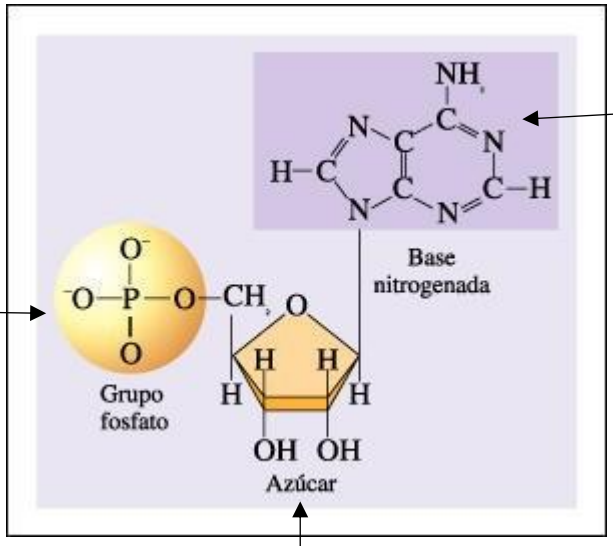
Ambiente guía N°5

1) Esquematizar la conformación de un nucleótido.



Puede ser una purina (adenina o guanina) O una pirimidina (citosina, timina o uracilo)

Un grupo fosfato (ácido fosfórico)

Un azúcar de cinco carbonos, Puede ser ribosa (en ARN) o desoxirribosa (en ADN)

2) Realizar un cuadro comparativo entre ADN y ARN con al menos cinco (5) criterios.

	ADN	ARN
Componente pentosa	Desoxirribosa	Ribosa
Bases nitrogenadas	Adenina, Guanina, Citosina, Timina	Adenina, Guanina, Citosina, Uracilo
Estructura	Doble cadena helicoidal	Cadena sencilla (algunas formas tienen estructura secundaria y terciaria)
Función	Almacenamiento y transmisión de información genética	Síntesis de proteínas, regulación génica, catálisis
Localización celular	Núcleo celular (en eucariotas) y nucleoide (en procariotas)	Núcleo celular y citoplasma (en eucariotas), citoplasma (en procariotas)
Enlace	Fosfodiéster	Fosfodiéster
Estabilidad química	Más estable debido a la presencia de desoxirribosa	Menos estable debido a la presencia de ribosa

3) Responder:

a) ¿Cuáles son los apareamientos estables posibles entre bases del ADN?

- Los apareamientos estables posibles entre las bases del ADN son: Adenina-Timina (A-T), Guanina-Citosina (G-C). La **adenina** se aparea con la **timina** mediante **dos puentes de hidrógeno**. La **guanina** se aparea con la **citosina** mediante **tres puentes de hidrógeno**.

b) ¿Qué fuerzas estabilizan la estructura secundaria del DNA?

Enlaces de hidrógeno:

- Se forman entre las bases nitrogenadas complementarias (adenina-timina y guanina-citosina) de las dos cadenas de polinucleótidos. (Estos enlaces de hidrógeno son los principales responsables de mantener unidas las dos cadenas y formar la estructura de doble hélice.)

Interacciones hidrofóbicas:

- Se producen entre las bases nitrogenadas apiladas consecutivamente en cada cadena. Las bases nitrogenadas tienen carácter hidrofóbico y tienden a apilarse unas sobre otras para minimizar su exposición al medio acuoso. Estas interacciones hidrofóbicas contribuyen a la estabilidad de la estructura secundaria.

Fuerzas de Van der Waals:

- Son fuerzas atractivas débiles que se establecen entre los átomos cercanos de las bases nitrogenadas apiladas. Estas fuerzas también ayudan a mantener las bases apiladas y aportan estabilidad a la estructura secundaria.

c) ¿Qué diferencia hay entre nucleosoma y un cromatosoma?

- La diferencia entre un nucleosoma y un cromatosoma es el nivel de compactación y las proteínas involucradas.
- Un **nucleosoma** es la unidad básica de organización del ADN en los cromosomas eucariotas. Consiste en un segmento de ADN de aproximadamente 146 pares de bases, envuelto alrededor de un núcleo proteico octamérico, formado por dos copias de cada una de las histonas H2A, H2B, H3 y H4
- Un **cromatosoma** es la siguiente unidad estructural superior de compactación, que se forma a partir de un nucleosoma consiste en un nucleosoma más una histona H1 (histona de unión) adicional, la histona H1 se une al ADN que entra y sale del nucleosoma. Actúa como un "sello", compactando aún más el ADN alrededor del núcleo de histonas

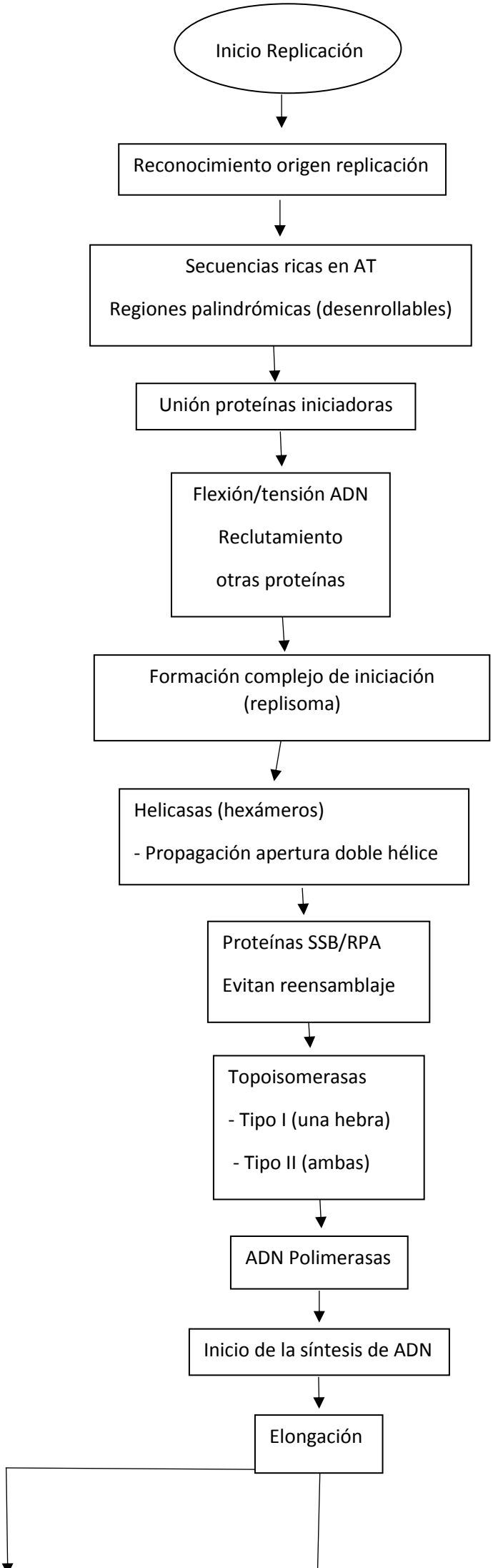
d) Los factores ambientales y el estilo de vida también pueden desempeñar un papel fundamental en la senescencia a través del acortamiento de los telómeros. ¿Qué son los telómeros y qué función cumplen?

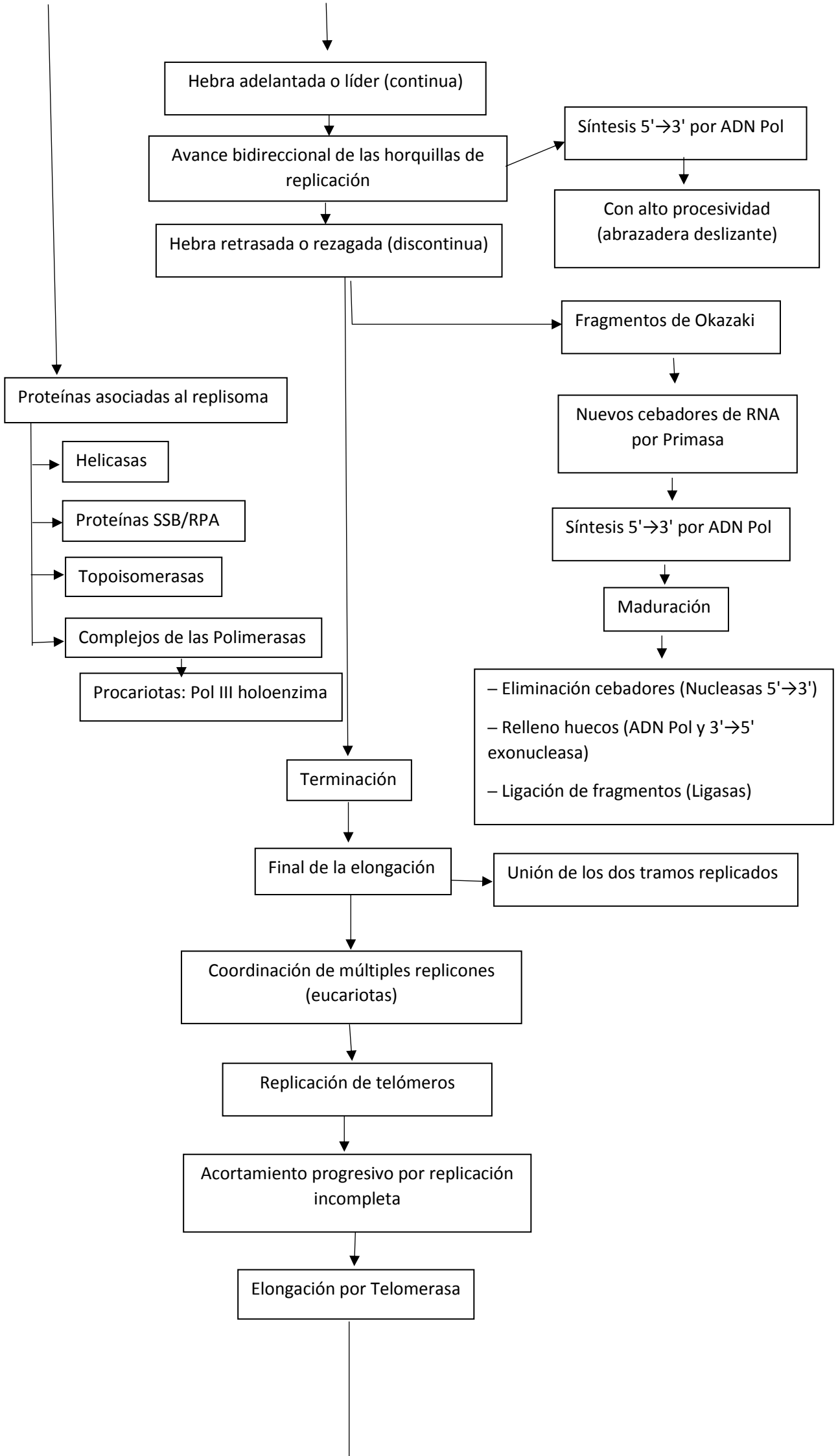
- Los telómeros son estructuras especializadas que se encuentran en los extremos de los cromosomas eucariotas lineales. Tienen una función muy importante en la estabilidad y el mantenimiento de los cromosomas. Las principales funciones de los telómeros son la protección de los extremos de los cromosomas, permiten la replicación completa de los cromosomas, regulación de la división celular y mantenimiento de la estabilidad cromosómica

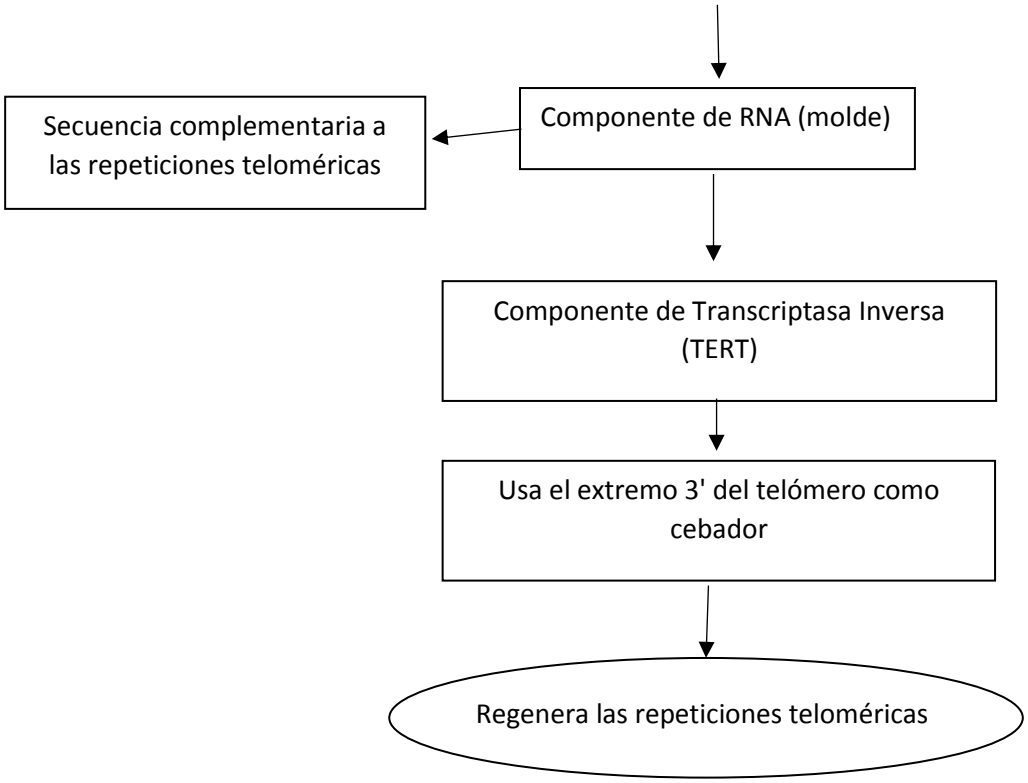
e) ¿Qué le ocurre a la molécula de ADN cuando se la expone a elevadas temperaturas, por ejemplo, 80 °C?

- Cuando la molécula de ADN se expone a temperaturas elevadas, como 80°C, ocurre un proceso conocido como desnaturalización o fusión. A esas temperaturas altas, la energía térmica es suficiente para vencer las fuerzas débiles que mantienen unidas las dos cadenas complementarias de la doble hélice del ADN. Se rompen los enlaces de hidrógeno entre las bases nitrogenadas complementarias (A-T y G-C). Se interrumpen las interacciones hidrofóbicas y fuerzas de Van der Waals entre las bases apiladas de cada cadena, esto provoca la separación física de las dos cadenas polinucleótidas complementarias como resultado, la estructura de doble hélice del ADN se desnaturaliza y colapsa en dos cadenas sencillas de ADN separadas y desenrolladas.

4) Elaborar un esquema de flujo del proceso de replicación del ADN, incluyendo etapas, estructuras formadas y enzimas involucradas


Inicio Replicación
Reconocimiento origen replicación
Secuencias ricas en AT
Regiones palindrómicas (desenrollables)
Unión proteínas iniciadoras
Flexión/tensión ADN
Reclutamiento
otras proteínas
Formación complejo de iniciación
(replisoma)
Helicasas (hexámeros)
- Propagación apertura doble hélice
Proteínas SSB/RPA
Evitan reensamblaje
Topoisomerasas
- Tipo I (una hebra)
- Tipo II (ambas)
ADN Polimerasas
Inicio de la síntesis de ADN
Elongación


Hebra adelantada o líder (continua)
Avance bidireccional de las horquillas de replicación
Síntesis 5'→3' por ADN Pol
Con alto procesividad (abrazadera deslizante)
Hebra retrasada o rezagada (discontinua)
Fragmentos de Okazaki
Nuevos cebadores de RNA por Primasa
Síntesis 5'→3' por ADN Pol
Maduración
– Eliminación cebadores (Nucleasas 5'→3')
– Relleno huecos (ADN Pol y 3'→5' exonucleasa)
– Ligación de fragmentos (Ligasas)
Proteínas asociadas al replisoma
Helicasas
Proteínas SSB/RPA
Topoisomerasas
Complejos de las Polimerasas
Procariotas: Pol III holoenzima
Terminación
Final de la elongación
Unión de los dos tramos replicados
Coordinación de múltiples replicones (eucariotas)
Replicación de telómeros
Acortamiento progresivo por replicación incompleta
Elongación por Telomerasa


Componente de RNA (molde)
Secuencia complementaria a las repeticiones teloméricas
Componente de Transcriptasa Inversa (TERT)
Usa el extremo 3' del telómero como cebador
Regenera las repeticiones teloméricas