

Como ya se ha mencionado, el ADN es una doble hélice y sus características principales están determinadas por los azúcares (desoxirribosa) que se orientan en una dirección en una cadena y en la dirección opuesta en la otra. Debido a este arreglo inverso de los azúcares en cada cadena, el ADN gira una vuelta completa (es decir, 360 grados) cada 10 pares de bases.

Cada hebra está formada por nucleótidos unidos covalentemente a través del azúcar-fosfato por el **enlace fosfodiéster**. Las dos hebras están unidas entre sí por **puentes de hidrógeno** entre las bases adyacentes (A y T con 2, C y G con 3), y la conexión entre la base y la pentosa es por el **enlace N-glucosídico**.

Otra característica importante es que al esqueleto de azúcar-fosfato puede unirse cualquier base, púrica o pirimídica, teniéndose teóricamente cualquier arreglo o secuencia de ellas. Pero las bases de una cadena deben complementarse con las bases de la otra cadena; así, G sólo se une con C y A sólo lo hace con T. De este modo, si nosotros sabemos la secuencia de bases en una cadena podremos deducir la secuencia de la cadena opuesta. Entonces, en una cadena doble de ADN el número de A es igual al número de T, y el número de G es igual al número de C. Por ejemplo, si sabemos que una secuencia de una determinada región de una cadena de ADN es ATTGC, podremos deducir que la cadena opuesta tendrá la secuencia TAACG para esa misma región. Y es así como están constituidos los genes: trozos de ADN cuya secuencia es determinada y distinta de otros genes.

Fig. 4: Nucleótido.

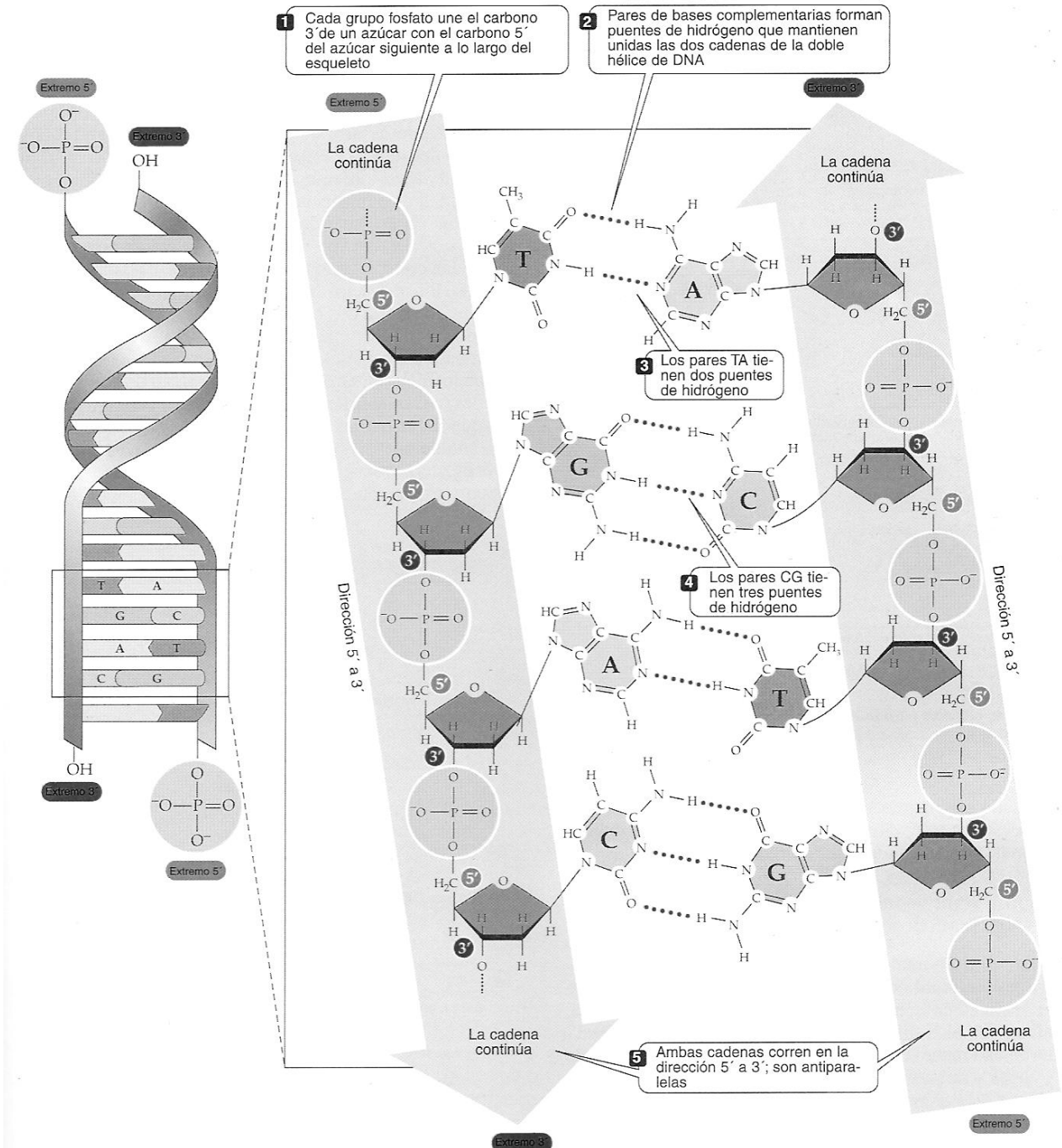
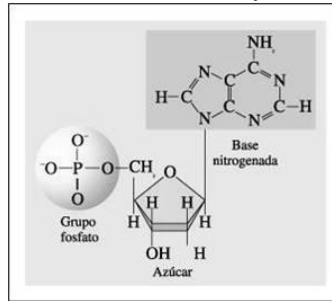


Fig. 5: Molécula de ADN.



El Dogma Central de la Biología Molecular

Sabemos que la molécula de la herencia, el ADN, está formada por una secuencia de nucleótidos, y que cada uno de éstos contiene una base nitrogenada: adenina, guanina, timina o citosina. Es así como la información genética es precisamente la secuencia de estas bases nitrogenadas dentro de un segmento determinado. Se dice entonces que la información está codificada por su secuencia de bases. Cada tres bases tendremos un **codón** en el ARNm, que corresponde a su vez a uno de los 20 aminoácidos existentes.

De esta manera, la información contenida en el ADN tiene que ser transcrita a una molécula intermedia, el **ARN** (Ácido ribonucleico), para sintetizar una proteína. De acuerdo con las reglas establecidas por el modelo de Watson y Crick: una A se aparea con una U (en el caso del ARN la timina es sustituida por el uracilo), y una G con una C. El resultado es la formación de una molécula conocida como ARN mensajero, que a su vez será traducida en una proteína por los ribosomas. Cada codón de ARN dirige la incorporación de un aminoácido particular para formar una proteína. Entonces, tenemos que la formación de proteínas a partir de ADN es un proceso de dos pasos: primero, a partir de una cadena de ADN se forma un ARN mensajero, es decir, el ADN es **transcrito** en ARN; segundo, este ARN mensajero es **traducido** para formar las proteínas. Dicho de otro modo, los genes codifican para proteínas. La vía molecular de esta síntesis fue designada por F. Crick como el "Dogma Central de La Biología Molecular", el cual expresa los flujos de información genética y que posteriormente tuvo algunas modificaciones.

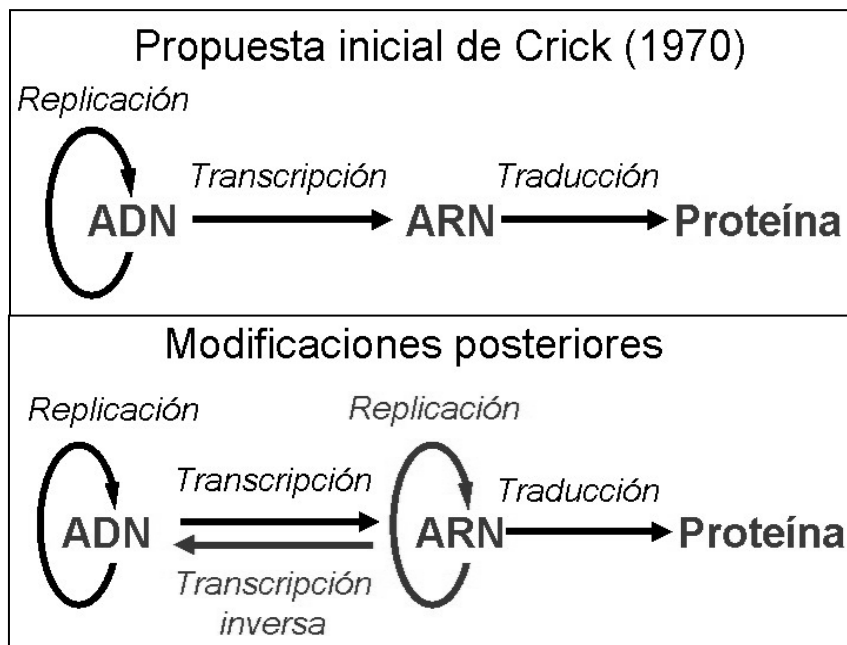


Fig. 6: Dogma Central de la Biología Molecular.

Replicación del ADN

La replicación o duplicación es el proceso mediante el cual se copia el ADN. Se realiza en la etapa **S** del ciclo celular, pues toda célula que va a dividirse debe duplicar su material genético para repartirlo por igual entre las células hijas, por lo que de sus 2 cantidades de ADN en la etapa G1 pasará a tener 4C en la etapa G2, con lo cual ingresará a la mitosis.

Este proceso es semiconservativo y bidireccional. Funciona de manera similar tanto en procariontes como en eucariontes, salvo algunos cambios principalmente de las proteínas que participan.

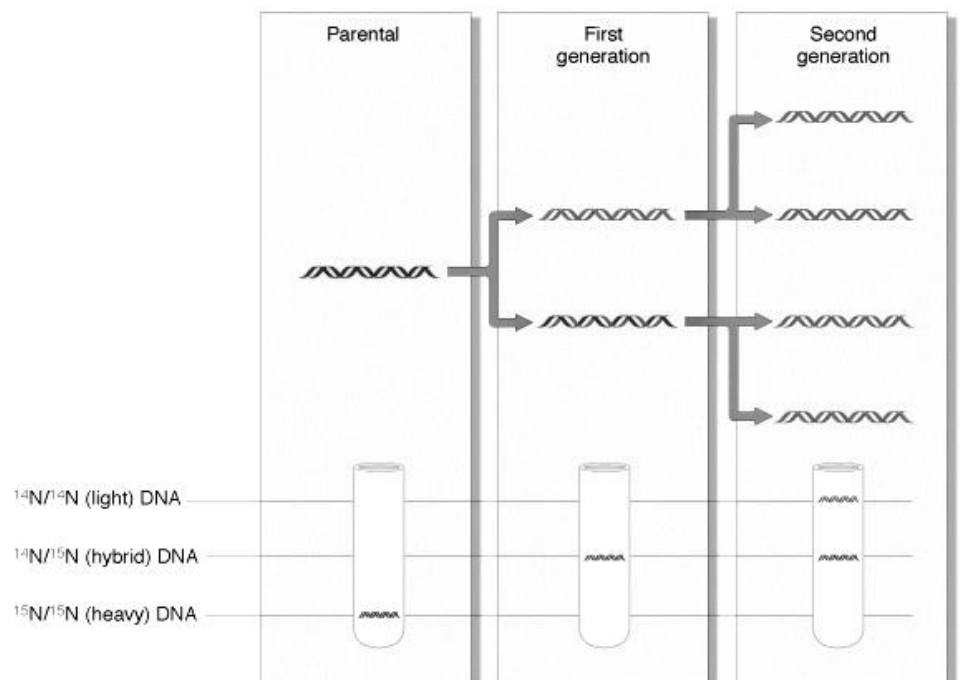


Fig. 7: Experimento de Meselson y Sthal para identificar el mecanismo de replicación del ADN.