



**UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS**  
Universidad del Perú, DECANA DE AMÉRICA  
FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA



## Organización del Material Hereditario: ADN, genes y herencia

Dr. Lenin Maturrano Hernández  
FMV-UNMSM

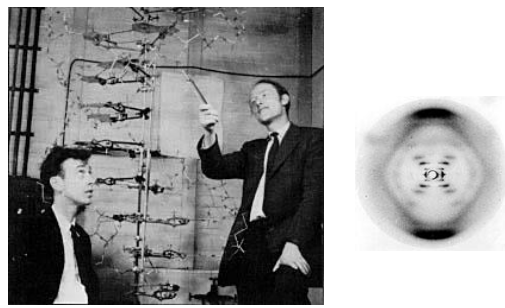
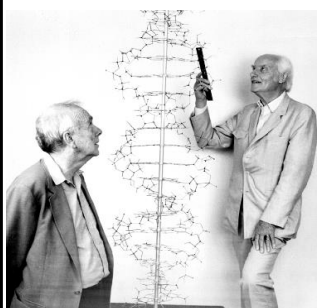
## Estructura del material genético

1. Macromoléculas e información genética.
2. Ácidos nucleicos. Composición, estructura
3. Organización del material genético
4. Propiedades biológicas del material hereditario

## 1. ADN COMO MATERIAL GENÉTICO

- PRINCIPALES EXPERIMENTOS:
  - ✓ Gregor Mendel (1865)
  - ✓ Fred Griffith (1928)
  - ✓ Oswald T. Avery, C. M. MacLeod, and M. J. McCarty (1944)
  - ✓ Alfred D. Hershey and Martha Chase (1952)

1953. **James Watson & Francis Crick** anunciaron su modelo para la estructura del ADN y proporcionaron un marco teórico de cómo el ADN puede servir de material genético.

Diámetro del ADN (20 Å)  
Longitud de una vuelta de hélice (34.0 Å)  
Distancia entre un par de bases (3.4 Å)

(Biología 2 - Santillana)

Difracción de rayos X de ADN extraído del timo de ternera.  
R. Franklin y R. Gosling,  
Nature, 171,740 (1953)

2 April 1953  
**MOLECULAR STRUCTURE OF NUCLEIC ACIDS**  
**A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid**

In other words, if an adenine forms one member of a pair, on either chain, then on these assumptions the other member must be thymine, similarly for guanine and cytosine. The sequence of bases on one chain is automatically determined.

It has been found experimentally (1, 2, 4) that the ratio of the amounts of adenine to thymine, and the ratios of guanine to cytosine, are approximately equal in the DNA of a wide variety of organisms.

It is a preliminary proposition to build the structure with a glucose sugar in place of the deoxyribose, as the latter oxygen atom would make for a more awkward structure. We have made the model with a glucose sugar for the sugar, and it is found to be a very satisfactory model for the structure. We have made the model with a glucose sugar for the sugar, and it is found to be a very satisfactory model for the structure. We have made the model with a glucose sugar for the sugar, and it is found to be a very satisfactory model for the structure.

Full details of the structure, including the conditions assumed in building it together with a list of citations for the atoms, will be published elsewhere.

We are much indebted to Dr. Jerry Donath for constant advice and criticism, especially on interatomic distances. We have also been indebted to a number of other workers for their valuable experimental results and ideas of Dr. M. H. F. Wilkins, Dr. R. E. Franklin and their co-workers at King's College, London. One of us (J. D.) wishes to thank the following: **from the National Foundation for Research in Physics**

**J. D. HERTZOG, H. G. COOK**  
Medical Research Council Unit for the Study of Molecular Structure of Biological Systems, Cavendish Laboratory, Cambridge April 2.

1. Pauling, L., and Corey, R. B. *Nature*, 171, 340 (1953); *Proc. U.S. Nat. Acad. Sci.*, 39, 84 (1953).

2. F. Cheng, S. *J. Am. Chem. Soc.*, 6, 634 (1952).

3. Chargaff, E. for references see Zamenhof, S., Swerman, G., and Chargaff, E., *Biochim. et Biophys. Acta*, 4, 402 (1952).

4. Wark, G. R., *J. Gen. Physiol.*, 36, 201 (1952).

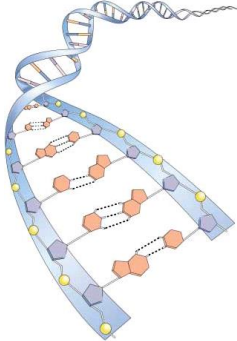
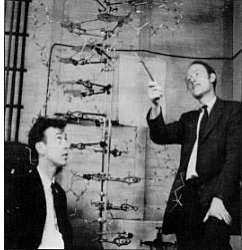
5. Ashbury, W. F., *J. Am. Chem. Soc.*, 74, 4002 (1952).

6. Wilkins, M. H. F., and Randall, J. T., *Biochim. et Biophys. Acta*, 10, 192 (1953).

**VOL. 171, paper 7, 1953**



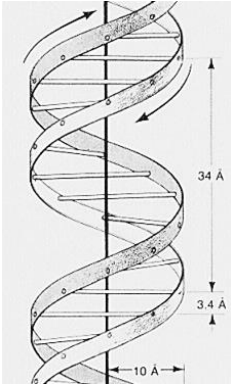
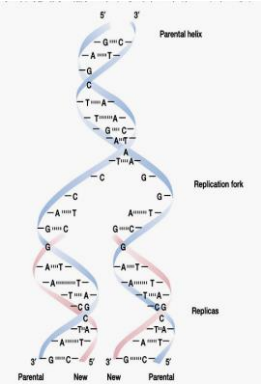
## 2. MACROMOLÉCULAS E INFORMACIÓN GENÉTICA

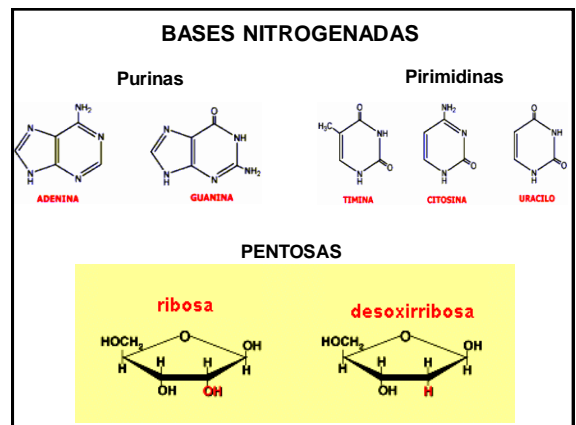
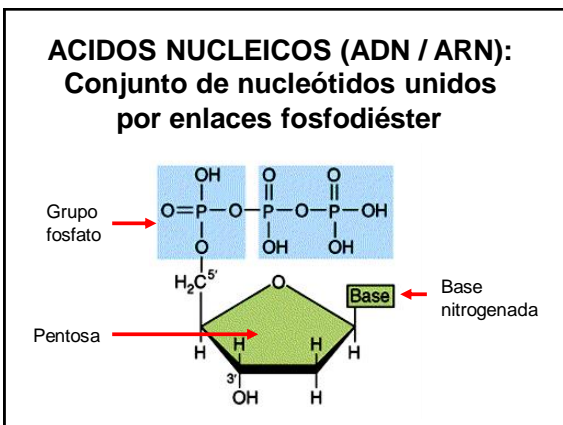
James Watson & Francis Crick  
1953  
Premios Nobel 1962

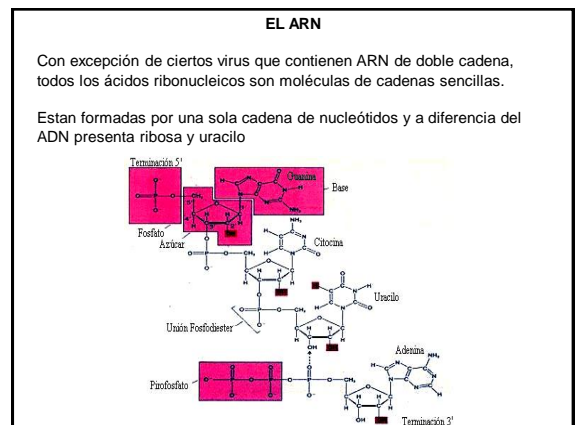
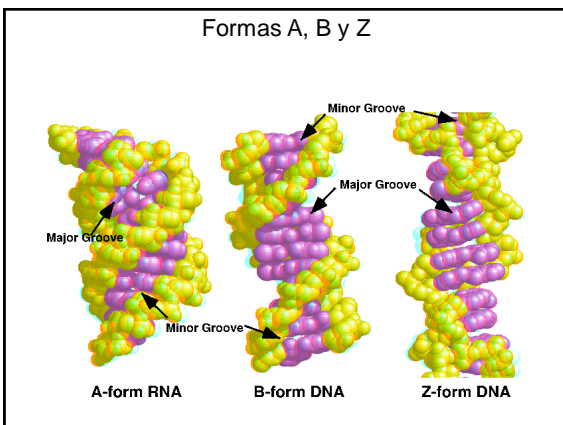
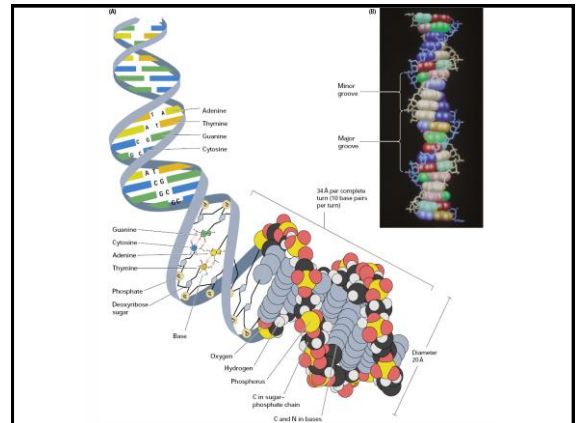
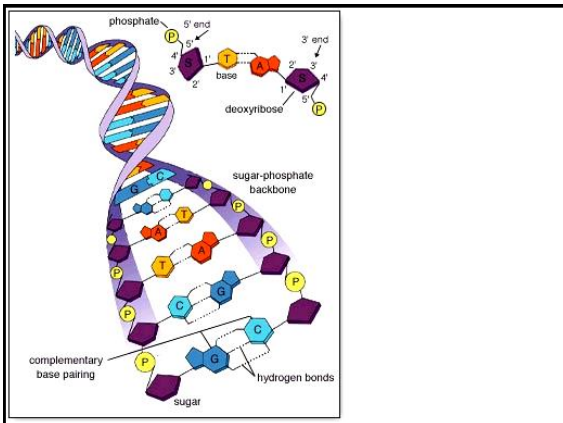
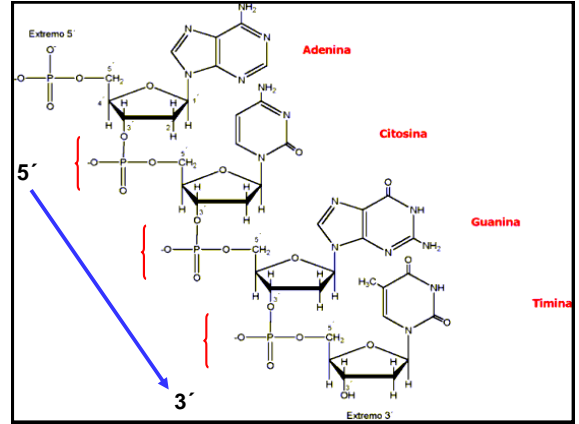
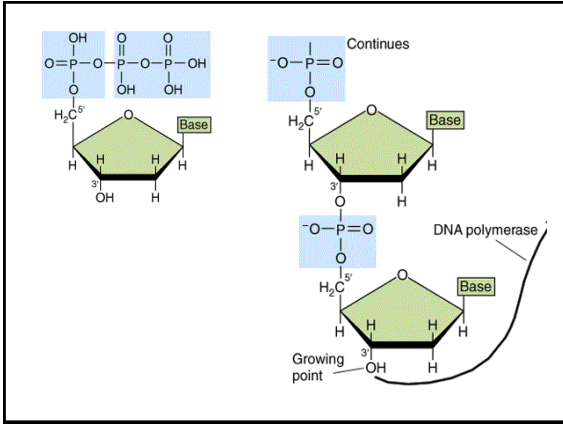
**Propusieron:**

- El DNA es una doble hélice, con cadenas antiparalelas y complementarias.
- 3,4 A por base, 10 bases por vuelta
- 10 A entre el grupo fosfato y el eje de la doble hélice
- Pares de bases: A/T y G/C.
- Uniones de las bases a través de puentes de hidrógeno
- Duplicación semiconservativa del DNA.

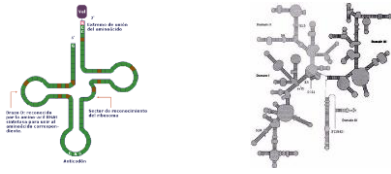



Cada una de las nuevas cadenas de ADN solo conservan el 50% de la molécula original





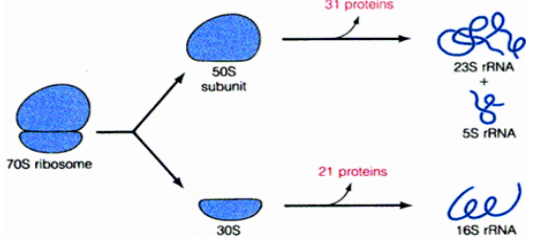
Las moléculas de ARN se pueden doblar sobre sí mismas en regiones donde haya la posibilidad de apareamiento complementario de base para formar una variedad de estructuras muy plegadas.



Existen 3 tipos fundamentales de ARN que desempeñan funciones cruciales en la célula:

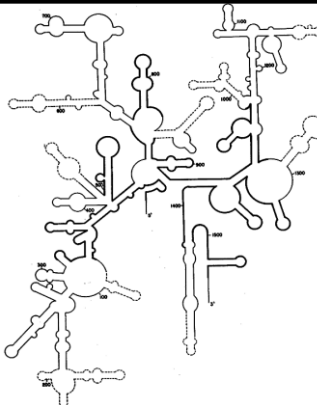
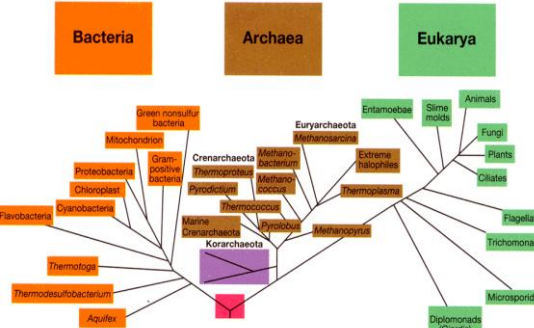
1. ARNm o ARN mensajero.
2. ARNt o ARN de transferencia.
3. ARNr o ARN ribosómico.

### ARNr o ARN RIBOSÓMICO



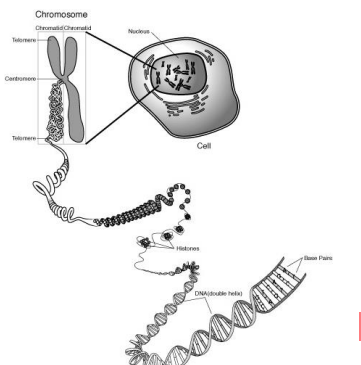
**Estructura del ribosoma en procariontes**

### Estructura secundaria del rRNA 16S de *Escherichia coli* (Ward y col., 1992)

**Árbol filogenético de los tres dominios basado en la secuencia del gen rDNA propuesto por Woese y col., 1990**

### 3. ORGANIZACIÓN DEL MATERIAL GENÉTICO

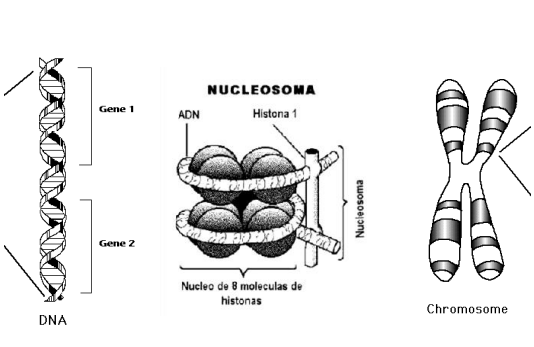


**La molécula de la vida: ADN**

Bases :

- A = adenina
- T = timina
- G = guanina
- C = citosina

T A C T C A A C G  
A T T C G C G C G



**NUCLEOSOMA**

Gene 1  
Gene 2

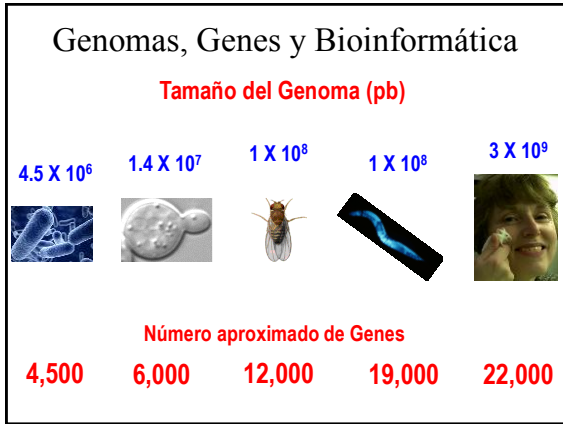
ADN  
Histona 1

Nucleosoma

Núcleo de 8 moléculas de histonas

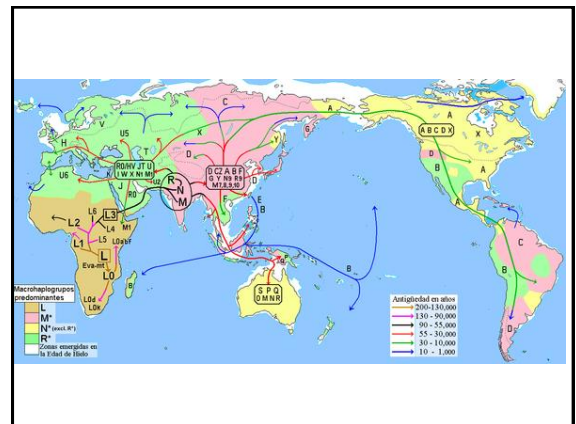
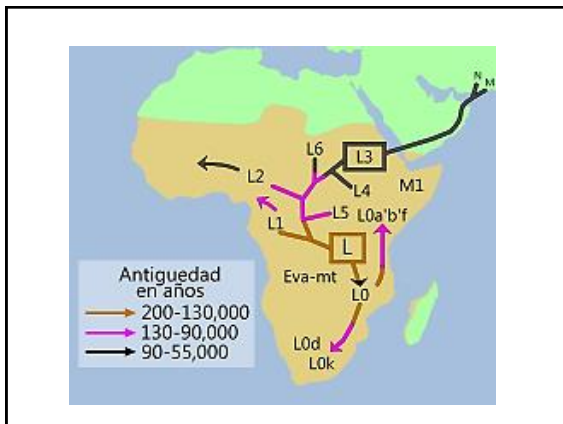
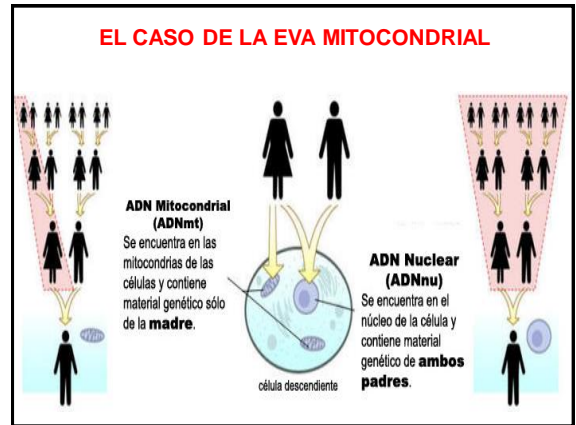
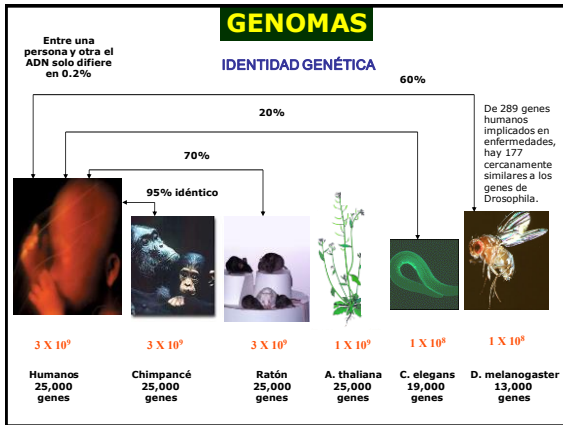
DNA

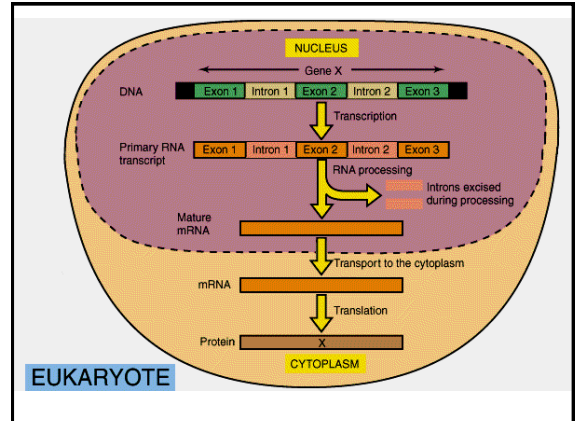
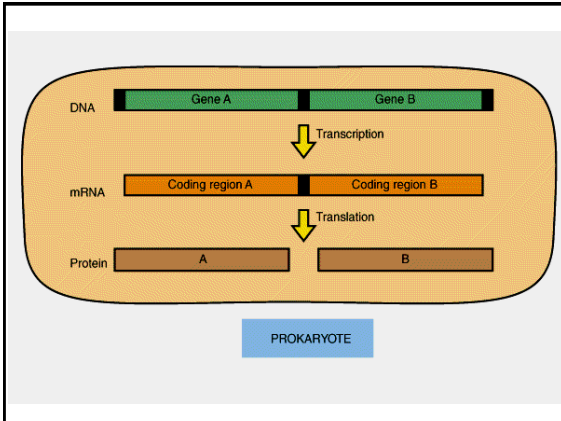
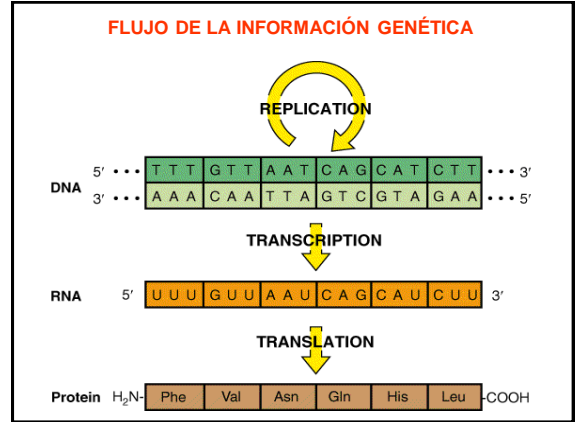
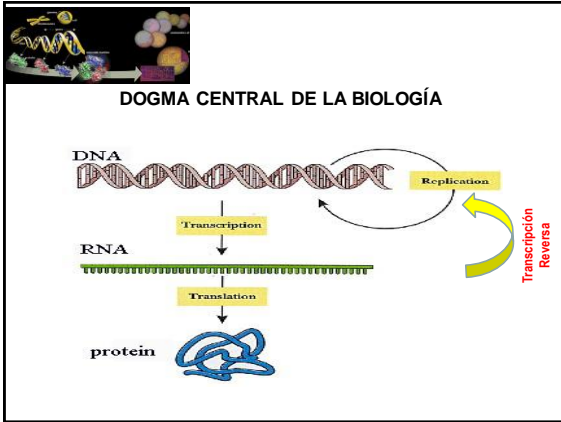
Chromosome



### PARADIGMA DEL VALOR C

- Bacterias**
  - Genomas 0.5-10 Mb
  - Tamaño genoma determinado por número de genes
  - Casi nada de ADN basura (pseudogenes)
- Eucariotas**
  - Tamaño genoma  $10^7$ - $10^{11}$  pb
  - Cantidad de DNA no determinado por complejidad ("paradoja del valor C") Levadura-Humanos:
    - Genoma 300 veces
    - Num. genes 5-6 veces
  - Variación debida a ADN no funcional?





**REPLICACIÓN**

- ❖ Perpetuación del ADN
- ❖ División celular
- ❖ Puede ser Unidireccional o bidireccional.

**Replicón:**

Unidad de organización del material genético

Un Replicón presenta un sitio de Origen y un sitio de término

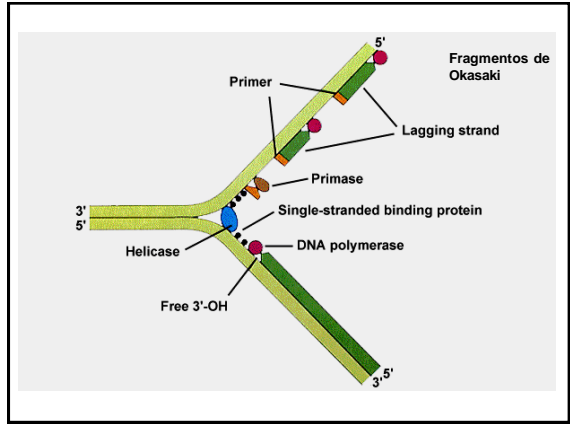
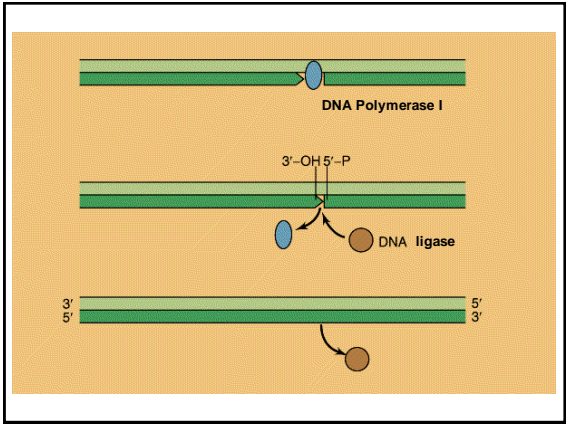
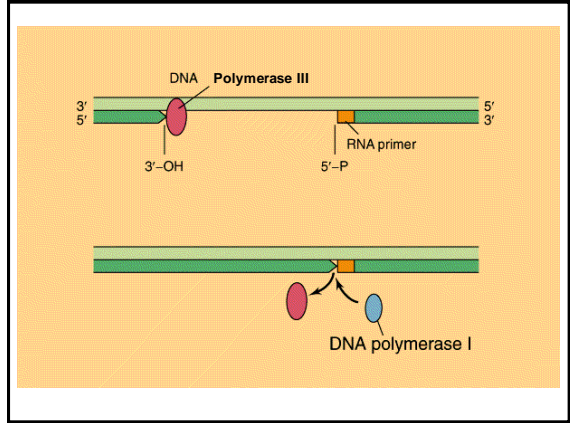
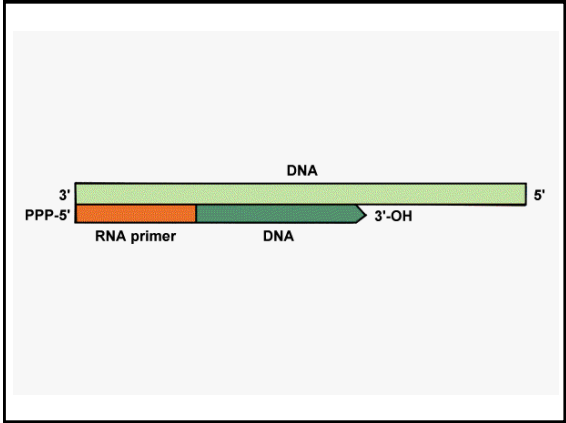
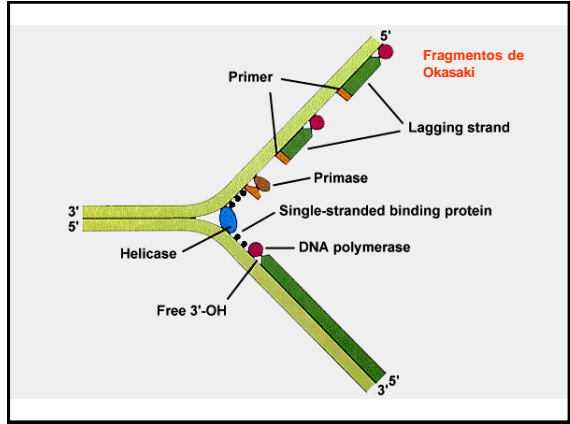
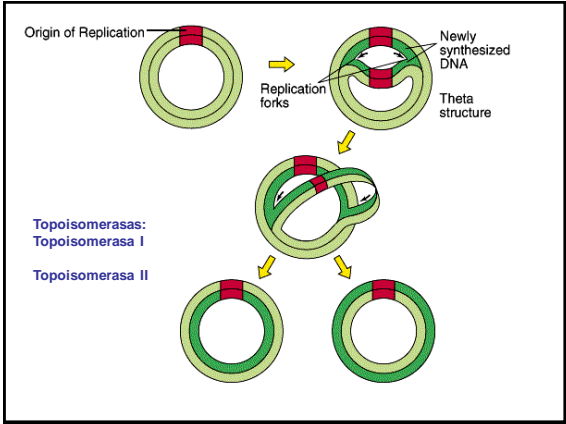
Toda la secuencia de ADN que se encuentre entre estos puntos será replicado una vez que comience el proceso.

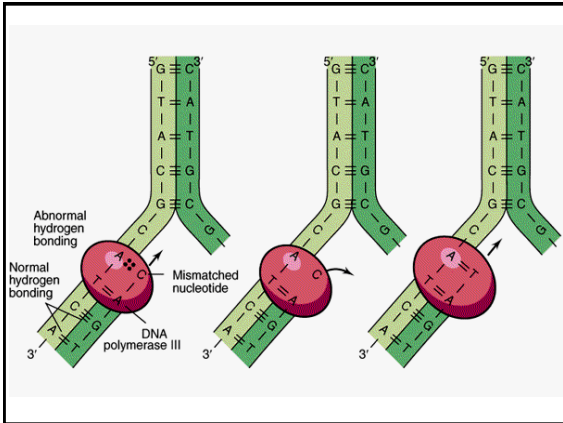
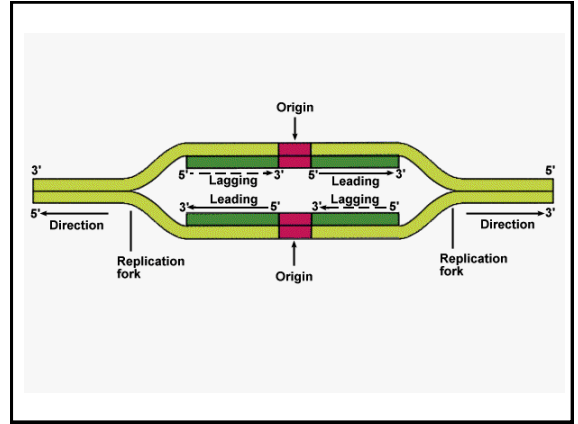
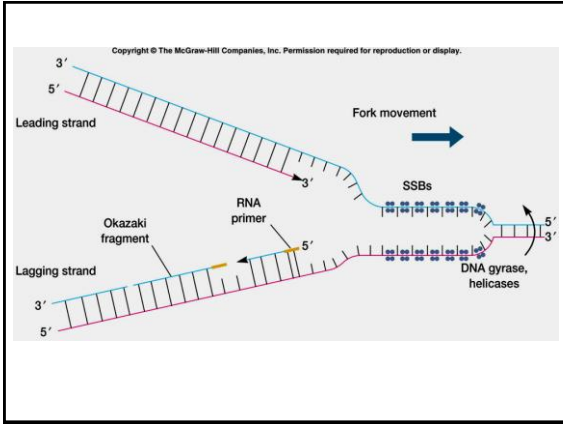
*En procariontes:*

- Todo el genoma se encuentra organizado en un solo replicón.
- Si poseen plásmido, éstos no son considerados como parte del genoma y cada uno representa un replicón autónomo.
- Cada fago o virus de ADN constituye un replicón.

*En Eucariontes:*

- El genoma se encuentra organizado en un gran número de replicones. Cada replicón se activa una sola vez por ciclo celular, aunque no lo hacen simultáneamente.





**Cuadro 2.2** Enzimas implicadas en la relición del material genético de procariontes.

	ADN polimerasa I	ADN polimerasa II	ADN polimerasa III
Función principal	Elongación	Reparación	Replicación
Número/célula	400	Desconocido	10-20
Actividad enzimática	Elongación 5'-3' Exonucleasa 3'-5' Exonucleasa 5'-3'	Elongación 5'-3' Exonucleasa 3'-5'	Elongación 5'-3' Exonucleasa 3'-5'
Subunidades	1) Fragmento Klenow (68,000 da) 2) Fragmento pequeño (35,000 da) actividad de exonucleasa 5'-3' remueve 10 pares. Inicia la replicación en un corte, "Nick Translation"		α, sintetiza ADN β, sintetiza ADN δ, Factor I γ, Factor II ε, Exonucleasa 3'-5'
Locus	Pol A	Pol B	dna E (Pol C), dna N, dna X, dna Q, dna T.

## TRANSCRIPCIÓN Y TRADUCCIÓN

**Tipos de RNA polimerasa:**

**Procariontes: 1 solo tipo (RNA pol)**

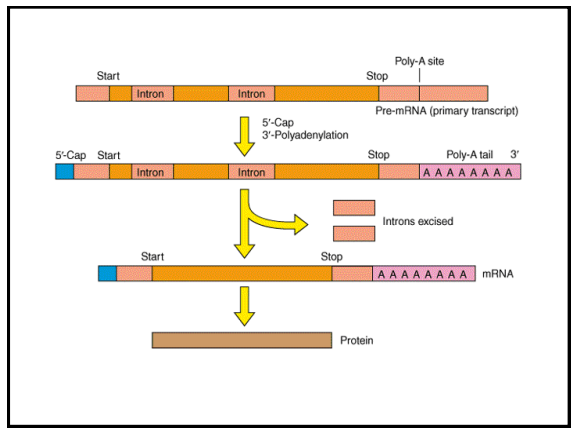
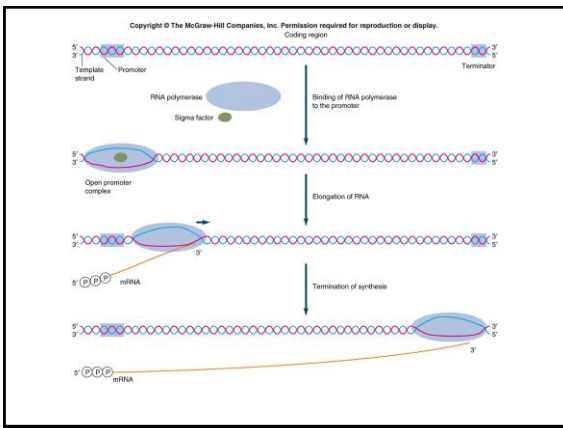
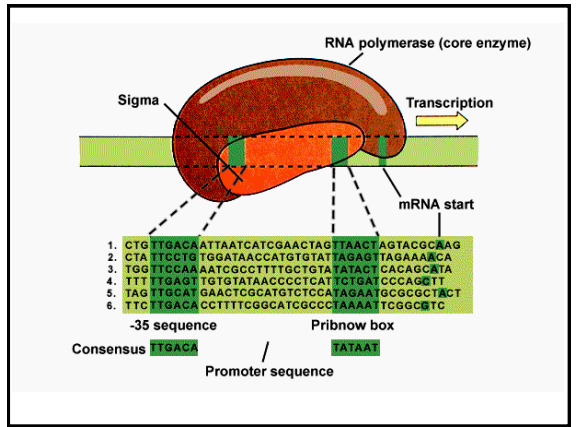
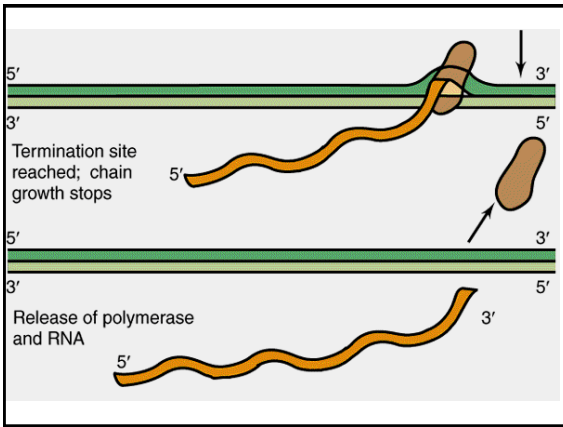
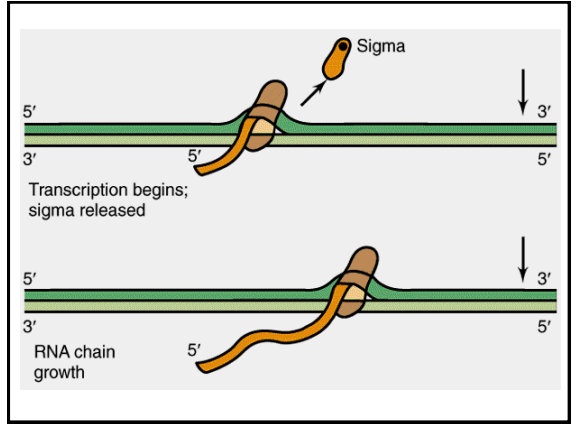
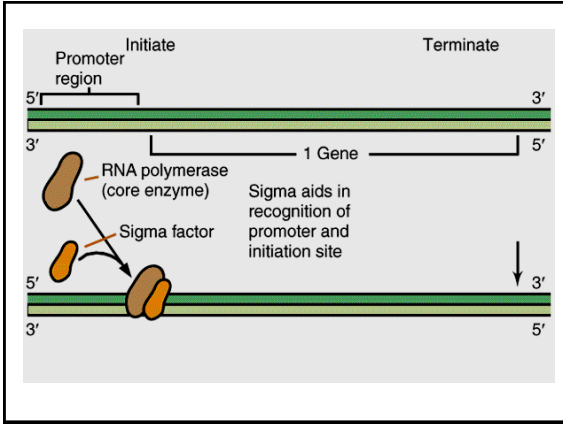
**Eucariontes: 3 tipos principales**

- RNA polimerasa I (RNA pol I) rRNA
- RNA polimerasa II (RNA pol II) mRNA
- RNA polimerasa III (RNA pol III) tRNA;

**1 tipo de rRNA**

**No necesita cebador o primer.**





## TRADUCCIÓN

- Síntesis de proteínas
- Molde: mRNA
- tRNA
- Ribosomas: 70S, 80S
- Aminoácidos.

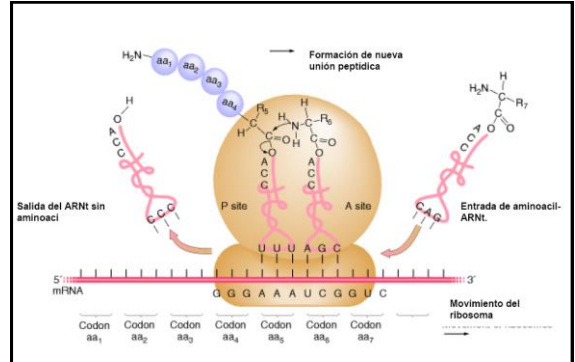
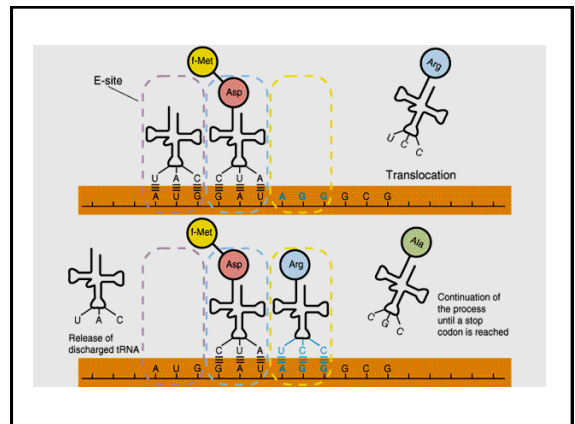
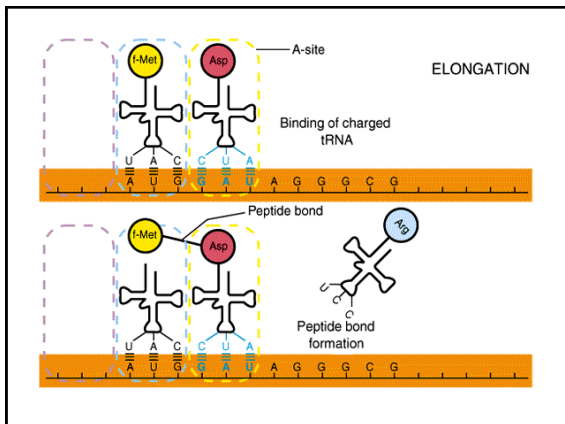
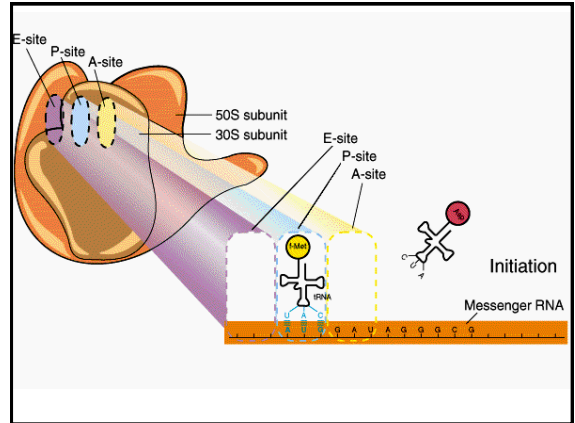
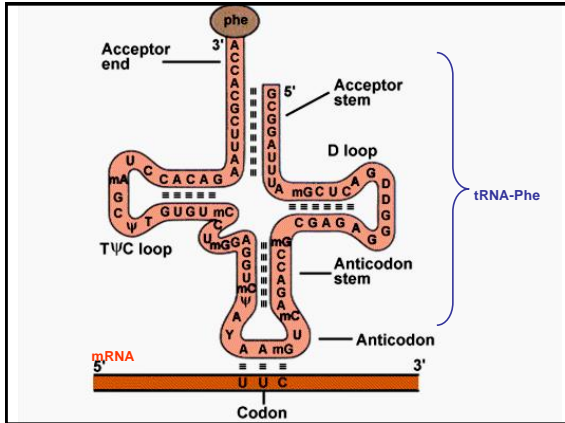
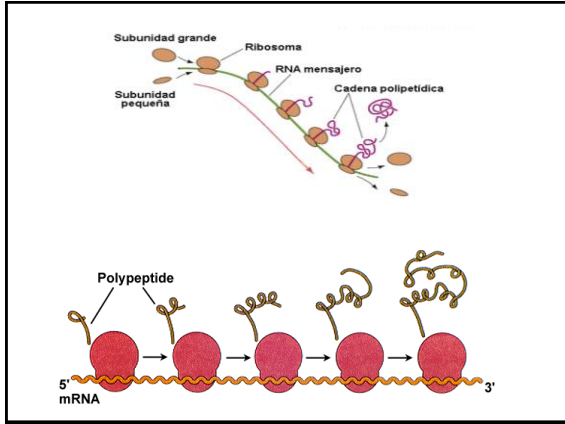


Figura 3.16 Representación del proceso de elongación de la cadena polipeptídica.





## EL CÓDIGO GENÉTICO

- Código de tres letras.
- Es universal (plantas, animales, bacterias)
- Excepciones: mitocondrias, algunos virus.
- Es degenerado.
- N° combinaciones: 64 combinaciones para 20 aminoácidos.
- Determina codones de iniciación y terminación.

Copyright © The McGraw-Hill Companies, Inc. Permission required for reproduction or display.

**Table 11.1 The Genetic Code**

		Second Position				
		U	C	A	G	
First Position (5' End)	U	UUU } Phe UUC } UUA } UUG } Leu	UCU } UCC } Ser UCA } UCG }	UAU } Tyr UAC } UAA } STOP UAG }	UGU } Cys UGC } UGA } STOP UGG } Trp	U C A G
	C	CUU } CUC } Leu CUA } CUG }	CCU } CCC } Phe CCA } CCG }	CAU } His CAC } CAA } Gln CAG }	CGU } Arg CGC } CGA } CGG }	U C A G
	A	AUU } Ile AUC } AUA } AUG } Met	ACU } ACC } Thr ACA } ACG }	AAU } Asn AAC } AAA } Lys AAG }	AGU } Ser AGC } AGA } Arg AGG }	U C A G
	G	GUU } Val GUC } GUA } GUG }	GCU } Ala GCC } GCA } GCG }	GAU } Asp GAC } GAA } Glu GAG }	GGU } Gly GGC } GGA } GGG }	U C A G

\*The code is presented in the RNA form. Codons run in the 5' to 3' direction. See text for details.

