



PROCESOS BIOQUIMICOS EN LA INFORMACION GENETICA

CATEDRATICO: D.R JOSE MIGUEL CULEBRO RICARDI

HECHO POR: CARLOS FRANCISCO LEON GOMEZ

TUXTLA GUTIERREZ CHIAPAS

PROCESOS BIOQUIMICOS EN LA INFORMACION GENETICA

La transmisión de información genética tiene como principio rector las reglas de apareamiento de bases de Watson-Crick, y es lo que posibilita una transmisión de "ida y vuelta" de la información entre ADN a ARN. De ARN a proteínas, no obstante, la vía de transmisión es unívoca.

La replicación es el modo de perpetuar la información genética, y asegurar una copia fiel de la información en cada una de las células producidas por división. En lo referente a la transmisión de la información dentro de la célula, los pasos fundamentales son dos.

El primer paso, la transcripción, consiste en la copia exacta de una de las hebras de ADN a ARN; la secuencia de ARN será exactamente igual a la del ADN copiado, excepto por la presencia de uracilo U en vez de timina T.

El segundo paso, la traducción, implica la síntesis de proteínas haciendo uso del código genético, que identifica aminoácidos específicos a partir de un conjunto de tres bases.

Los tres procesos mencionados son procesos de polimerización, que pueden dividirse en tres etapas: Iniciación, elongación y terminación, definidas en cada caso por eventos concretos.

Entre la transcripción y la traducción, hay en ciertos casos un procesamiento de los transcritos a fin de obtener ARN mensajero (ARNm) maduro. Los productos de la traducción también son procesados. En cada caso hay en juego elementos de señalización en la molécula que porta la información (ADN, ARN o proteína) para dar lugar a un copiado o procesamiento correcto.

REPLICACIÓN DEL DNA

Es el proceso por el cual se copia cada cadena del DNA para dar origen a una nueva cadena de DNA complementaria. Esto ocurre en cada división celular y asegura que la información genética sea transmitida a ambas células hijas. La síntesis de DNA involucra la acción altamente coordinada de muchas proteínas que se encuentran en un complejo denominado replisoma. Durante la replicación cada cadena de DNA sirve como molde para la formación de una nueva cadena. Esto se conoce como replicación semiconservadora. También existe replicación durante la recombinación y la reparación del DNA dañado. La replicación del DNA comienza en una secuencia de nucleótidos particular en el cromosoma: el origen de la replicación. Ocurre bidireccionalmente por medio de dos horquillas de replicación que se mueven en direcciones opuestas. Las enzimas helicasas desenrollan la doble hélice en cada horquilla de replicación y proteínas de unión a cadena simple estabilizan las cadenas separadas. Otras enzimas, las topoisomerasas, relajan el superenrollamiento de la hélice, ya que cortan las cadenas por delante de las horquillas de replicación y luego las vuelven a unir.

Para que pueda comenzar la replicación se necesita una secuencia de cebador de RNA - sintetizado por la enzima RNA primasa-, con sus bases correctamente apareadas con la cadena molde. La adición de nucleótidos de DNA a la cadena es catalizada por las DNA polimerasas. Estas enzimas sintetizan nuevas cadenas sólo en la dirección 5' a 3', añadiendo nucleótidos uno a uno al extremo 3' de la cadena creciente.

La replicación de la cadena adelantada es continua, pero la replicación de la cadena rezagada es discontinua. En la cadena rezagada, fragmentos de Okazaki se sintetizan en la dirección 5' a 3'. Cuando un fragmento de Okazaki ha crecido lo suficiente como para encontrar a un cebador de RNA por delante de él, otra DNA polimerasa reemplaza a los nucleótidos de RNA del cebador con nucleótidos de DNA. Luego, la DNA ligasa conecta cada fragmento con el fragmento contiguo recién sintetizado en la cadena. En el proceso de replicación del DNA se pierden nucleótidos en los extremos de las moléculas de DNA lineales. En algunas células eucarióticas, esta pérdida es compensada por la actividad de la enzima telomerasa. En el curso de la síntesis de DNA, la DNA polimerasa corrige los errores, retrocediendo cuando es necesario para eliminar nucleótidos que no estén correctamente apareados con la cadena molde. Otros errores en el DNA ocurren en forma independiente del proceso de replicación y son usualmente reparados por distintos mecanismos. Los nucleótidos, antes de ser incorporados a las cadenas crecientes de DNA, se encuentran en forma de trifosfatos. La energía requerida para impulsar la replicación proviene de la eliminación de dos fosfatos.

TRANSCRIPCIÓN

Es el proceso por el que un segmento de DNA que codifica la serie de aa, integrantes de una proteína, transcribe esta información a una cadena de mRNA cuyas bases tendrán una secuencia complementaria a las del DNA: C-G y A-U. Este RNA se llama mRNA, pues es precisamente depositario del "mensaje" que el núcleo emite para la síntesis de una proteína. Cada segmento de DNA que codifica un gen sintetizará una copia de RNA complementario que, a su vez, codificará la secuencia de la proteína codificada por dicho gen. A cada base del DNA le corresponde una base complementaria del mRNA y la secuencia de tres bases del mRNA codifica un aa. Se debe aclarar que previamente a este proceso las dos hebras de ADN deben separarse para que queden libres de apareamiento sus bases y puedan servir de molde para la síntesis del ARNm. De las dos cadenas de ADN que se separan sólo una es utilizada para la síntesis del ARNm y se llama hebra molde. La síntesis de la cadena complementaria del ARNm está catalizada por la enzima ARN-polimerasa II. La RNA polimerasa opera de la misma forma que la DNA polimerasa, moviéndose en dirección 3' a 5' a lo largo de la cadena molde de DNA, sintetizando una nueva cadena complementaria de nucleótidos (en este caso, ribonucleótidos) en la dirección 5' a 3'. Sin embargo, a diferencia de la DNA polimerasa, la RNA polimerasa no requiere cebador para comenzar la síntesis de RNA, ya que es capaz de iniciar una nueva cadena uniendo dos ribonucleótidos.

La síntesis de las proteínas, o *traducción*, es una etapa importante dentro del proceso global de la expresión génica, ya que permite, en último término, que la información genética almacenada en las moléculas de los ácidos nucleicos se plasma en forma de proteínas, que son los componentes estructurales y funcionales básicos para la organización y el funcionamiento de la célula (proteoma).

La estructura tridimensional de una proteína depende, en gran medida, de la secuencia u orden lineal de los aminoácidos dentro de la cadena polipeptídica. Este orden se establece de manera rigurosa en el momento de su síntesis, por lo que el mecanismo que consigue el ordenamiento de los aminoácidos es de vital importancia para la célula.

La información que determina la secuencia proteica está especificada en el ADN, en forma de secuencia de las cuatro bases nitrogenadas (A, T, C, G) características de este tipo de ácido nucleico. La unidad de codificación o codón viene determinada por una secuencia de tres bases que se corresponden con un determinado aminoácido. La estructura primaria de un polipéptido, es decir, su secuencia de aminoácidos, está escrita en un segmento concreto de ADN denominado gen, en el que las bases nitrogenadas de una de las dos cadenas del ADN forman una sucesión de bases que se leen en forma de tripletes y en el sentido 5' → 3' (*pauta o fase abierta de lectura*, u *ORF*).

La relación existente entre los diferentes tripletes y los aminoácidos proteicos se conoce como *código genético*. Esta información, cifrada en el ADN, no se transmite de manera directa a las proteínas, sino que se comunica a través de moléculas intermediarias de ARN, que ejercen un papel importantísimo, no sólo en el transporte de la información genética, sino también en el descifrado de la misma y en la constitución de la maquinaria celular que va a llevar a cabo el proceso de síntesis proteica, en la que desempeñan un papel fundamental los *ribosomas*. Existen tres tipos principales de ARN que participan activamente en el proceso de síntesis de las proteínas y que, de acuerdo con su función, se clasifican en *ARN mensajero* (ARNm), *ARN de transferencia* (ARNt) y *ARN ribosomal o ribosómico* (ARNr). Aunque estas moléculas son muy similares desde un punto de vista químico (polinucleótidos monocatenarios), presentan estructuras tridimensionales y funciones diferentes.

La molécula de ARN, resultado de la transcripción de un gen codificador de una cadena polipeptídica determinada y que lleva la información correspondiente al gen, se denomina ARN mensajero, ARNm. Existen tantas moléculas de ARNm distintas como genes, y en unas proporciones que reflejan, fundamentalmente, la frecuencia de transcripción de los distintos genes. Estas moléculas de ARNm son de un tamaño mucho menor que el de las moléculas de ADN, y portan una sucesión de codones a lo largo de su secuencia, equivalente a la del gen a partir del cual se han copiado. La lectura o descifrado de este mensaje, utilizando la molécula de ARNm como molde o plantilla, por la maquinaria biosintética de proteínas, va a dar lugar a la unión de aminoácidos por medio de enlaces peptídicos, en una ordenación determinada.

El ARNm, a diferencia del ADN u otros tipos de ARN, presenta en general una gran *inestabilidad metabólica*, por lo que su vida en el interior de la célula es limitada. Esta inestabilidad del mensajero implica que para la síntesis continua de una determinada proteína debe existir una síntesis permanente de su ARNm, lo que requiere una transcripción activa del gen correspondiente. Los ARNm bacterianos suelen tener una vida media muy corta,

mientras que los mensajeros de los eucariotas suelen tener una supervivencia mayor. Ésta no es la única diferencia entre los ARNm de procariotas y eucariotas: así, los ARNm de los procariotas sufren procesos de síntesis mucho más sencillos que los de los eucariotas.

El transcrito primario resultante de la transcripción de un gen bacteriano codificador de proteínas se puede utilizar directamente como ARNm, sin ninguna modificación ulterior, mientras que los ARNm de los eucariotas se sintetizan bajo la forma de moléculas de mayor tamaño, que necesitan sufrir una serie de procesos postranscripcionales hasta poder ser utilizados como ARNm. Estas diferencias están determinadas fundamentalmente por la dispar organización de las células procarióticas y eucarióticas, así como por la mayor complejidad de la información de los genes eucarióticos.

BIBLIOGRAFIA

1. BIOQUIMICA Y BIOLOGIA MOLECULAR PARA CIENCIAS DE LA SALUD. J.A. LOZANO 3ERA EDICION.
2. CONCEPTOS DE GENETICA Profesora Titular. Cátedra de Bioquímica. Facultad de Medicina. Profesora Adjunta. Año 2011
3. INTRODUCCION AL ESTUDIO DE LA BIOQUIMICA AIDA MACIAS AVILA