

**Nombre de
alumno: Renato
Villalobos
Robledo**

**Nombre del
profesor: Maria
de Los Ángeles
Venegas**

**Nombre del
trabajo:
Supernota
Materia:bioquimi
ca**

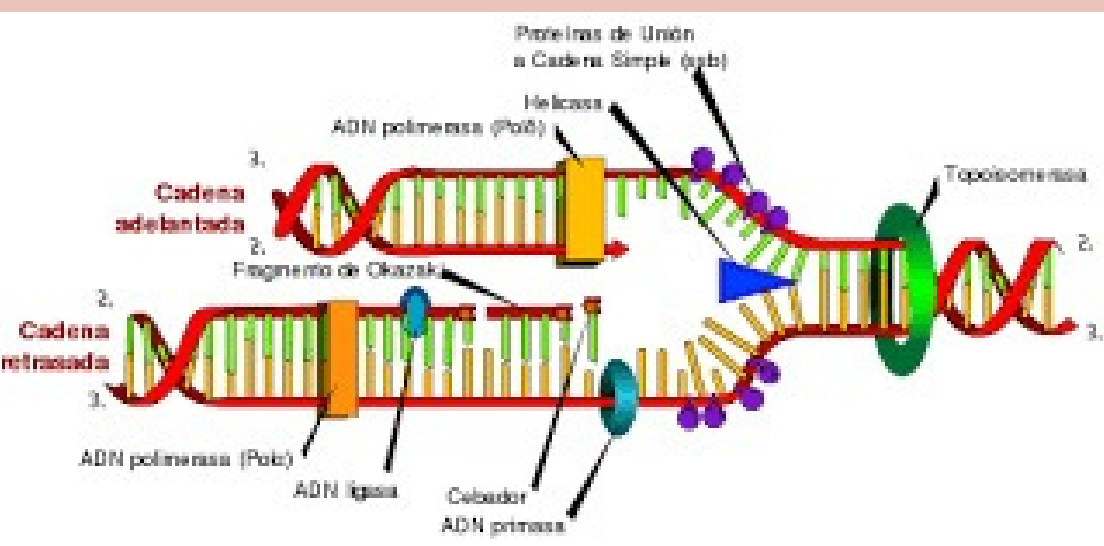
Grado: 2

Grupo: B

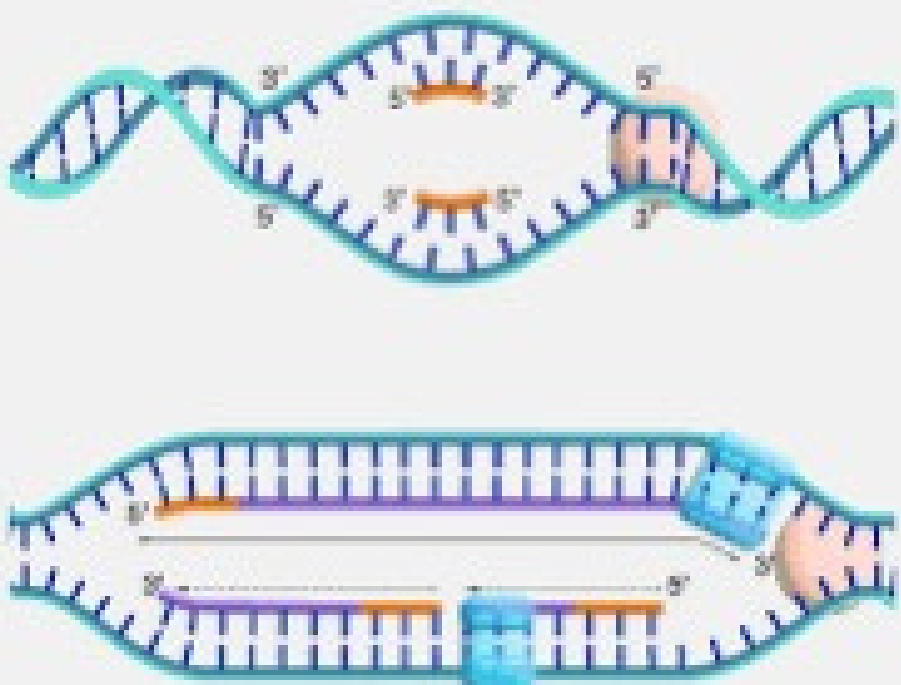
REPLICACION DEL ADN



El ADN debe duplicarse en cada ciclo celular para que cada célula hija mantenga la misma cantidad y cualidad de información. Esta replicación se produce durante la fase S del ciclo celular, es decir que cada célula antes de dividirse a través del proceso conocido como mitosis, debe duplicarse para que cada célula hija tenga exactamente la misma cantidad de ADN que la célula madre y además debe tener el ADN intacto es decir no haber sufrido mutaciones para que ambas células hijas sean iguales. El ADN para poder duplicarse, cada una de las hebras de la doble hélice sirve de molde para la síntesis de una nueva. Al final de este proceso cada una de las dos nuevas cadenas de ADN tiene una cadena o hebra de nueva y la que le sirvió de molde (vieja).

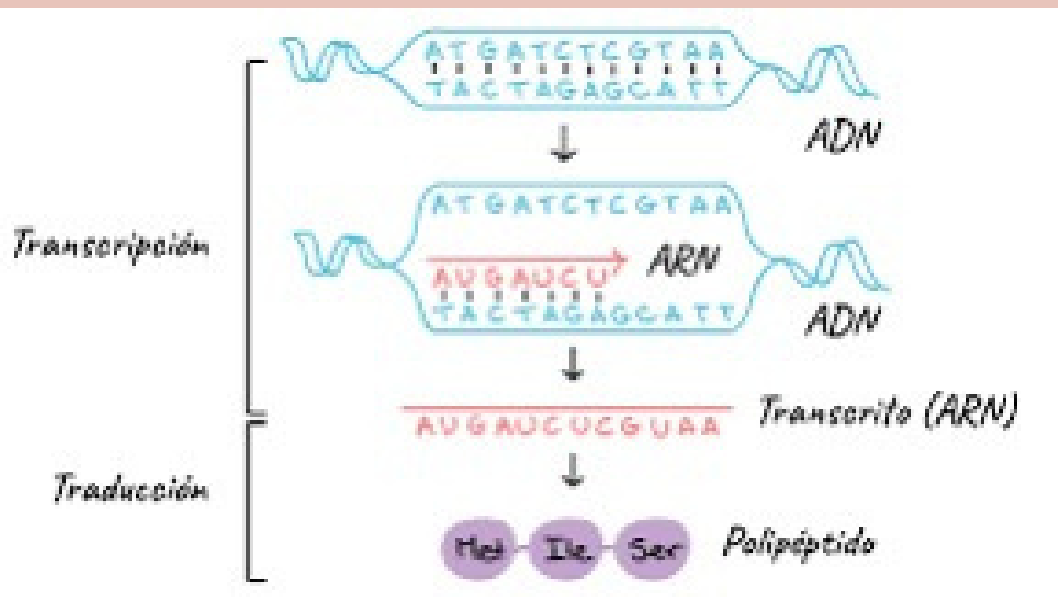


El Proceso de replicación es complejo y en el intervienen una serie de enzimas. Existen sitios específicos donde comienza la replicación denominados orígenes de replicación. Cuando comienza se forma una burbuja de replicación que contiene dos horquillas. Un breve resumen de las enzimas que participan y como lo hacen se representa en una animación donde se pueden ver las enzimas DNA polimerasa encargada de la adición de nucleótidos por complementariedad, la helicasa que abre la horquilla,



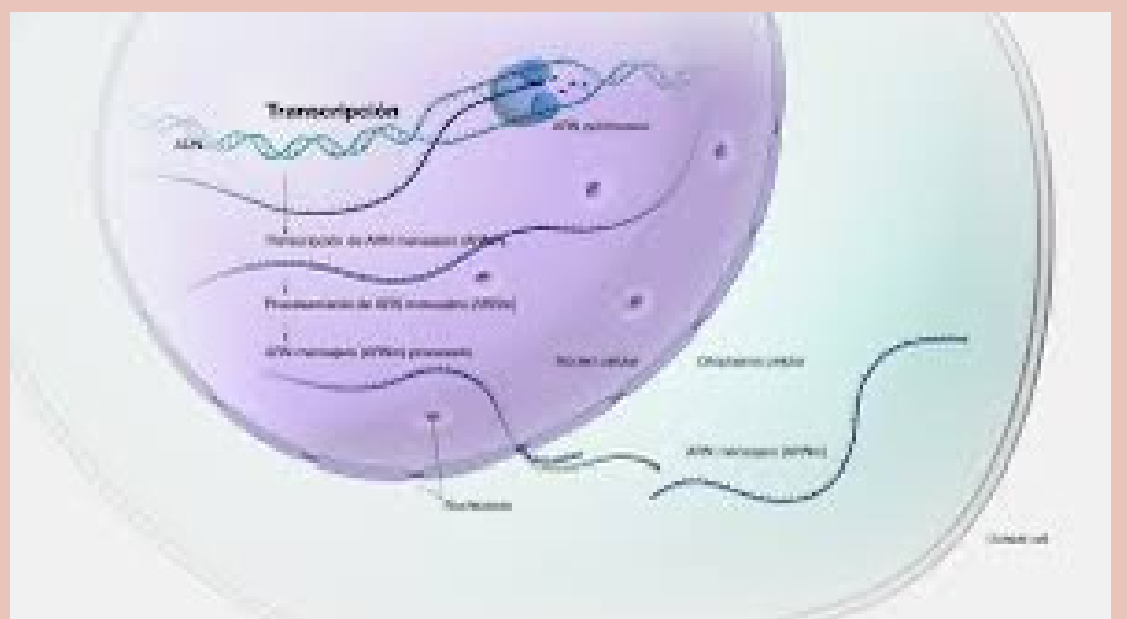
la RNA polimerasa que es quien comienza la replicación ya que puede unir dos nucleótidos libres y forma un pequeño fragmento de ARN, que luego es removido por una exonucleasa y la DNA polimerasa lo reemplaza por ADN, sellando el eje azúcar fosfato mediante la ligasa.

Transcripción del ADN



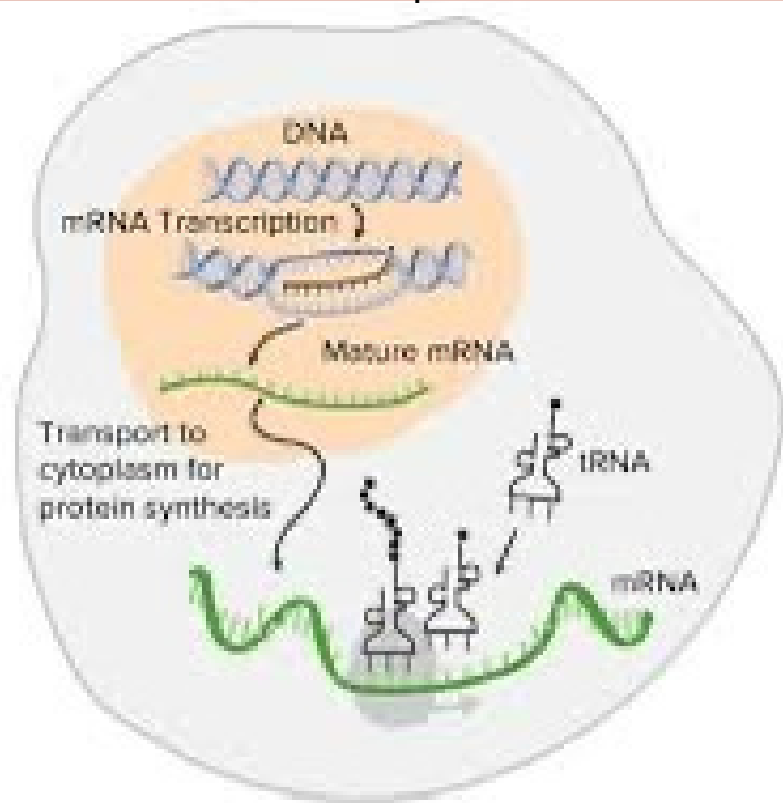
La transcripción es el proceso por el cual se sintetiza un ARN usando como molde al ADN. Muchos tipos de ARN pueden ser sintetizados así por la enzima ARN polimerasa, el ARN ribosomal el de transferencia, los pequeños ARN nucleares o citoplasmáticos

por supuesto los ARN mensajeros, que serán luego traducidos a una cadena polipeptídica. El proceso de la transcripción de los mensajeros es diferente en procariotas y eucariotas. Esto es debido a las diferencias propias entre los genes de las bacterias y los de las células de animales superiores.



Procesamiento pos-transcripcional de los diversos tipos de ARN.

Al igual que la transcripción, la síntesis de proteína puede describirse en tres fases: Inicio, alargamiento y terminación. Las características estructurales generales de los ribosomas y su proceso de auto montaje se comentan en el capítulo 34. Estas entidades particulada sirven como la maquinaria en la cual la secuencia de nucleótido del mRNA se traduce hacia la secuencia de aminoácidos de la proteína especificada. La traducción del mRNA comienza cerca de su terminal 5', con la formación del amino terminal correspondiente de la molécula de proteína. El mensaje se lee de 5' a 3', y concluye con la formación del carboxilo terminal de la proteína. De nuevo, el concepto de polaridad queda de manifiesto. La transcripción de un gen hacia el mRNA correspondiente o su precursor forma primero la terminal 5' de la molécula de RNA (cap. 36). En procariotas, esto permite el inicio de la traducción del mRNA antes de que se complete la transcripción del gen. En organismos eucarióticos, el proceso de transcripción es nuclear; la traducción del mRNA ocurre en el citoplasma. Esto evita la transcripción y traducción simultáneas en organismos eucarióticos, y hace posible el procesamiento necesario para generar mRNA maduro a partir de la transcripción primaria.



El inicio comprende varios complejos de proteína-RnA. El inicio de la síntesis de proteína

requiere que un ribosoma seleccione una molécula de mRNA para traducción.

Una vez que el mRNA se une al ribosoma, este último encuentra el cuadro de lectura correcto en el mRNA, y la traducción empieza.

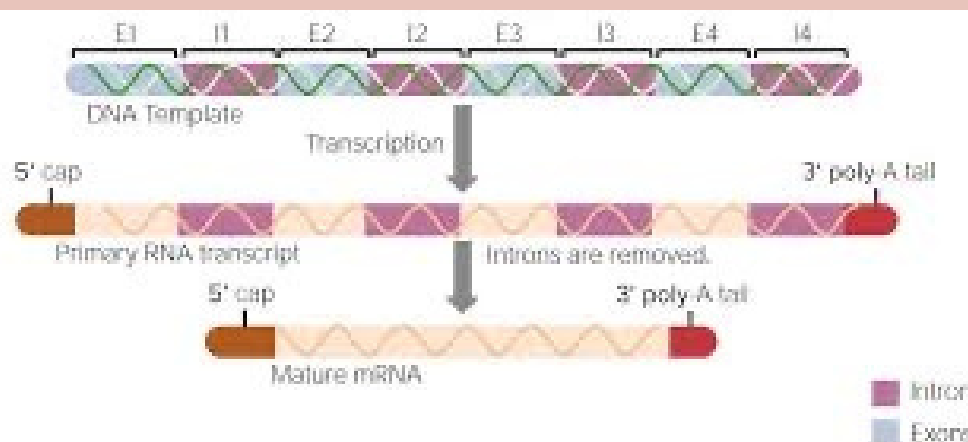
Este proceso comprende tRNA, rRNA, mRNA, y al menos 10 factores de inicio eucarióticos (eIF), algunos de los cuales tienen múltiples subunidades (3 a 8). También participan GTP, ATP y aminoácidos. El inicio puede dividirse en cuatro pasos: 1) disociación del ribosoma hacia las subunidades 40S y 60S

Proteasa de poliovirus

Los picornavirus alteran el complejo 4F. El complejo 4E-4G (4F) dirige la subunidad ribosómica 40S hacia el mRNA cubierto típico (véase el texto). 4G solo es suficiente para dirigir la subunidad 40S hacia el sitio de entrada ribosómico interno (IRES) de mRNA virales. Para obtener ventaja selectiva, ciertos virus (p. ej., poliovirus) expresan una proteasa que divide el sitio de unión a 4E desde el extremo aminoterminal de 4G. Este

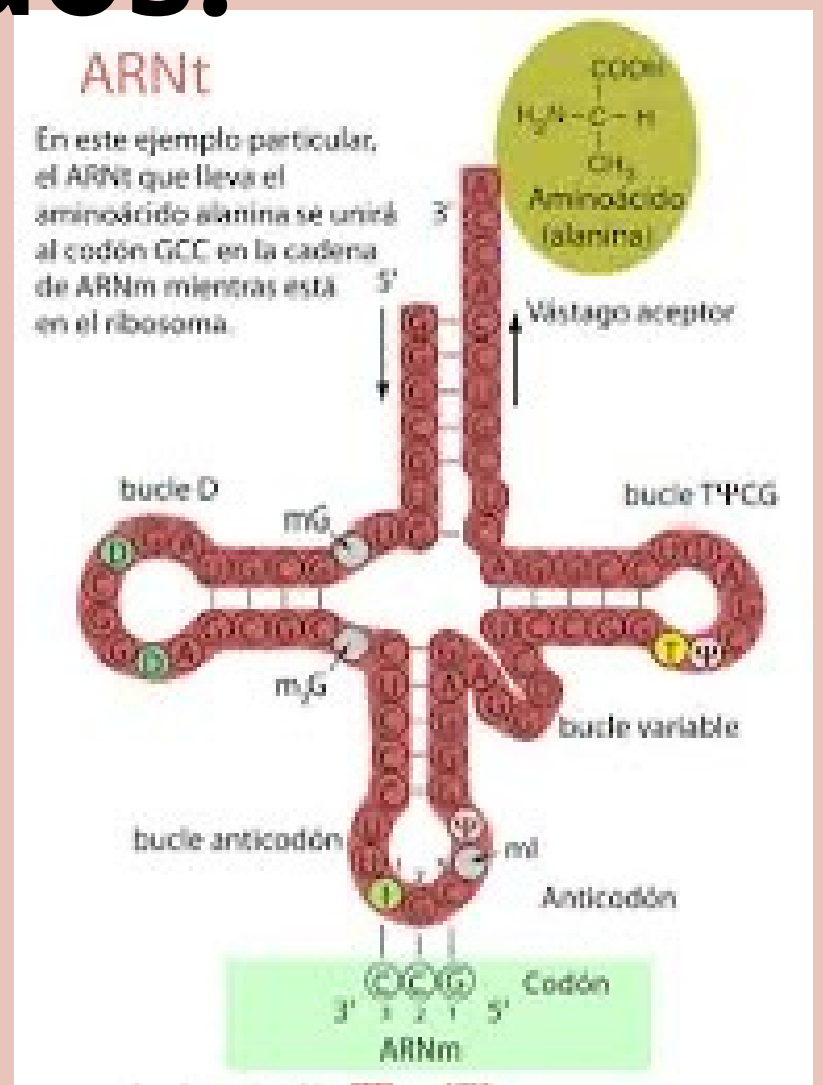
4G

truncado puede dirigir la subunidad ribosómica 40S hacia mRNA que tienen un IRES, pero no hacia los que tienen una cubierta. Las anchuras de las flechas indican el índice de inicio



Código genético y activación de aminoácidos.

La traducción es el paso de la información transportada por el ARN-m a proteína. La especificidad funcional de los polipéptidos reside en su secuencia lineal de aminoácidos que determina su estructura primaria, secundaria y terciaria. De manera, que los aminoácidos libres que hay en el citoplasma tienen que unirse para formar los polipéptidos y la secuencia lineal de aminoácidos de un polipéptido depende de la secuencia lineal de ribonucleótidos en el ARN que a su vez está determinada por la secuencia lineal de bases nitrogenadas en el ADN.



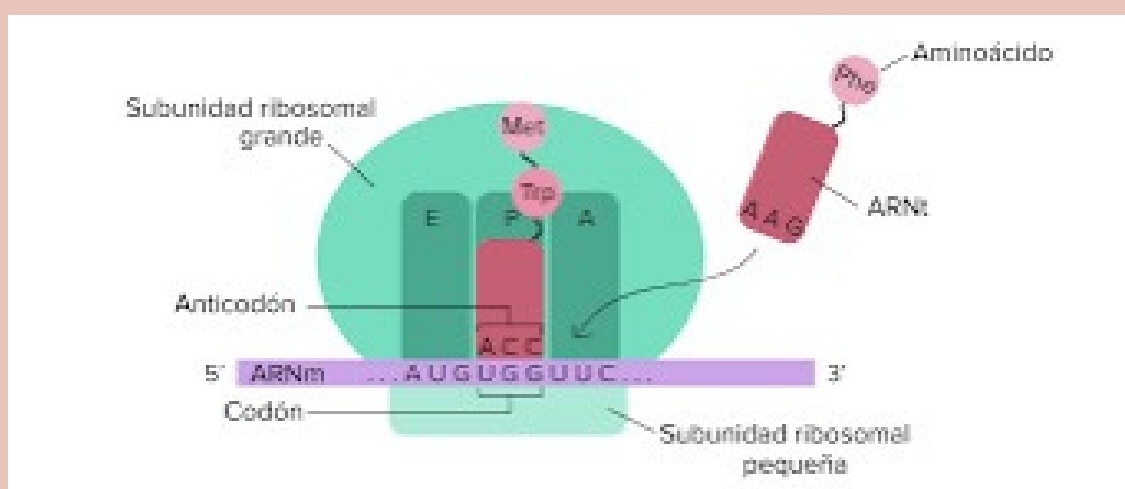
La activación de los aminoácidos para formar los complejos de transferencia es el paso previo necesario para que pueda comenzar la traducción, y consiste en la unión de cada aminoácido a su ARN-t específico mediante la intervención de un enzima, la aminoacil-ARN-t sintetasa y el aporte de energía del ATP.

$$aa_1 + \text{ARN-t}_1 + \text{ATP} \rightarrow \text{ARN-t}_1\text{-aa}_1 + \text{AMP} + \text{PPi}$$

La unión del aminoácido al ARN-t tiene lugar por el e



Los polipéptidos una vez sintetizados pueden ser procesados. Existen diferentes tipos de procesamiento posterior a la síntesis de los polipéptidos, uno de los más frecuentes es el que tiene lugar por el extremo amino (N-terminal). Muchas proteínas de membrana y proteínas secretadas por la célula contienen cuando se sintetizan una corta secuencia de aminoácidos (de 15 a 25) en el extremo N-terminal o péptido líder, denominada también péptida seña



Síntesis de proteínas (traducción de ARN).

ESTRUCTURA DE LOS ARN TRANSFERENTES (ARN-t)

Los primeros estudios sobre la estructura de los ARN-t se realizaron por R. W. Holley y col. (1965) trabajando con el ARN-t de alanina de levaduras. A partir de sus trabajos se estableció el modelo general de estructura de los ARN-t y por estas investigaciones recibió el Premio Nobel en (1968).

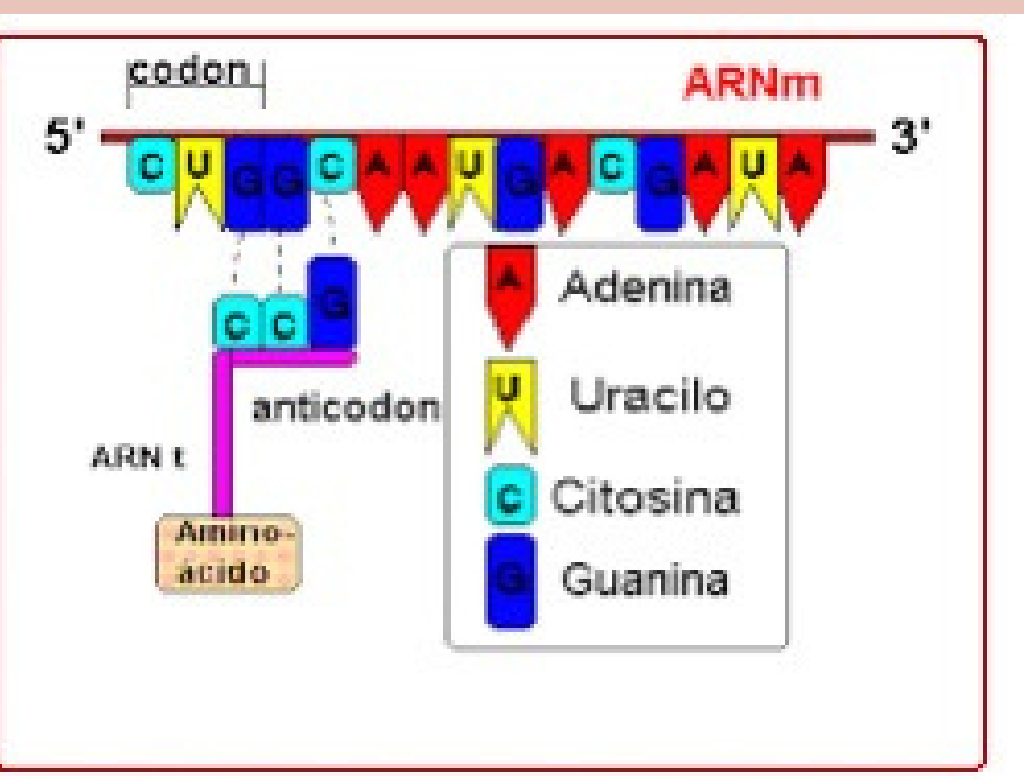
Las moléculas encargadas de transportar los aminoácidos hasta el ribosoma y de reconocer los codones del ARN mensajero durante el proceso de traducción son los ARN transferentes (ARN-t). Los ARN-t tienen una estructura en forma de hoja de trébol con varios sitios funcionales:

Extremo 3': lugar de unión al aminoácido (contiene siempre la secuencia ACC).

UNIVERSIDAD DEL SURESTE 31

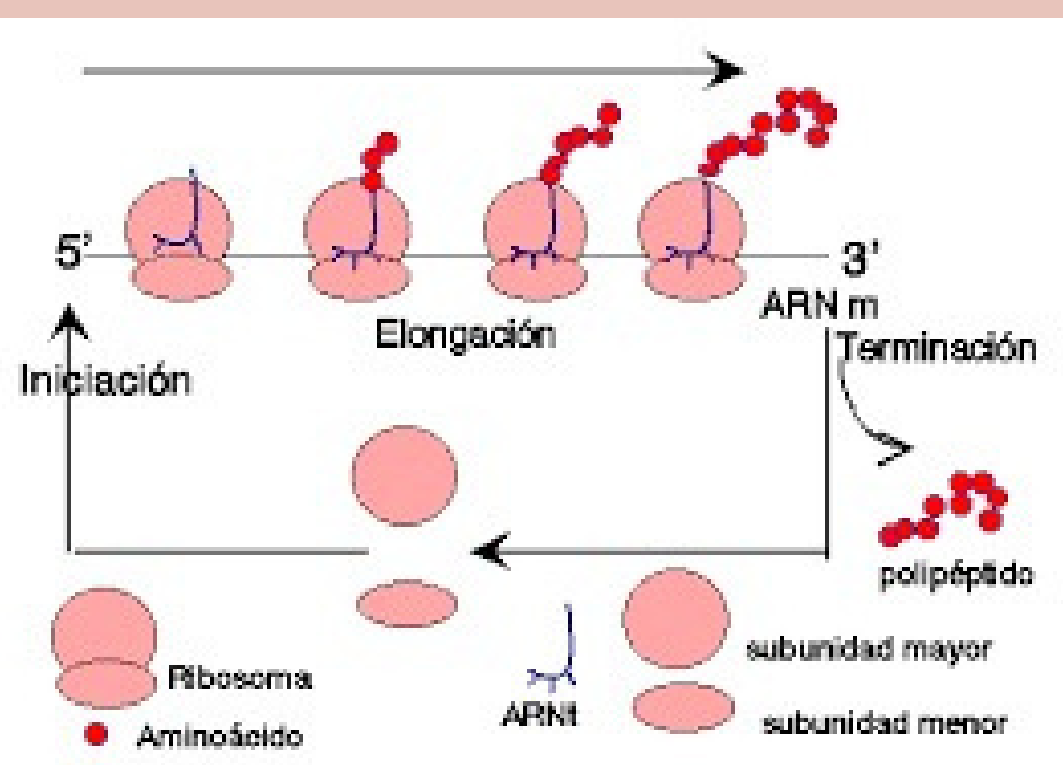
Lazo dihidrouracilo (DHU): lugar de unión a la aminoacil ARN-t sintetasa o enzimas encargadas de unir un aminoácido a su correspondiente ARN-t. Lazo de T ψ C: lugar de enlace al ribosoma.

Lazo del anticodón: lugar de reconocimiento de los codones del mensajero. Normalmente el ARN-t adopta una estructura de hoja de trébol plegada en forma de L o forma de boomerang.



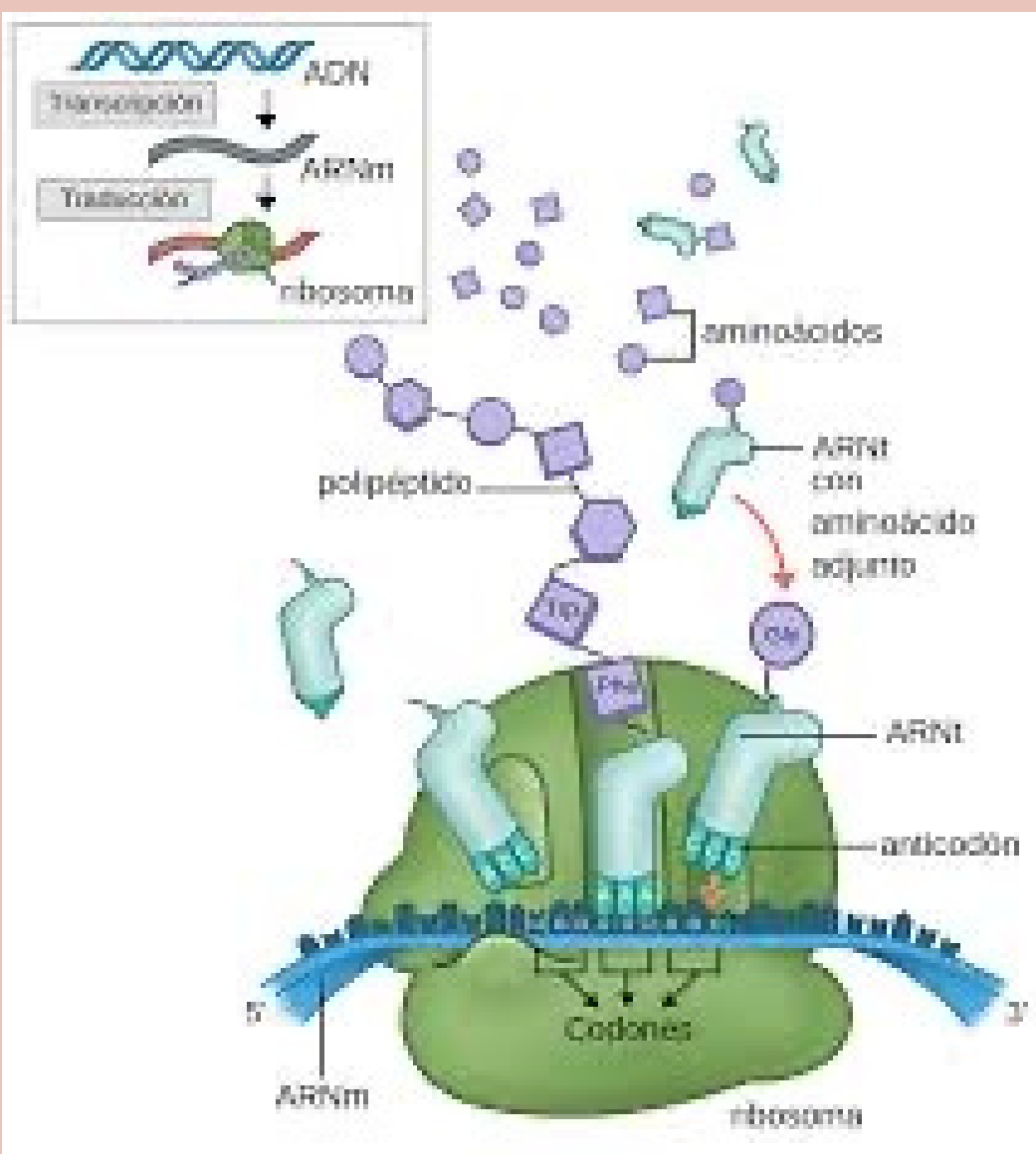
ESTRUCTURA DE LOS ARN TRANSFERENTES (ARN-t)

Los primeros estudios sobre la estructura de los ARN-t se realizaron por R. W. Holley y col. (1965) trabajando con el ARN-t de alanina de levaduras. A partir de sus trabajos se estableció el modelo general de estructura de los ARN-t y por estas investigaciones recibió el Premio Nobel en (1968).



Los ARN-t suelen presentar bases nitrogenadas poco frecuentes como son la pseudouridina (ψ), metilguanosa (mG), dimetilguanosa (m₂G), metilinosina (mI) y dihidrouridina (DHU, UH₂).

El que realiza el reconocimiento del codón correspondiente del ARN-m es el anticodón del ARN-t y no el aminoácido. Mediante un experimento se demostró que era posible transformar el cisteinil-ARN-t mediante tratamiento con hidruro de níquel en alanil-ARN-

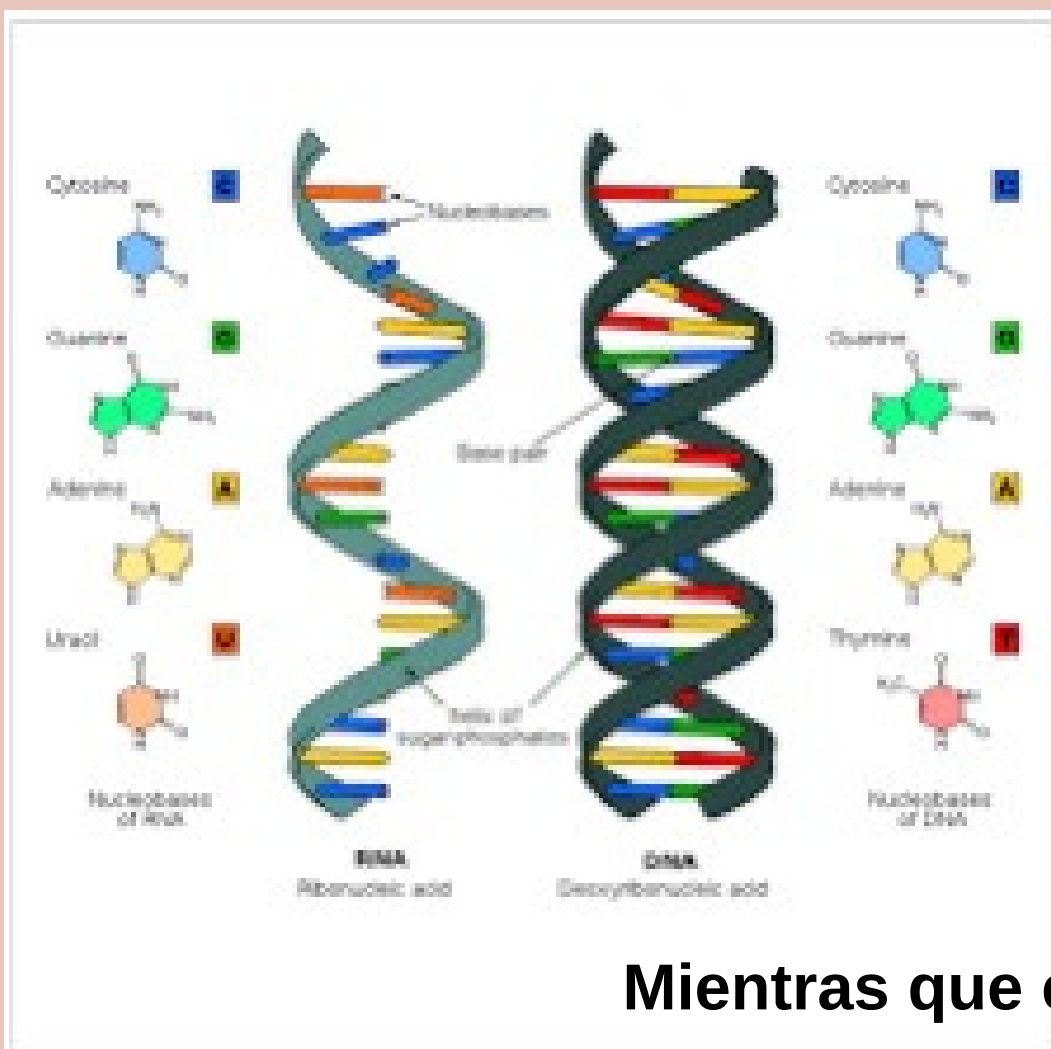
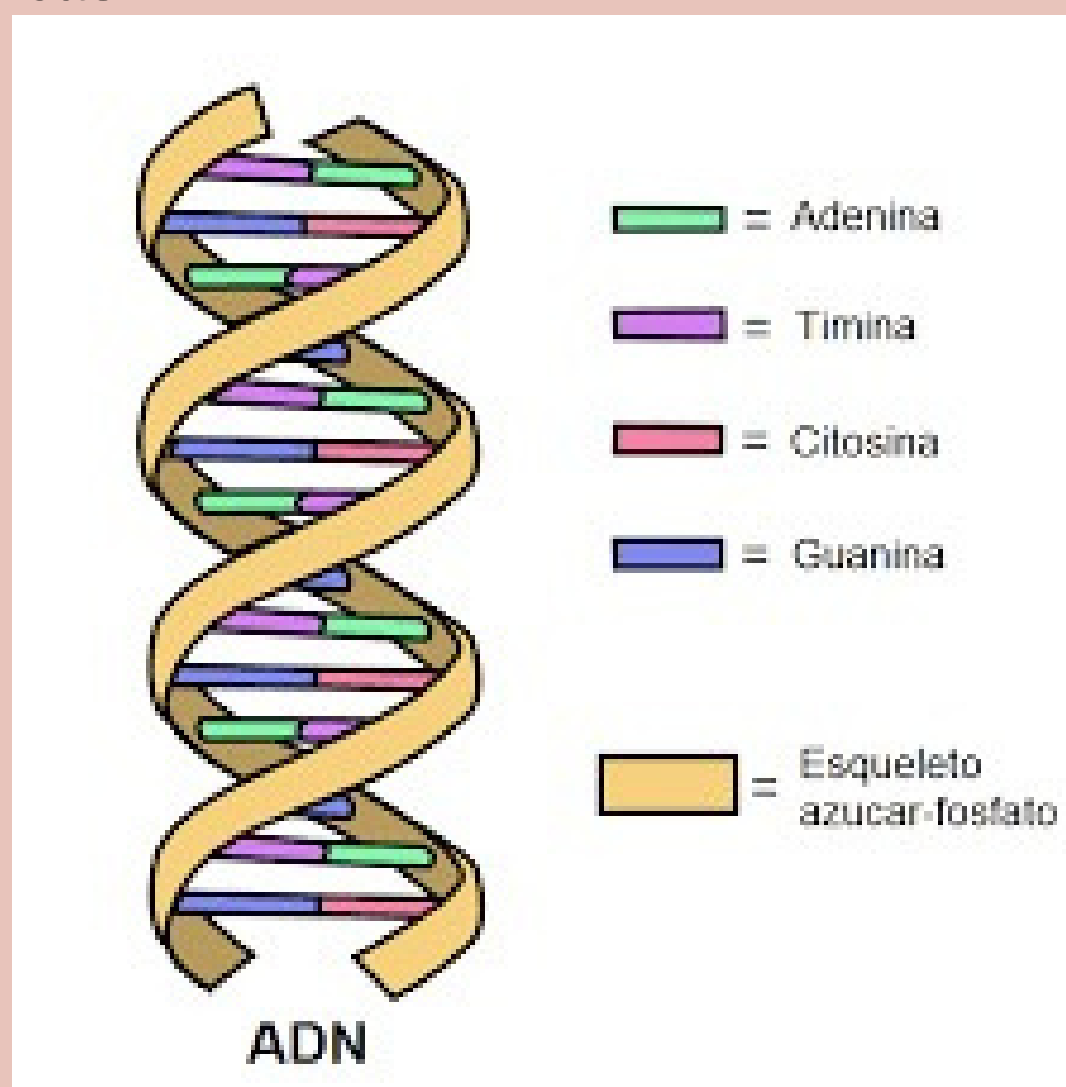


LOS RIBOSOMAS (ARN RIBOSÓMICO Y PROTEÍNAS RIBOSOMALES)

El reconocimiento entre los tripletes del mensajero y los anticodones de los ARN-t cargados con su correspondiente aminoácido, así como el establecimiento

Generalidades del ADN

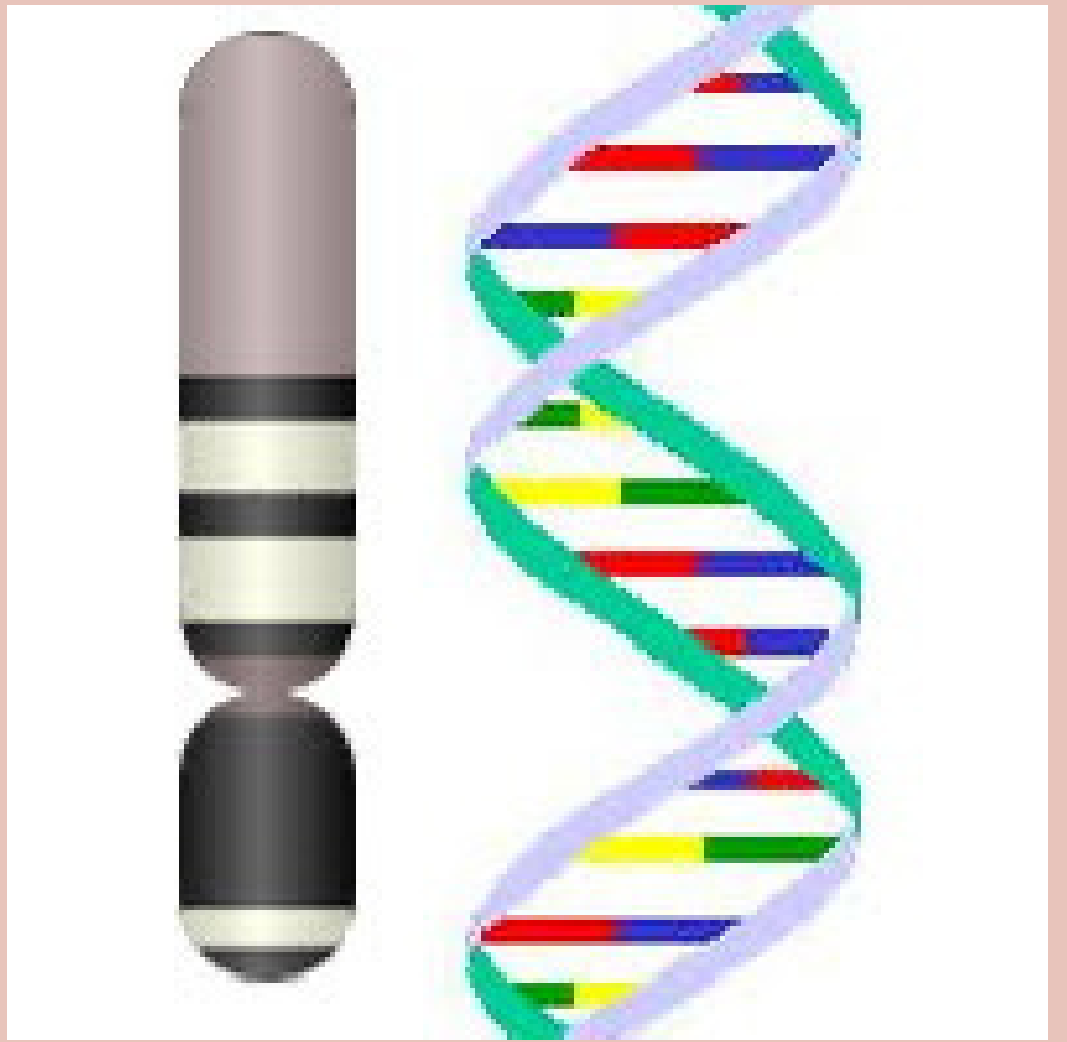
En este tema estudiamos el metabolismo de los ácidos nucleicos y la síntesis de proteínas, explicaremos como la información genética se transmite de una generación a otra con absoluta fidelidad, pero a la vez que permite pequeños cambios en el material genético para que tenga lugar la evolución. Y descubrimos como esta información genética transcribe a ARNm y se expresa en último lugar en la secuencia de aminoácidos de una asombrosa variedad de moléculas proteicas



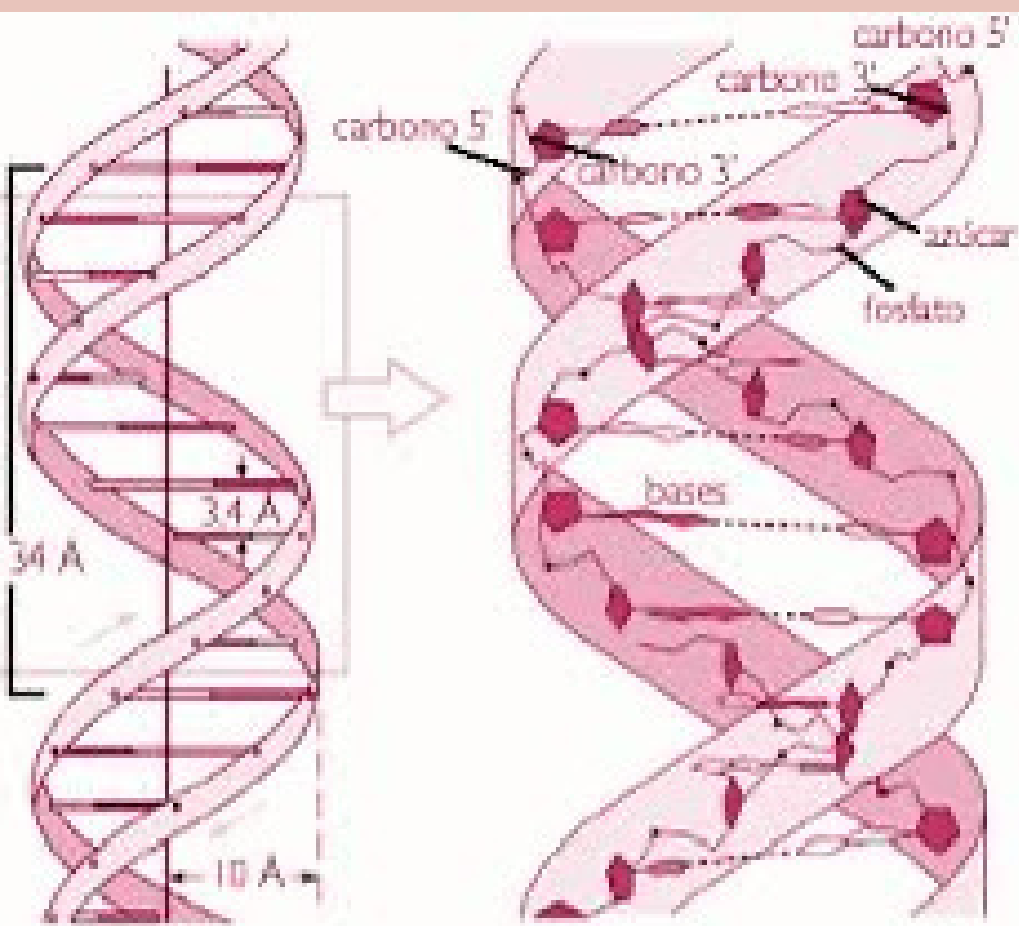
Mientras que en las reacciones del metabolismo intermediario solo la estructura tridimensional de la enzima condiciona la reacción, los substratos o inhibidores que actuarán. Las reacciones que encontramos en el metabolismo de la información genética, se caracterizan por la necesidad de un molde que actúa junto a la enzima, para especificar la reacción catalizada.

El ADN como portador de información genética

Ya en el S XIX se conocía que en el núcleo celular había una sustancia, la nucleína, formada por una parte ácida (hoy ADN) y una parte básica (hoy proteína). Pero fue entre 1944 y 1952, cuando una serie de experimentos cruciales apuntaron claramente al DNA como el material genético. Antes de esta fecha los ácidos nucleicos se consideraban demasiado simples, estaban formados simplemente por 4 clases de monómeros y se consideraron simplemente como una sustancia estructural del núcleo celular. Se consideraba más probable que los genes estuvieran formados por proteínas, que eran moléculas mucho más complejas



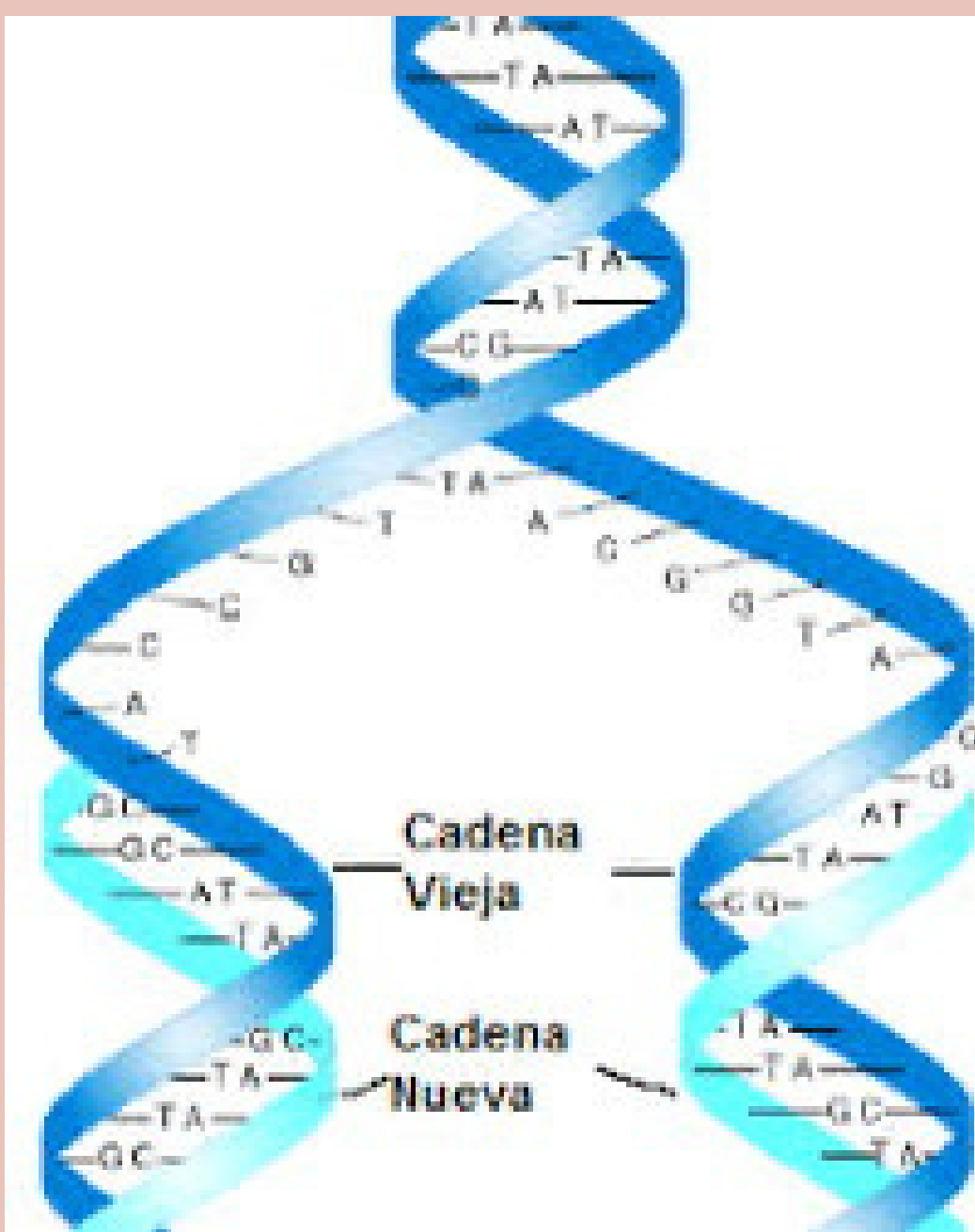
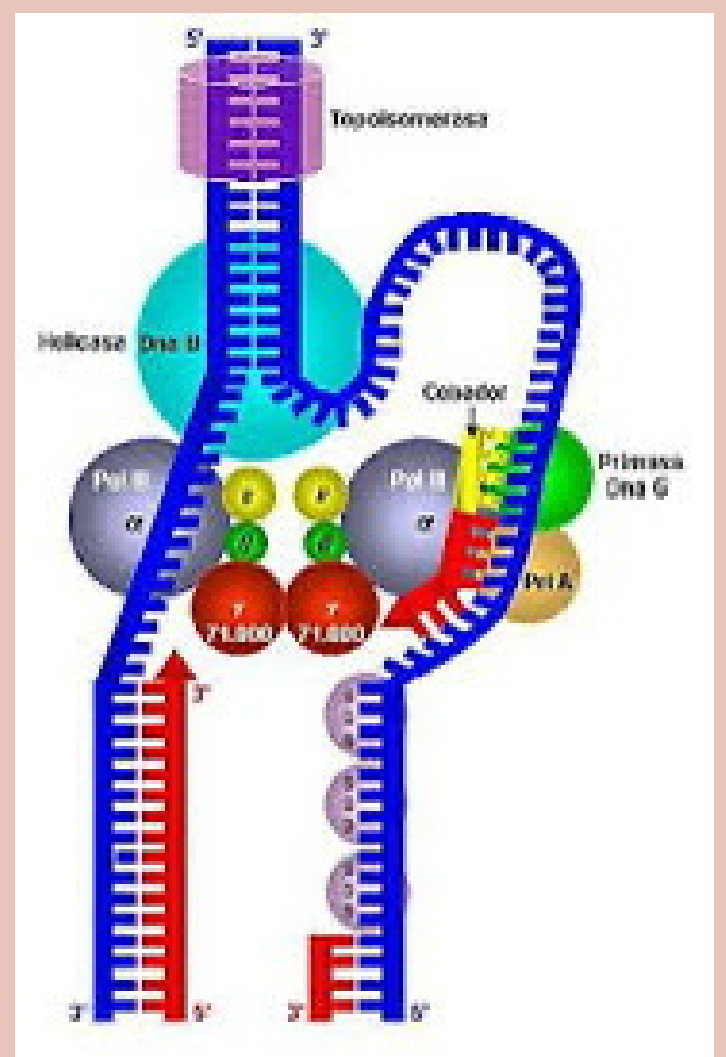
En 1944 Avery y sus colaboradores descubrieron que el ADN extraído de cepas patógenas de la bacteria *Streptococcus Pneumoniae* podía transferirse a cepas no patógenas, transformándolas en patógenas. Este experimento consistía en inocular ratones con células de pneumococcus (S) patógenas que morían y células (R) no patógenas que permitían que el ratón permaneciera vivo. Si las bacterias patógenas (S) se sometían a calentamiento perdían su virulencia. Si se incubaban las bacterias no patógenas (R) con ADN extraído de las bacterias patógenas, y se inoculaban los ratones con estas bacterias, los ratones morían. Parece como si la cepa no virulenta recibiera algo de las bacterias patógenas. Avery y sus colegas concluyeron que el DNA extraído de la estirpe virulenta portaba el mensaje hereditario de la virulencia



Marcaron radioactivamente dos muestras de fago T2. En el primer caso las proteínas del fago T2 con S35 y en segundo el ADN con P32 (las proteínas no tienen P y los nucleicos no tienen S). Estas muestras se usaron para infectar muestras separadas de bacterias. Las suspensiones bacterianas se agitaron con una batidora y las capsidas se separaron de las bacterias por centrifugación. Solo las bacterias infectadas con virus marcados con P32 tenían radiactividad, indicando que era el ADN el agente infectante.

Herencia y replicación de ADN

El ADN posee la información necesaria para transmitir los caracteres de una especie de generación en generación y conseguir la supervivencia de la especie. Por lo tanto, la molécula de ADN constituye la base química de la herencia. La mayoría de las moléculas de ADN se encuentran en los cromosomas del núcleo de las células. El número de cromosomas depende de la especie, así, por ejemplo, las bacterias poseen un único cromosoma, mientras que las células humanas poseen 46 (si 23 de cada progenitor). La información genética en forma de ADN se organiza estructuralmente dentro del cromosoma arrollándose alrededor de ciertas proteínas (histonas) constituyendo asociaciones ADN-proteína denominadas nucleosomas



Las cadenas de ADN de cada especie difieren en longitud y en la secuencia de las bases nitrogenadas, de tal manera que esta secuencia contiene la información genética característica de cada especie. La información genética debe reproducirse exactamente cada vez que la célula se divide. El proceso por el que las moléculas de ADN se copian a sí mismas en el núcleo de las células recibe el nombre de replicación

Principales características de la replicación

Las características principales del proceso son: su carácter semiconservador, la realización

simultánea en ambas hebras, de forma secuencial y con carácter bidireccional y origen

monfocal (procariotas) o multifocal (eucariotas).

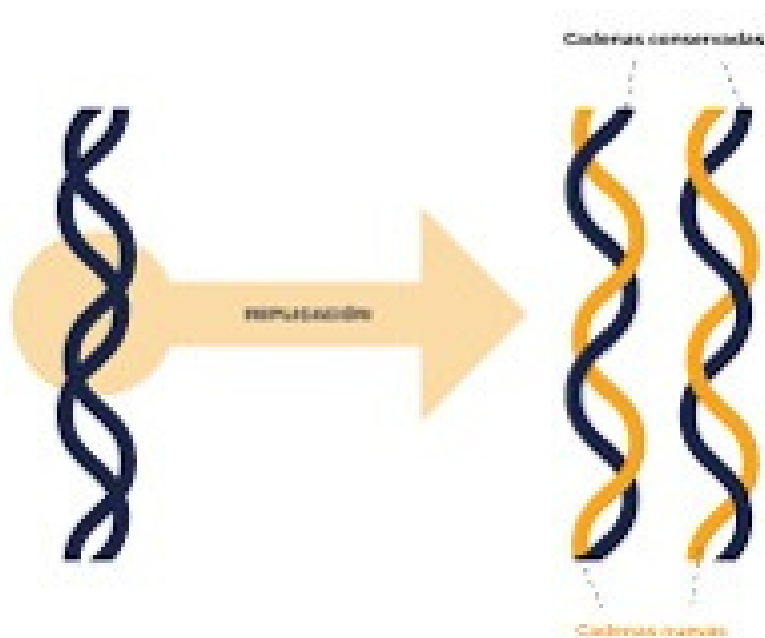
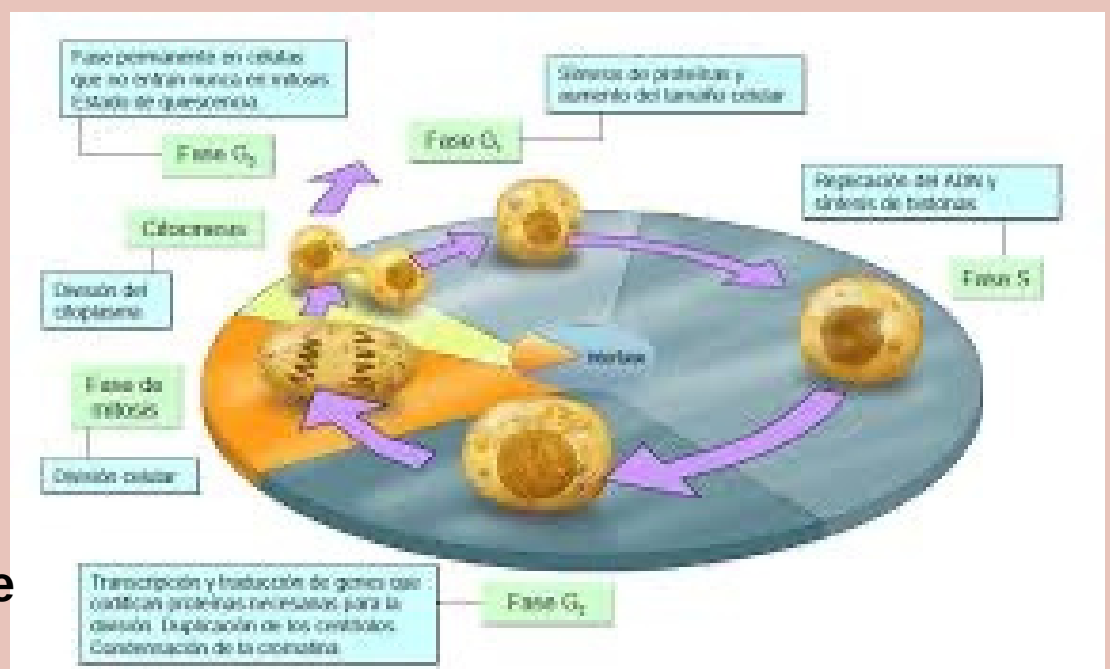
Semiconservador. Es decir, cada hebra sirve como molde para la síntesis de una nueva

cadena, produciendo dos nuevas moléculas de ADN, cada una con una de las hebras viejas

y una nueva hebra hija. Esta hipótesis fue propuesta por Watson and Crick poco después

de la publicación del modelo de la doble hélice, y fue probado definitivamente por los

ingeniosos experimentos diseñados por Meselson and Stahl en 1957



replicación de un cromosoma circular se inicia un punto en concreto y es simultánea (las dos hebras se replican a la vez).

Semidiscontinuo. Como veremos más adelante la

síntesis de la nueva cadena tiene siempre lugar en el sentido 5`-3`, siendo el grupo 3`OH el punto por el cual el ADN es elongado. Esto es válido para todas las polimerasas tanto el ADN como las ARN polimerasas. Si las dos hebras son antiparalelas, como pueden las dos hebras ser sintetizadas de manera continua mientras progresa la horquilla de replicación. La solución que la célula adopta ante este problema fue descubierta por Okazaki. Que descubrió que una de las hebras era sintetizada en pequeños fragmentos llamados fragmentos de okazaki. Por lo tanto una de las hebras es sintetizada de forma continua, y la otra de forma discontinua. La longitud de los fragmentos de okazaki

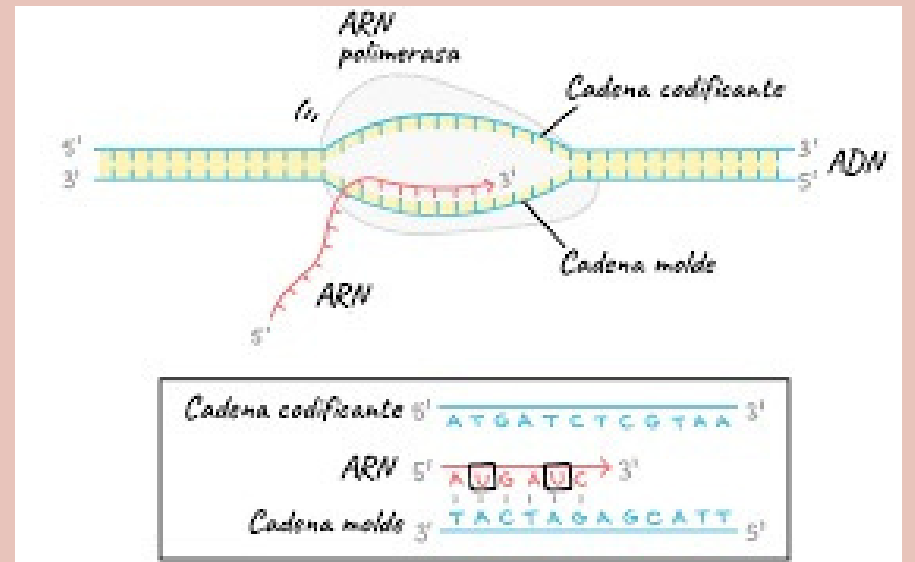
Transcripción y ARN

La transcripción consiste en la formación de una molé

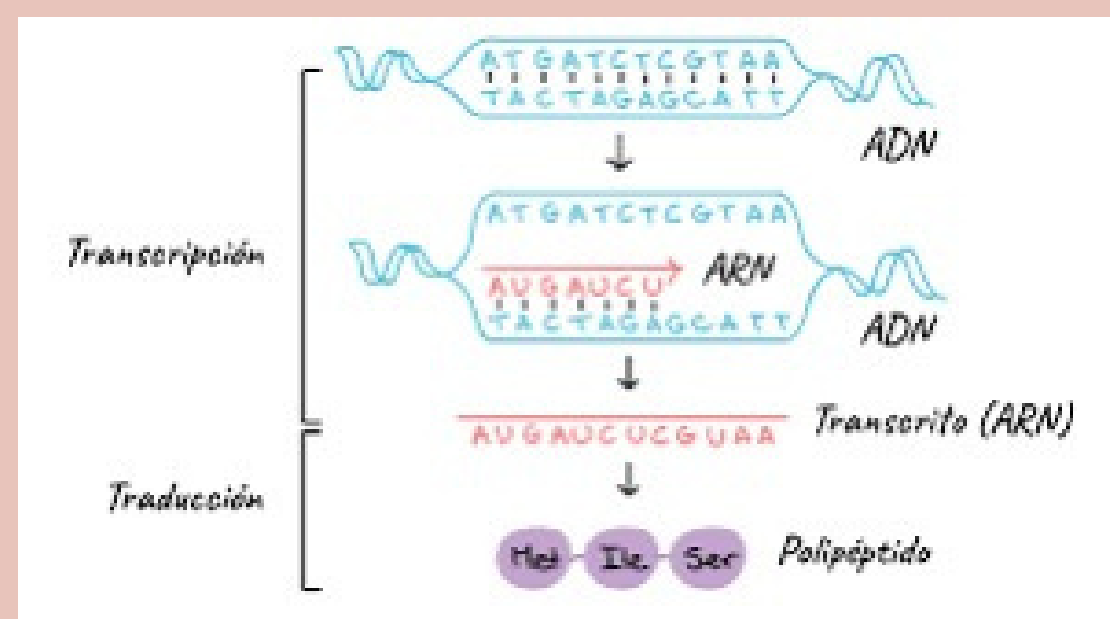
Transcripción y ARN

La transcripción consiste en la formación de una molécula de ARN a partir de la información genética contenida en un segmento de ADN. Es decir, da lugar a una copia de ARN con secuencia complementaria y antiparalela, a partir de una secuencia molde en una de las hebras del ADN. Mientras que en la replicación se copia el cromosoma entero, la transcripción es más selectiva. En un momento dado solo son transcritos ciertos genes

o grupos de genes. La célula restringe la expresión de la información genética a la formación de los productos génicos necesarios en cada momento, en un proceso finamente regulado por secuencias reguladoras específicas que indican el principio y el fin de los segmentos que deben ser transcritos.

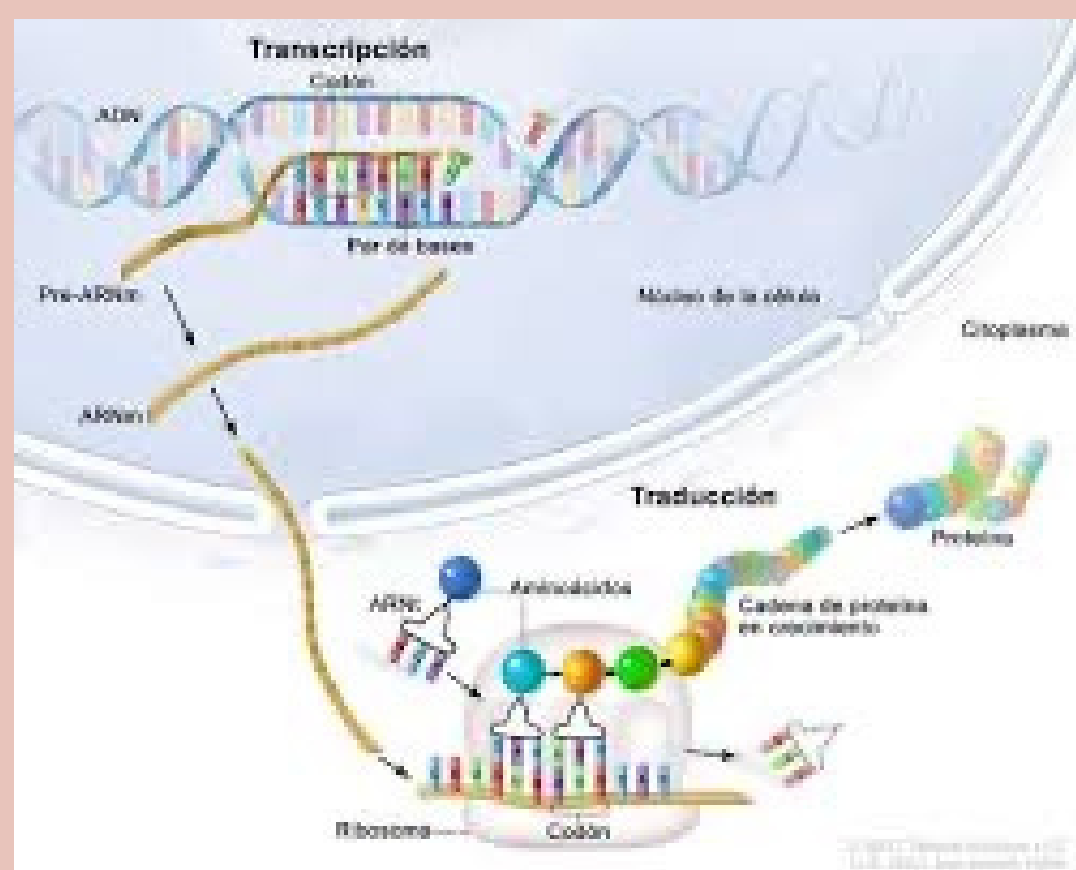


El proceso empieza cuando la ARN polimerasa se une a unas secuencias específicas llamadas promotores. La doble hélice del ADN se desenrolla formando el bucle de transcripción (unos 17 nucleótidos) para servir de molde para la síntesis del ARN, de tal manera que solamente una de las dos cadenas es la que transcribe la información al ARN. La cadena de ADN que sirve de molde se denomina "cadena molde", mientras que la complementaria se llama "cadena codificante", idéntica en secuencia de bases al ARN transcrito excepto que la timina es sustituida por uracilo.



ARNm maduro que se traducirá en proteínas. El ADN se utiliza también como molde para la síntesis de los otros dos tipos de ARN, el transferente y el ribosómico. Las principales diferencias entre el proceso de transcripción en procariontes y eucariotes pueden resumirse como sigue:

- En procariontes no hay separación física entre transcripción y traducción, mientras que en los eucariotes la transcripción tiene lugar en el núcleo, donde está el ADN, y la traducción en el citoplasma donde están los ribosomas.



Bibliografía

bioquimica , A.C.

<https://fmdiabetes.org/bacterias-diabetes-tipo-2/>

Growth curves: Generating growth curves using colony forming units and optical density measurements. (2019, septiembre 27). Jove.com.

[https://www.jove.com/es/v/10511/growth-curves-](https://www.jove.com/es/v/10511/growth-curves-cfu-and-optical-density-measurements?language=Spanish)

cfu-and-optical-

density-measurements?language=Spanish

Medicus, H. (2023, enero 9). ¿Qué es la adn ? Homo

medicus - Conocimiento en evolución. Guías de

estudio, resúmenes,

artículos de ADN y base de información sobre el ADN y herencia de aplicación en a.

Nos basamos en

libros, artículos y guías de práctica clínica.

<https://adncus.com/que-es-la-bioquimicia/>

MWConsultores. (s/f). Antología UDS.

Com.mx.

Recuperado el 7 de

febrero de 2024, de

<https://plataformaeducativauds.com.mx/libro.php>

p?

idLibro=170555001333