin Chargaff. Chargaff analizó el ADN de diferentes especies y determinó su composición de bases A, T, C y G. Este científico hizo varias observaciones claves:

A, T, C y G no se encontraban en cantidades iguales (como algunos modelos de la época hubieran predicho)

La cantidad de bases variaba entre especies, pero no entre individuos de la misma especie

La cantidad de A siempre era igual a la cantidad de T y la cantidad de C siempre era igual a la cantidad de G ($A = T$ y $G = C$)

Estos descubrimientos, llamados reglas de Chargaff, resultaron cruciales para el modelo de Watson y Crick de la doble hélice del ADN.

Watson, Crick y Rosalind Franklin

A principios de la década de 1950, el biólogo estadounidense James Watson y el físico británico Francis Crick propusieron su famoso modelo de la doble hélice del ADN. Fueron los primeros en cruzar la

línea de meta en esta "carrera" científica, en la que otros como Linus Pauling (quien descubrió la estructura secundaria de las proteínas) también trataban de encontrar el modelo correcto.

En lugar de realizar nuevos experimentos en el laboratorio, Watson y Crick principalmente recolectaron y analizaron fragmentos de información existente y los juntaron de formas novedosas y reveladoras. Algunas de sus pistas más importantes sobre la estructura del ADN fueron producto del trabajo de Rosalind Franklin, una química que trabaja en el laboratorio del físico Maurice Wilkins.

Franklin era experta en una poderosa técnica para la determinación de la estructura de moléculas, conocida como cristalografía de rayos X. Cuando la forma cristalizada de una molécula, como el ADN, se expone a rayos X, los átomos en el cristal desvían algunos de los rayos y forman un patrón de difracción que da pistas sobre la estructura de la molécula.

El modelo del ADN de Watson y Crick

La estructura del ADN, representada según el modelo de Watson y Crick, es una hélice dextrógira de doble cadena antiparalela. El esqueleto de azúcar-fosfato de las cadenas de ADN constituye la parte exterior de la hélice, mientras que las bases nitrogenadas se encuentran en el interior y forma pares unidos por puentes de hidrógeno que mantienen juntas a las cadenas del ADN.

En el modelo siguiente, los átomos naranjas y rojos indican los fosfatos del esqueleto de azúcar-fosfato, mientras que los átomos azules en el interior de la hélice pertenecen a las bases nitrogenadas.

Orientación antiparalela

El ADN de doble cadena es una molécula antiparalela, lo que significa que se compone de dos cadenas que corren una junto a la otra pero en direcciones opuestas. En una molécula de ADN de doble cadena,

el extremo 5' (el que termina con un grupo fosfato) de una cadena se alinea con el extremo 3' (el que termina con un grupo hidroxilo) de su pareja y viceversa.

La hélice dextrógira

En el modelo de Watson y Crick, las dos cadenas de ADN giran un alrededor de la otra para formar una hélice dextrógira. Todas las hélices tienen direccionalidad, que es una propiedad que describe cómo se orientan los surcos en el espacio.

La torsión de la doble hélice del ADN y la geometría de las bases crea un hueco más amplio (llamado surco mayor) y un hueco más estrecho (llamado surco menor) que corren a lo largo de la molécula, como se muestra en la figura anterior. Estos surcos son importantes sitios de unión para las proteínas que mantienen el ADN y regulan la actividad de los genes.

Apareamiento de bases

En el modelo de Watson y Crick, las dos cadenas de la doble hélice del ADN se mantienen unidas por puentes de hidrógeno entre las bases nitrogenadas en cadenas opuestas. Cada par de bases forma un "peldaño" en la escalera de la molécula de ADN.

Los pares de bases no se forman por cualquier combinación de bases. Por el contrario, si hay una A en una cadena, deben estar emparejada con una T en la otra (y viceversa). Del mismo modo, una G en una cadena siempre debe tener una C como compañera en la cadena opuesta. Estas correspondencias entre A-T y G-C se conocen como pares de bases complementarias.

El impacto de la doble hélice

La estructura del ADN abrió la puerta para entender muchos aspectos sobre la función del ADN, como la forma en que se copia y la forma en que la célula utiliza la información que contiene para hacer proteínas.

Como veremos en próximos artículos y videos, el modelo de Watson y Crick marcó el comienzo de una nueva era de descubrimientos en la biología molecular. El modelo y los descubrimientos que permitió

forman los cimientos de una gran parte de la investigación de vanguardia actual en biología y biomedicina.