

MATERIA:
Biología Molecular

NOMBRE DEL TRABAJO:
“ENSAYO DE REPLICACIÓN DEL DNA”

ALUMNA:
Layla Carolina Morales Alfaro

GRUPO: “A”
GRADO: “4”

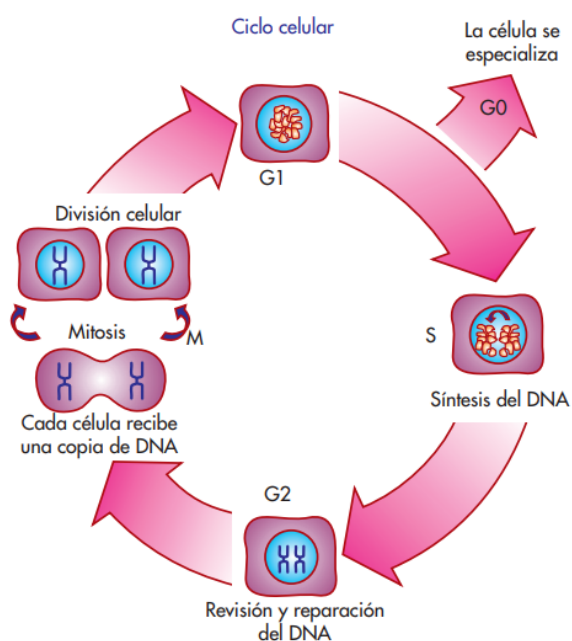
DOCENTE:
Q.F.B. Nájera Mijangos Hugo

REPLICACIÓN DEL ÁCIDO DESOXIRRIBONUCLEICO (DNA)

En este ensayo se hablará sobre la replicación del ADN, que es un proceso asombroso que permite a los organismos vivos crecer y preservar la vida.

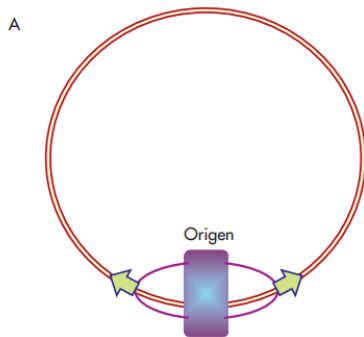
Es uno de los procesos biológicos celulares más relevantes, ya que su molécula guarda en su secuencia de bases la información genética que distingue a los individuos como integrantes de una especie en particular. El DNA está formado por dos hilos de nucleótidos enrollados uno sobre el otro, formando una hélice doble guardada en la profundidad de las células.

Todos los organismos vivos tienen un ciclo de vida, compuesto de etapas que se van alcanzando de manera consecutiva en el tiempo. En cada ciclo celular, las hebras de la molécula de DNA se separan y se copian con la más alta fidelidad, para luego volver a reformar la doble hélice, mantiene vigente la vida hasta nuestros días.

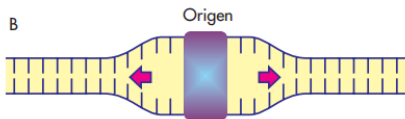


El DNA es una hebra de nucleótidos con una secuencia determinada, en esas hileras de nucleótidos están ubicados los genes, que cada uno de ellos proporciona información para construir organismos.

Entre una de las secuencias está el llamado origen de la replicación, que es el sitio donde debe iniciar la copia del material genético, en cada ciclo celular. En los organismos procariontes, hay un solo origen de replicación, mientras que, en los eucariontes, con genomas más amplios y complejos, se encuentran varios orígenes de replicación. En las bacterias, cuyo organismo modelo es la enterobacteria *Escherichia coli*, el sitio de origen se denomina OriC, y está formado por módulos cortos de secuencia repetida, con una gran cantidad de nucleótidos de adenina y timina.



A partir del origen de replicación, se forman dos sitios de copia activa del DNA, denominados horquillas de replicación, el movimiento de estas horquillas es bidireccional a partir del origen, de manera que, según avanza la copia del DNA, las horquillas se van separando entre sí en direcciones contrarias. Entonces, estos sitios de origen de replicación señalan el lugar específico donde el proceso de copia del DNA inicia, y funcionan como sitios de anclaje para las proteínas que realizan el proceso.



ENZIMAS PARTICIPANTES

La replicación del DNA es un proceso dinámico, comprende la participación de enzimas que se coordinan para generar una copia casi siempre 100% idéntica a la molécula original. El conjunto básico de las enzimas que participan en el proceso se conoce como maquinaria de replicación.

➤ Polimerasa de DNA:

Se conocen tres tipos de polimerasas de DNA, caracterizadas en *E. coli*, denominadas I, II y III.

La I y II funcionan sobre todo en los procesos de reparación del DNA, y el tipo III es la encargada de catalizar la elongación de la cadena del DNA durante el proceso de replicación.

➤ Helicasas:

Son proteínas que utilizan la energía de los enlaces del ATP para catalizar el desenrollamiento parcial y transitorio de moléculas de ácidos nucleicos de doble hebra.

➤ Primasas:

Las primasas son enzimas que catalizan la formación de pequeños segmentos de RNA, llamados cebadores o primers, y que son absolutamente indispensables para que la polimerasa de DNA funcione, ya que esta requiere la presencia de un extremo 3' libre preexistente para iniciar la síntesis de DNA.

➤ Proteína ssb:

Son moléculas que se unen cooperativamente a la hebra abierta del DNA, impidiendo que tome su configuración de hebra doble.

➤ Ligasas:

Son enzimas que catalizan la formación de enlaces fosfodiéster entre los extremos de dos hebras de ácidos nucleicos. Hay dos clases: las que utilizan NAD⁺ como cofactor y que existen en las bacterias, y las que usan ATP como cofactor, específicas de los eucariontes.

➤ Topoisomerasas:

Son enzimas que cortan y ligan el DNA cambiando su topología, sea induciendo la formación de giros o relajando superenrollamientos.

MECANISMO INTEGRAL DE REPLICACIÓN

El proceso puede dividirse en etapas.

Etapa 1. Reconocimiento del origen de replicación: la replicación inicia en sitios específicos dentro del genoma, llamados orígenes de replicación. Éstos son reconocidos por helicasas específicas mediante una reacción en la que se utiliza ATP, producen la abertura de ese segmento. A partir de ahí, otras helicasas con estructura de anillo se encargarán de inducir la abertura del resto de la cadena, translocándose a través de ella, de modo bidireccional a partir del origen de replicación.

Etapa 2. Mantenimiento de la abertura de la hélice: una vez que la hélice de DNA se ha separado en el sitio de origen, las pequeñas proteínas ssb se asocian con los nucleótidos de cada hebra, impidiendo que se regeneren los puentes de hidrógeno entre ellos. De esta manera permanecen separadas las hebras para dar cabida al resto de enzimas participantes.

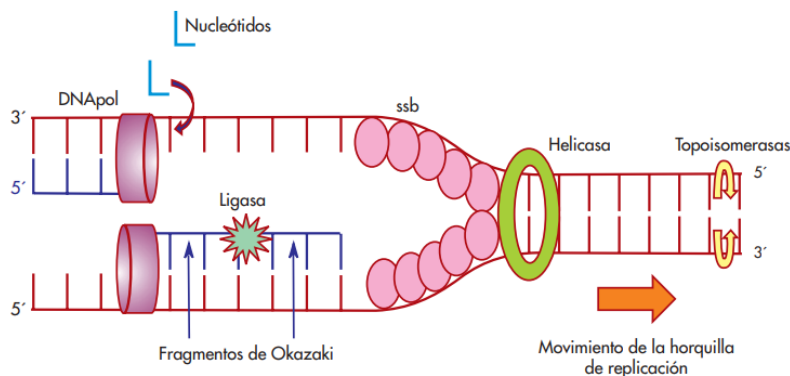
Etapa 3. Síntesis del cebador: una vez separada la hebra de DNA en el sitio de inicio, una primasa sintetiza un segmento corto de RNA, que servirá como cebador para la siguiente enzima.

Etapa 4. Inicio de la copia: el extremo 3' del cebador funciona como punto de anclaje para la polimerasa de DNA, que se ensambla secuencialmente: primero la subunidad β , con la participación del complejo γ , y después el centro enzimático. Una vez ensamblada la enzima completa, el centro enzimático añade nucleótidos complementarios a la cadena que está copiando. Según se propone, la polimerasa III forma un dímero, con uno de sus monómeros ensamblado sobre la cadena líder y el otro ensamblado sobre la cadena acompañante.

Dada la capacidad de polimerización 5' → 3' de la polimerasa, la cadena líder se copia en un proceso continuo, en tanto que la acompañante se copia en un proceso discontinuo que genera fragmentos pequeños de hebra nueva, que en un primer momento están separados unos de otros, denominados fragmentos de Okazaki, se unen mediante la acción posterior de una ligasa.

Etapa 5. Relajación de superenrollamientos: se generan superenrollamientos en la hebra, que si no son relajados en un momento dado interrumpirán el paso de la maquinaria de replicación. Las topoisomerasas son las enzimas encargadas de relajar estos superenrollamientos, asegurando el paso libre de la maquinaria de replicación en toda la longitud de la cadena de DNA.

Etapa 6. Terminación de la replicación: se han descrito sitios de terminación del proceso, que también tienen la característica de ser secuencias cortas repetidas, además de presentar una disposición encontrada. Se sabe que hay ciertas proteínas denominadas RTP cuya función es inhibir el desplazamiento de las helicasas, y que están incluidas con la disociación de estas enzimas en los sitios de terminación de la replicación.



REPARACIÓN DEL DNA

Las células han desarrollado sistemas de reparación del DNA, los cuales se categorizan en cuatro tipos:

Reparación por supresión de bases (BER; base excision repair),

Reparación por supresión de nucleótidos (NER; nucleotide excision repair)

Reparación de pares erróneos (MMR, mismatch repair)

Reparación de rompimientos de la doble hebra (DBR, double-strand break repair).

RECOMBINACIÓN GÉNICA

El proceso de recombinación genera diversidad genética entre los individuos de una población que comparten un genoma particular.

En las células se reconocen dos clases de recombinación: la recombinación entre homólogos (RH) y la recombinación entre sitios específicos (SE).

CONCLUSIÓN

Cada especie tiene características únicas, que en su mayoría son el resultado de la expresión de su carga genética.

Como la replicación del ADN es un mecanismo complejo, es esencial que mantenga un máximo de fidelidad para que las copias de ADN sean exactas. Si se cometen errores durante el copiado podrían alterarse genes importantes, lo que conduciría a problemas o incluso la muerte de una célula u organismo.

Cabe mencionar que una de las enzimas mas importantes es la ADN polimerasa ya que hace un trabajo muy preciso en la síntesis de nuevas cadenas de ADN, la inserción de una base nitrogenada incorrecta ocurre en promedio una de cada diez mil o hasta un millón de bases nitrogenadas. Las células también utilizan otros procesos de reparación y enzimas para que la tasa de error sea aún más baja, y se asegure que la replicación del ADN sea exacta.

BIBLIOGRAFIA

Zárate, C. B., Sahagún, D. O., & Borunda, J. S. A. (2009). *Biología molecular: fundamentos y aplicaciones*. McGraw-Hill Education.