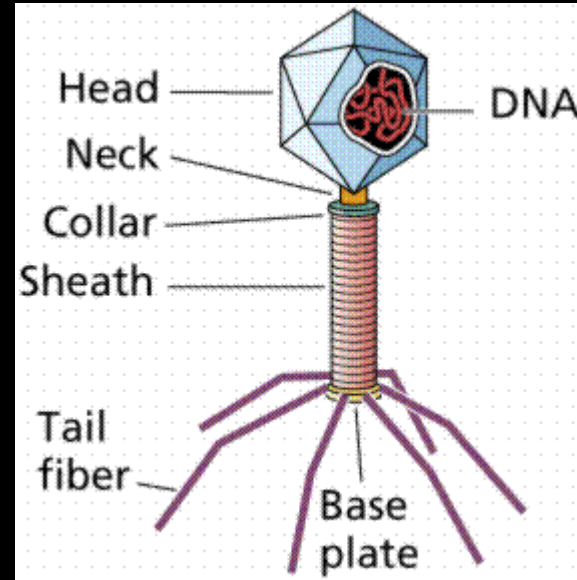
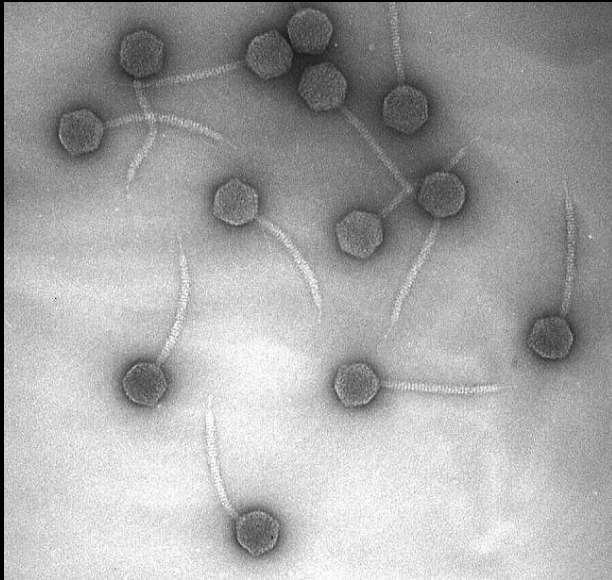


Seres vivos: algunas definiciones

- Características centrales que nos permiten decir que algo “es un ser u organismo vivo”:
 - Capacidad de reproducirse a sí mismo
 - Toma materiales del entorno y utiliza energía que captura del entorno o de estos materiales para transformarlos en componentes propios.

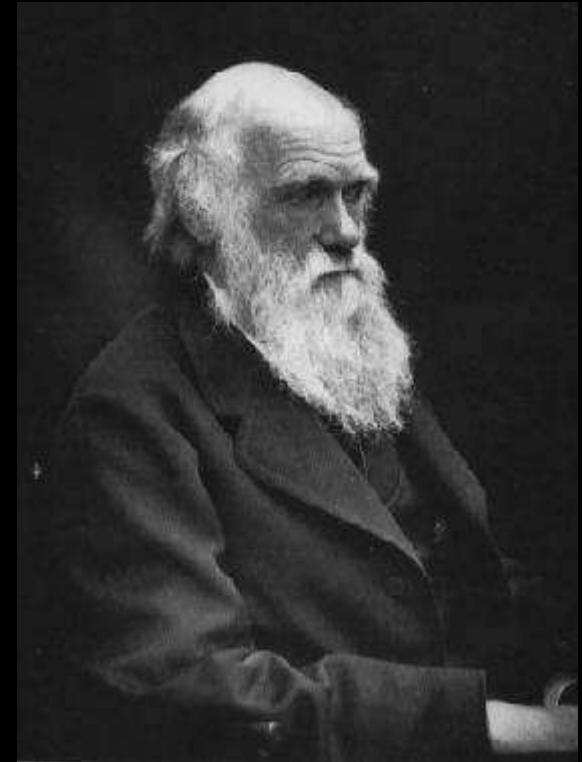
En los límites: virus



Bacteriofago Lambda – virus que usan bacterias como hospedadores. Izq: microscopía electrónica. Der: esquema

Todos los seres vivos están relacionados entre sí

- Cualquier par de organismos tienen un ancestro en común
- Las diferencias entre organismos y la adquisición de la complejidad que observamos pueden ser explicadas mediante la *evolución*
 - Herencia
 - Variación
 - Selección
- Estos tres factores definen un proceso evolutivo



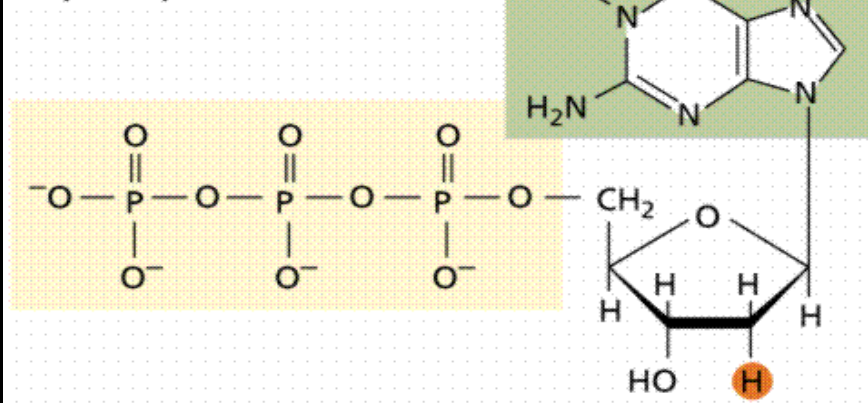
Charles Darwin

Herencia

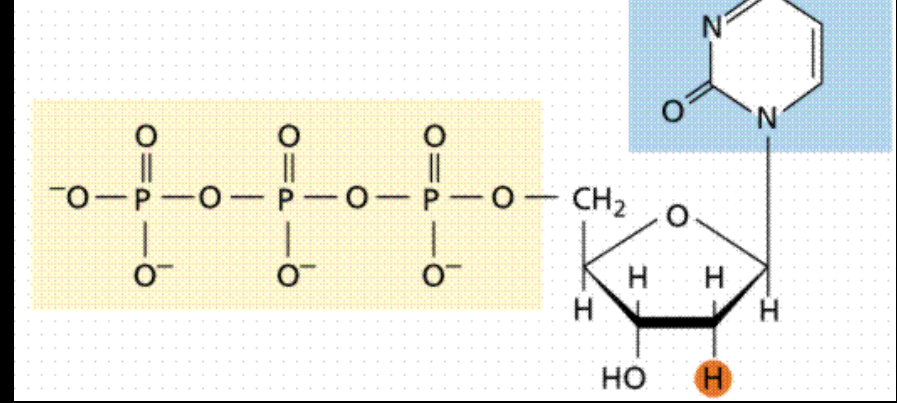
- Toda la información que se hereda se encuentra almacenada en forma química en una molécula: el DNA
 - Es un polímero lineal
 - Construído a partir de cuatro monómeros: adenina, citosina, guanina y timidina
 - mas conocidos como A, T, C y G :)

Componentes del DNA

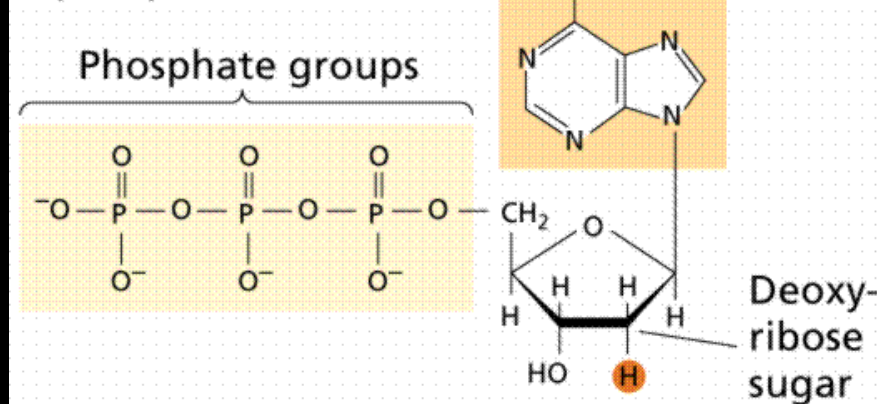
Deoxy-GTP
(deoxyguanosine
triphosphate)



Deoxy-CTP
(deoxycytidine
triphosphate)

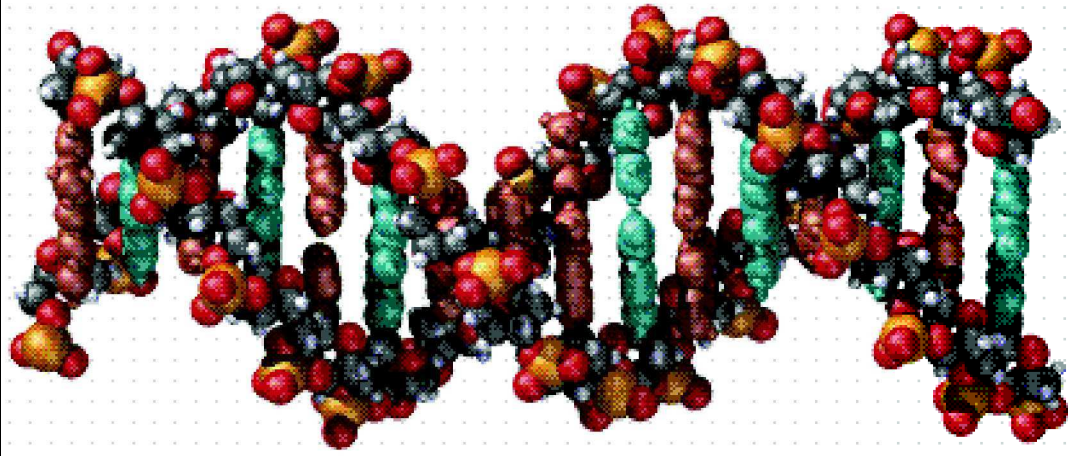


Deoxy-ATP
(deoxyadenosine
triphosphate)

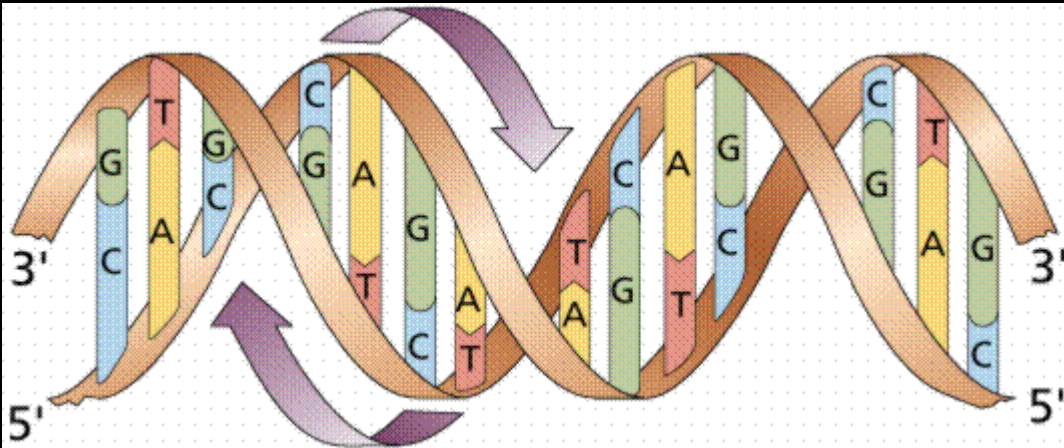


- Base nitrogenada
- Azucar (deoxyribose)
- Fosfato
- Observar:
 - OH 3' libre
 - PO₄ en posición 5'

Estructura del DNA

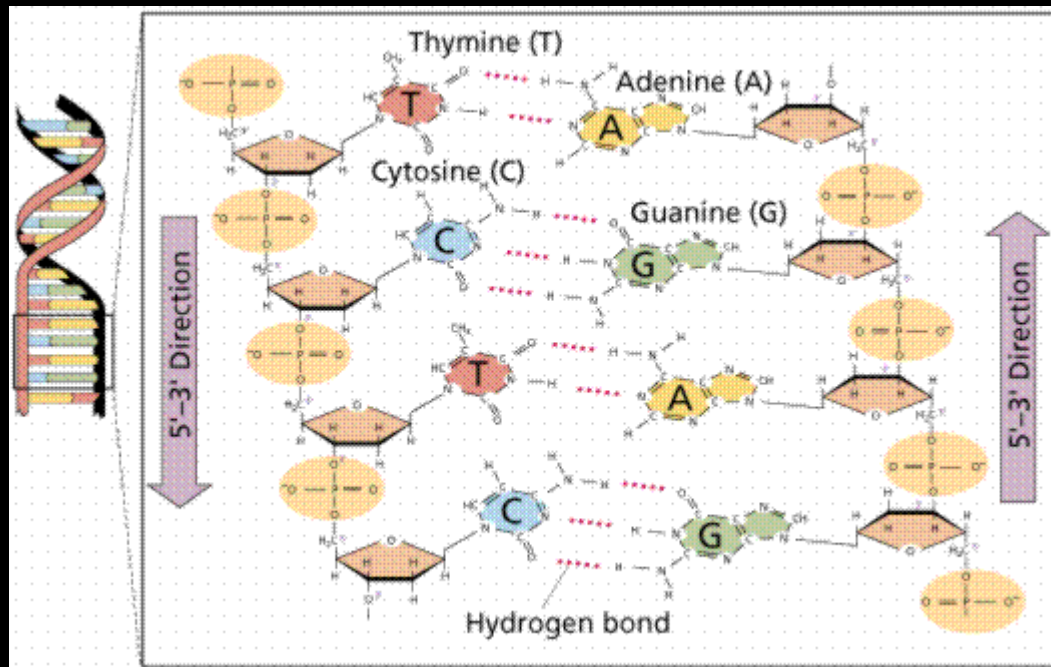


Modelo atómico



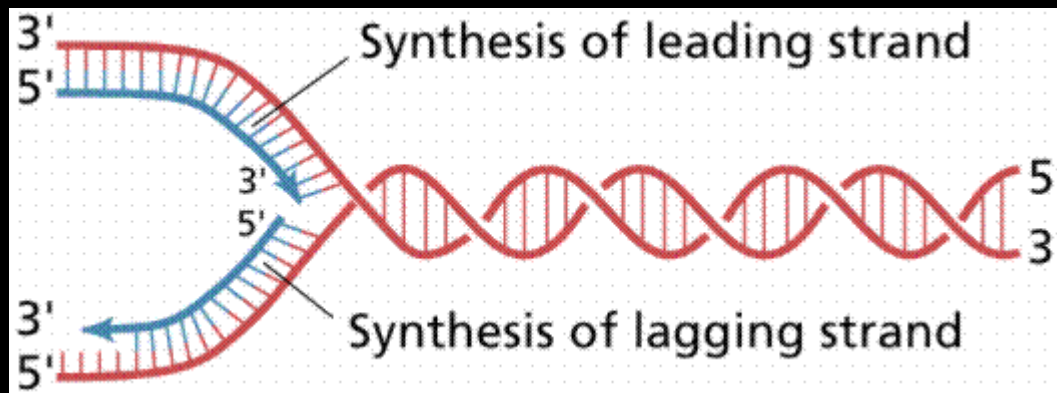
Esquema

Estructura del DNA: detalle



Replicación del DNA

- La replicación del DNA es semi-conservativa
 - La doble hélice se abre y cada hebra sirve como molde para la síntesis de dos nuevas hebras



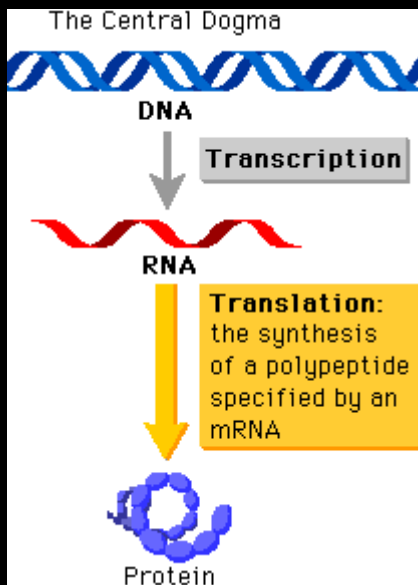
La síntesis del DNA durante la replicación

- Ocurre en una única dirección: 5' a 3'
- Es diferente en cada hebra:
 - Leading strand (hebra líder): síntesis continua 5' a 3'
 - Lagging strand (hebra retrasada): síntesis discontinua 5' a 3'
- Es enzimática
 - Complejos macromoleculares multifuncionales
 - Algunas funciones son:
 - Polimerización
 - Corrección (eliminación de bases mal apareadas)
 - Desplegado y apertura de la doble hélice
 - Ligado de los fragmentos de síntesis en la hebra retrasada (lagging strand)

Codificación de información

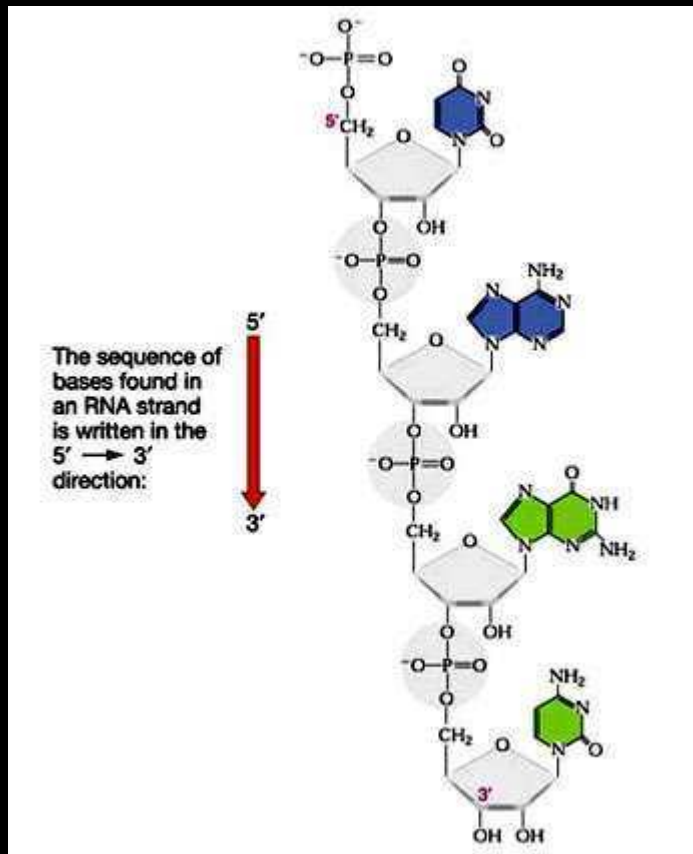
- Almacenamiento de información: DNA
- Alfabeto de 4 caracteres
- Cómo está codificada esta información (es decir, como leemos lo que sea que está allí para obtener algún mensaje con sentido)
 - Respuesta: necesitamos conocer cómo es el flujo de la información en biología

El dogma central de la biología molecular



El dogma central de la biología molecular describe el proceso en dos pasos (transcripción y traducción) por el cual la información genética lleva a la producción de proteínas: DNA → RNA → proteína.

RNA



- El RNA es también un ácido nucleico
 - También se polimeriza a partir de nucleótidos, en general copiando a partir de un molde.
- Diferencias?
 - Tiene dos OH libres (2' y 3') (es decir está formado por ribosa, en lugar de desoxyribosa)
 - En el RNA se utiliza uracilo como base nitrogenada en lugar de timina). Es decir el alfabeto sería: A, C, G, U

Transcripción

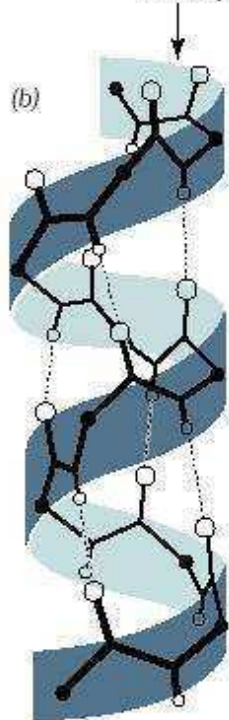
- Conceptualmente similar a la replicación del DNA
 - Se utiliza DNA como molde
 - Pero se polimeriza una hebra de RNA
- Pero
 - No se transcribe todo el DNA
 - Existen señales en la secuencia de DNA que delimitan de alguna manera la región a transcribir
 - La maquinaria celular encargada de realizar la transcripción es la que detecta y responde a estas señales
- En el proceso de transcripción se mantiene la información contenida en el DNA. Sólo cambia la forma química en la que está almacenada.

Traducción

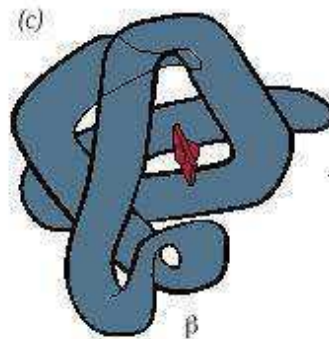
- Proteínas
 - Polímeros de aminoácidos
 - Alfabeto: 20 caracteres (20 aminoácidos)
 - El polímero se pliega en el espacio formando una estructura tridimensional par
- Funciones realizadas por proteínas
 - Catálisis de reacciones químicas (enzimas)
 - Soporte estructural (citoesqueleto)
 - Transporte de moléculas
 - Otras
-

Proteínas: la función está determinada por la estructura

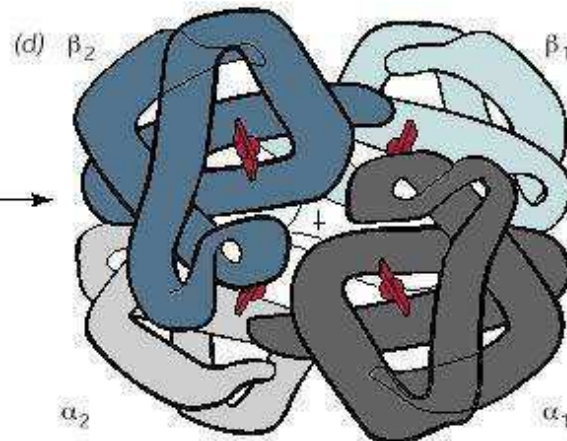
(a) \pm Lys \pm Ala \pm His \pm Gly \pm Lys \pm Lys \pm Val \pm Leu \pm Gly - Ala \pm
Primary structure (amino acid sequence in a polypeptide chain)



Secondary structure (helix)



Tertiary structure:
one complete protein chain
(β chain of hemoglobin)



Quaternary structure:
the four separate chains
of hemoglobin assembled
into an oligomeric protein

Figure 6-1. Levels of protein structure.

(a) Primary structure, (b) secondary structure, (c) tertiary structure, and (d) quaternary structure. [Figure copyrighted © by Irving Geis.]

Traducción: el código genético

- Cómo traducimos mensajes escritos usando un alfabeto de 4 caracteres (DNA/RNA) en uno de 20?
 - La maquinaria celular lo hace utilizando tripletes de bases (codones)
 - La tabla de correspondencias entre todas las posibles secuencias de DNA de tres letras y los aminoácidos que codifican es lo que se llama el código genético
 - Hay 64 combinaciones posibles utilizando 4 letras tomadas de a 3
 - Pero sólo hay 20 aminoácidos:
 - El código genético es redundante (degenerado). Más de un triplete codifica para un mismo aminoácido

El código genético

		Second letter				
		U	C	A	G	
U	UUU } Phe	UCU } Ser	UAU } Tyr	UGU } Cys	U	
	UUC } Leu		UAC } Stop			UGC } Stop
	UUA } Leu		UAA } Stop			UGA } Stop
	UUG } Leu		UAG } Stop			UGG } Trp
C	CUU } Leu	CCU } Pro	CAU } His	CGU } Arg	U	
	CUC } Leu		CAC } Gln			CGC } Arg
	CUA } Leu		CAA } Gln			CGA } Arg
	CUG } Leu		CAG } Gln			CGG } Arg
A	AUU } Ile	ACU } Thr	AAU } Asn	AGU } Ser	U	
	AUC } Ile		AAC } Lys			AGC } Ser
	AUA } Met		AAA } Lys			AGA } Arg
	AUG } Met		AAG } Lys			AGG } Arg
G	GUU } Val	GCU } Ala	GAU } Asp	GGU } Gly	U	
	GUC } Val		GAC } Glu			GGC } Gly
	GUA } Val		GAA } Glu			GGA } Gly
	GUG } Val		GAG } Glu			GGG } Gly

•3 aminoácidos son codificados por 6 tripletes:

- Serina (Ser, S), Arginina (Arg, R), Leucina (Leu, L)

•5 por 4 tripletes:

- Valina (Val, V), Alanina (Ala, A), Glicina, (Gly, G), Prolina (Pro, P), Treonina (Thr, T)

•1 por 3 tripletes:

- Isoleucina (Ile, I)

•9 por 2 tripletes:

- Fenilalanina (Phe, F), Tirosina (Tyr, Y), Cisteina (Cys, C), Histidina (His, H), Glutamina (Gln, Q), Asparragina (Asn, N), Lisina (Lys, K), Aspartico (Asp, D), Glutamico (Glu, E)

•2 por 1 triplete:

- Metionina (Met, M), Triptofano (Trp, W)

•3 tripletes no codifican aminoácido alguno (fin de la traducción)

Lectura de tripletes

- Dada una secuencia de DNA proveniente de un gen, hay 3 sitios posibles a partir de los cuales iniciar la lectura en términos de aminoácidos (traducción)
- ...AATGCGATAAG...
 - Puede ser leída como AAT-GCG-ATA-AG...
 - Como ...A-ATG-CGA-TAA-G...
 - O como ...AA-TGC-GAT-AAG...
- Es decir hay 3 posibles marcos de lectura

Estructura de un gen procariótico

GENE SEQUENCE	PATTERN
1 GAATTCGATAAATCTCTGGTTTATTGTCAGGTTTATGGTTT	CTGNNNNNNNNNNNNCAG
TT	TTGACA
41 CCAAAATCGCCTTTTTCCTGTTATATACTCACAGCATAACTG	CTGNNNNNNNNNNNNCAG
CGAA -35 -10 TATACT >	TATAAT, > mRNA start
81 TATACTCACCGCAGGGGGGGGAAATGAAGCGTTAAACGGCCA	CTGNNNNNNNNNNNNCAG
+10 GGGGG Ribosomal binding site	GGAGG
121 GGCACCAAGAGGTGTGATCTCAATCCGTGATCACATCAG	ATG
161 CCAGACAGGTATCCCGCCGACGCGTGCAGAAATCGGCGAG	
201 CGTTTGGGGTTCCGTTCCCCAAACGGGCTGAAGAATC	
241 TGAAGGGCGCTGSCACGCAAGGGCGTTATTGAAATGTATC	
281 CGGCGCATCAGCGCGGATTCGTCTGTTCAGGAAGAGGAA	
321 GAAGGGTTGCGCTGGTAGGTCGTGTGGCTGCCGCTGAC	
361 CACTTCGTGGCGCAACAGCATATTTGAAGGTCATATCAGGT	OPEN READING FRAME
401 CGATCCCTTCCTTATTCGAAGCCGAAATGCGAATTCCTGCTG	
441 CGCGTCAGCGGGATGTGATGAAAATATCGGCATTATGG	
481 ATGGTACTTGTCTGGCAGTGCATAAACTCAGGAATGTACG	
521 TAACGGTCAGGTCTGTTGTCGCACATATTGATGACGAAGTT	
561 ACCGTTAAGCGCTGAAAAAACAGGGCAATTAAGTCGAAAC	
601 TGTTGCCAGAAAATAGCGAATTTAAACCAATTGTCGTTGA	
641 CCTTCGTCAGCAGAGCTTCACCAATTGAAGGGCTGGGGTT	TAA
681 GGGGTTATTGGCAACGGCGACTGGCTGTAACATATCTCTG	
721 AGACCGCGATGCGCGCTGGCGTGGCGGTTTGTATTATC	
761 TCTCTTCATCAGGCCTGTCTGCATGGCATTCTCTACTTCA	
801 TCTGATAAAGCACTCTGGCATCTCGCCCTTCCCATGATTT	
841 TCTCCAATAACACCGTTCCGTTGCTGGGACTGGTCGATAC	
881 GGCGGTAAATGGTCTACTTTGATGACCCGTTTATTGTTGGC	
921 GGCCTGGCGGTTGGCGCAACGGGGACCAGCT	

Shown are matches to approximate consensus binding sites for LexA repressor (CTGNNNNNNNNNNCAG), the -10 and -35 promoter regions relative to the start of the mRNA (TTGACA and TATAAT), the ribosomal binding site on the mRNA (GGAGG), and the open reading frame (ATG...TAA). Only the second two of the predicted LexA binding sites actually bind the repressor.

- Secuencias regulatorias en la región 5' (no transcripta)
 - Median la unión de factores necesarios para la transcripción
 - Definen el sitio de inicio de la transcripción
- Secuencias regulatorias en la región 5' (transcripta, pero no traducida)
 - Median la unión del RNA al ribosoma para su traducción
- Puede haber otras secuencias regulatorias en los extremos 5' y 3' del mRNA que pueden afectar la traducción o su estabilidad