

COLEGIO SANTA ROSA DE LIMA
BIOLOGÍA – GUÍA EVALUATIVA 2022

PROFESOR: LUCIANO PURICELLI

FECHA DE ENVÍO: VIERNES 26/08

FECHA LÍMITE DE PRESENTACIÓN: JUEVES 01/09

FORMATO DE ARCHIVO CON RESPUESTAS: ARCHIVO WORD O PDF

CORREO AL CUAL ENVIAR LAS ACTIVIDADES RESUELTAS: lucianopuricelli@donboscosanjuan.edu.ar

APELLIDO Y NOMBRE: Calvo, Nicolás - Maldonado, María José - Peralta, Mateo

CURSO: 5ºA

TEMA: ÁCIDOS NUCLEICOS – ESTRUCTURA Y FUNCIÓN DEL ADN

1. A PARTIR DE LA LECTURA Y ANÁLISIS DEL DOCUMENTO ENTREGADO POR EL PROFESOR (LIBRO “BIOLOGÍA MOLECULAR” DE MONTES), REALICE LAS SIGUIENTES ACTIVIDADES.

- a. **Realice una síntesis de todos los descubrimientos que llevaron a identificar al ADN como la molécula portadora de la información genética, incluyendo los posteriores descubrimientos y experimentos contemporáneos. Luego construya una línea de tiempo ubicando dichos momentos.**

La historia de la biología molecular implica muchas historias y todas ellas se encuentran entrelazadas. Sería muy complicado tratar de describirlas de manera individual y más si se presta atención a todos los acontecimientos que han tenido impacto en esta ciencia. Por ello, en este capítulo sólo se van a considerar algunos de los sucesos que han dejado huella de manera significativa en el desarrollo del área de la biología que hoy se conoce como biología molecular.

Friedrich Miescher

Al principio esta investigación no pareció relevante, hasta que Albrecht Kossel llevó a cabo sus primeras investigaciones sobre la estructura química de la nucleína. En 1888, Kossel demostró que la nucleína de Miescher contenía proteínas y moléculas básicas ricas en nitrógeno, lo que llevó a la identificación de lo que hoy se conoce como bases nitrogenadas. Su vocación investigadora le introdujo en el área de la fisiología celular, donde destacó la importancia de las enzimas e intuyó el papel de los ácidos nucleicos en la herencia. En 1909, Thomas Hunt Morgan, en la Universidad de Columbia, realizó unos experimentos hoy considerados clásicos sobre los rasgos genéticos ligados al sexo, lo que le hizo acreedor del Premio Nobel en 1933.

José María Vera Cruz / Adriana María Salazar Montes

César Guardado Mora / Juan Armendáriz Borunda portadores de los genes, lo que dio lugar a lo que se conoce como la teoría cromosómica de Sutton y Boveri. Morgan denominó white al gen correspondiente, e inició así la tradición de nombrar a los genes según el fenotipo causado por sus alelos. Existe la posibilidad de que otros genes también residan en cromosomas específicos. Hunt y sus estudiantes analizaron las características de miles de moscas y estudiaron su herencia.

Empleando la recombinación de los cromosomas, Morgan y Alfred Sturtevant prepararon un mapa con la localización de los genes en el cromosoma. Los resultados de sus investigaciones les permitieron escribir el libro El mecanismo de la herencia mendeliana. En 1915 quedaron definitivamente establecidas las bases fundamentales de la herencia fenotípica y se publicó el libro El mecanismo de la herencia mendeliana, escrito por Thomas H. Muller y Calvin Bridges, en el que se establecían de forma definitiva las bases fundamentales de la herencia genotípica, se iniciaba la teoría cromosómica de la herencia y se consolidaba la edad de oro de la genética clásica.

William Thomas Astbury

Experimento del principio transformante.

Además, fue el primer científico en autodenominarse biólogo molecular, aprovechando que en 1938, Warren Weaver había acuñado el término biología molecular. El nombramiento de Astbury marcó el nacimiento de la biología molecular como un área de conocimiento independiente.

George Wells Beadle y Edward Lawrie Tatum

En 1941, George Wells Beadle y Edward Lawrie Tatum, en la Universidad de Stanford, California, encontraron sólidas evidencias de una correlación entre los genes y las enzimas en el hongo *Neurospora crassa*, mediante el estudio de rutas metabólicas implicadas en la síntesis de los aminoácidos. Sus resultados, publicados en 1941, proponían un vínculo directo entre los genes y las enzimas, conocido como la hipótesis «Un gen, una enzima». coli ocurrían de forma espontánea, sin necesidad de exposición a agentes mutagénicos, y que éstas se transmitían siguiendo las leyes de la herencia.

Oswald Theodore Avery, Colin MacLeod y Maclyn McCarty

Griffith se transformaban en patógenas al adquirir la molécula de ADN y no proteínas, como se creyó en un principio, y demostraron así que el principio transformante era ADN. MacLeod, empleando refinadas técnicas desarrolladas por él mismo, aisló el principio transformante de muestras de neumococos biológicamente activo. El análisis permitió suponer que el factor transformante podría estar compuesto por ácidos nucleicos, ya que su peso molecular era alto y se precipitaba en presencia de alcohol. De esta manera se demostró que la naturaleza química del principio transformante era ADN y era el causante de producir los cambios permanentes heredables.

Erwin Chargaff

En 1950, Erwin Chargaff descubre las leyes que rigen la complementariedad de bases de los ácidos nucleicos. Asimismo, demostró que el porcentaje de bases purinas era igual al de bases pirimidinas. Con estos descubrimientos se fundamentó el principio de complementariedad de las bases de los ácidos nucleicos.

Alfred Hershey y Martha Chase

La cápside viral no se introduce a la bacteria y, por lo tanto, no participa en la formación de nuevas partículas virales, y concluyeron que el ADN, y no las proteínas, contiene la información genética para la síntesis de nuevos viriones.

Martha Chase y Alfred Hershey.

En 1953, el bioquímico estadounidense Watson y el biofísico inglés Crick elaboraron el famoso modelo de la doble hélice de ADN, que explicaba de manera clara que el ADN podría duplicarse y transmitirse de una célula a otra. Estas cadenas tienen una estructura de α -hélice y se hallan unidas por dos y tres puentes de hidrógeno entre las bases A-T y G-C, respectivamente.

Era moderna de la biología molecular

El hallazgo de la estructura del ADN es uno de los descubrimientos esenciales en las ciencias de la vida y marcó el inicio de la biología molecular moderna.

Mathew Stanley Meselson y Franklin Stahl

En 1958, Mathew Stanley Meselson y Franklin Stahl confirmaron la replicación semiconservadora propuesta por Crick. Cultivaron bacterias en un medio que contenía el isótopo ^{15}N para marcar las cadenas de ADN progenitoras. James Dewey Watson y Francis Harry Compton Crick.

El enorme potencial del empleo de las enzimas de restricción quedó demostrado por un colega de Smith, Daniel Nathans, de la Universidad Johns-Hopkins, que logró cortar el ADN del virus SV40 a 11 fragmentos. Mertz y Ron Davis demostraron que un fragmento de restricción podía insertarse y ligarse a otro ADN cortado por la misma enzima.

El principal cuestionamiento acerca de los virus de ARN era si el genoma de estos virus pasaba de padres a hijos como ARN o se integraba al ADN de la célula huésped en alguna etapa de su ciclo viral. Las pruebas de infección y de transformación indicaban que estos virus requerían de la síntesis de ADN. Temin sugirió que la replicación de los virus de ARN ocurría mediante una molécula intermediaria de ADN que servía como molde para la síntesis

de ARN viral. ADN polimerasa dependiente de ARN que nunca se había encontrado en ningún tipo de células. Por su parte, Baltimore examinó las viriones del virus de ARN. Incubó el virus en condiciones en que se indujera la actividad del ADN polimerasa y los cuatro dNTP, uno de los cuales era radiactivo. Se observó, también, que la enzima que sintetizaba el ADN se sedimentaba junto con las partículas virales maduras, lo que sugiere que era parte del virus y no de la célula huésped. Replicación semiconservadora del ADN.

Hamilton Smith, Daniel Nathans, Werner Arber.

La PCR tiene múltiples aplicaciones, como la identificación de individuos a partir de muestras de sangre o saliva y la secuenciación de genes de todo tipo de organismos. La PCR convirtió en una rutina la secuenciación génica y permitió la lectura completa del genoma humano, así como de muchos organismos que se toman como modelos de problemas biológicos en la investigación. Reacción en cadena de la polimerasa.

El síndrome de inmunodeficiencia combinada grave por déficit de la enzima adenosina deaminasa fue la primera enfermedad tratada con terapia génica. La deficiencia de ADA es la enfermedad congénita de inmunodeficiencia más estudiada, ya que la secuencia del ARNm y del gen que codifica para ADA se identificó tempranamente. La función de la enzima está perfectamente dilucidada. La producción de tan sólo el 10% de los niveles normales de la enzima ADA es suficiente para establecer una función inmune en el paciente.

Como resultado, la función inmunológica de ambos llegó a niveles mucho más altos que durante el periodo de tratamiento con sustitución enzimática, y se mantuvieron estables dos años después del último tratamiento.

Proyecto del Genoma Humano

El Proyecto del Genoma Humano fue un proyecto internacional de investigación científica con el objetivo fundamental de determinar la secuencia de pares de bases que componen el ADN e identificar los aproximadamente 30.000 genes del genoma humano, desde un punto de vista físico y funcional. Se nombró responsable del proyecto a James D. Watson. En una primera etapa, la elaboración de mapas genéticos exigió el desarrollo de nuevas técnicas de secuenciación para poder abordar todo el genoma. En 2001 se elaboró y publicó el primer borrador del genoma. En abril de 2003 se publicó la secuencia completa del genoma humano, dos años antes de lo previsto.

Existen 25000 genes codificantes. La homología en la secuencia de ADN entre individuos es del 99.99%. La especie más cercana filogenéticamente al ser humano es el chimpancé, con 99.9% de homología en su secuencia de ADN.

A pesar de que la expectativa de vida de la raza Finn

Dorset, a la que pertenecía Dolly, tenía de 11 a 12 años, tuvo que ser sacrificada debido a una enfermedad progresiva pulmonar a los ocho años de edad. ADN eran cortos, característica presente en células viejas.

b. Explique qué son los ácidos nucleicos. Nombre los componentes que conforman los ácidos nucleicos y describa las propiedades de cada uno.

Los ácidos nucleicos constituyen el material genético de los organismos y son necesarios para el almacenamiento y la expresión de la información genética. Existen dos tipos de ácidos nucleicos química y estructuralmente distintos: el ácido desoxirribonucleico y el ácido ribonucleico.

La unidad básica es el nucleótido, una molécula orgánica compuesta por tres componentes:

1. Base nitrogenada: una purina o pirimidina: moléculas formadas de átomos de carbono y nitrógeno que crean anillos heterocíclicos.

2. Pentosa, la ribosa o desoxirribosa según el ácido nucleico: es la D-ribosa para el ARN y la D-desoxirribosa en el caso del ADN, compone el nucleótido.

3. Grupo fosfato: es el causante de las cargas negativas de los ácidos nucleicos y que le brinda características ácidas

c. Teniendo en cuenta las bases nitrogenadas, nombre cuáles son las denominadas como "Purinas" y cuáles como "Pirimidinas". ¿Cuáles son las diferencias estructurales entre las mismas? ¿Por qué no se pueden unir purinas entre sí o pirimidinas entre sí?

Se conocen dos tipos de bases nitrogenadas: las purinas y las pirimidinas. Las purinas se componen de dos anillos condensados, mientras que las pirimidinas están formadas por un solo anillo.

Las purinas características de los ácidos nucleicos son adenina (A) y guanina (G), ambas presentes en los nucleótidos del ADN y del ARN. Las pirimidinas características de los ácidos nucleicos son la citosina (C), la timina (T) y el uracilo (U). La C está presente en los nucleótidos que componen tanto al ADN como al ARN, mientras que la T sólo forma los nucleótidos que componen al ADN y el U, únicamente los nucleótidos que componen al A.

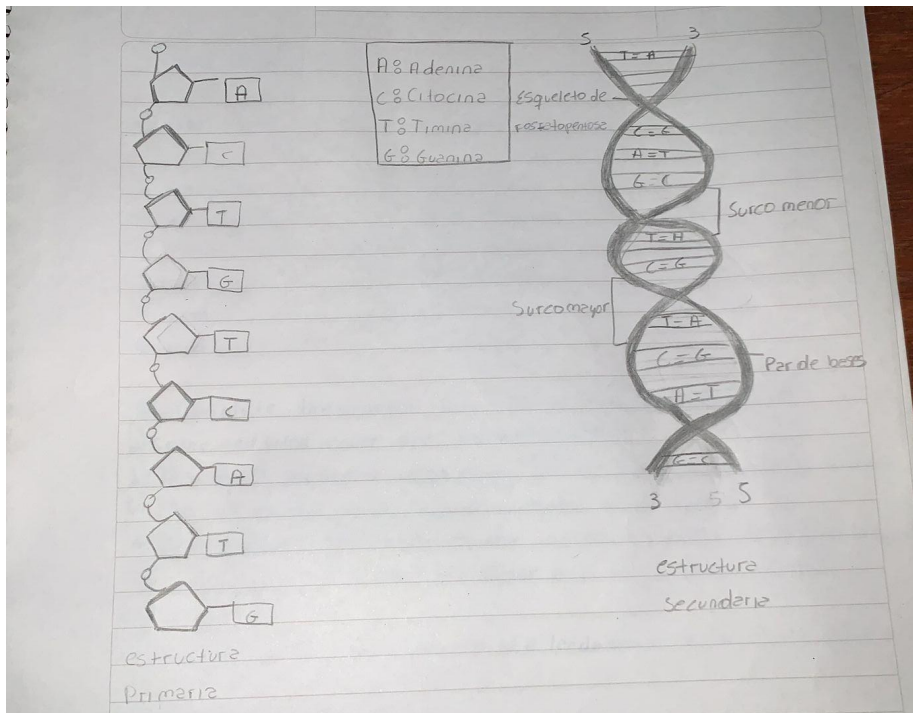
No se pueden unir por que los átomos que ofrecen para unir no coinciden con los ángulos de las bases, por ende no se pueden unir.

d. ¿A qué se le denomina un “nucleósido” y a qué un “nucleótido”? ¿Cuál es la principal diferencia entre ambos?

La unión de una base nitrogenada y la pentosa produce un nucleósido, mediante un enlace covalente denominado N-glucosídico que se forma entre el C-1' de la pentosa y el N-1 de las pirimidinas o bien el N-9 de las purinas. Si la base nitrogenada se une a una ribosa da lugar a los ribonucleótidos, y si, por el contrario, lo hace a una desoxirribosa genera los desoxirribonucleótidos.

La unión de un grupo fosfato a un nucleósido da lugar a una molécula de nucleósido monofosfato o nucleósido, por ejemplo la adenosina monofosfato (AMP). Si se agrega un segundo o un tercer fosfato el nucleósido monofosfato se obtiene un nucleósido difosfato (como el ADP) o bien trifosfato (como el ATP). Los nucleósidos, en su forma de monofosfato, son los componentes de los ácidos nucleicos; aunque cuando se encuentran libres lo están en su forma trifosfatada. El primer fosfato se une al nucleósido mediante un enlace éster con el OH del carbono 5' de la pentosa. El segundo y el tercero se conectan con el nucleótido mediante un enlace fosfanidrido que requiere un gasto de energía para su formación. Químicamente, los nucleótidos pueden definirse como ésteres monofosfato, difosfato o trifosfato de nucleósidos. Los nucleótidos son moléculas ácidas, ya que el grupo fosfato se ioniza en medio acuoso.

e. Describa y represente gráficamente la estructura primaria y la estructura secundaria del ADN. En cuanto a la última, nombre y explique las 3 propiedades de la misma.



La doble cadena del ADN tiene tres características principales:

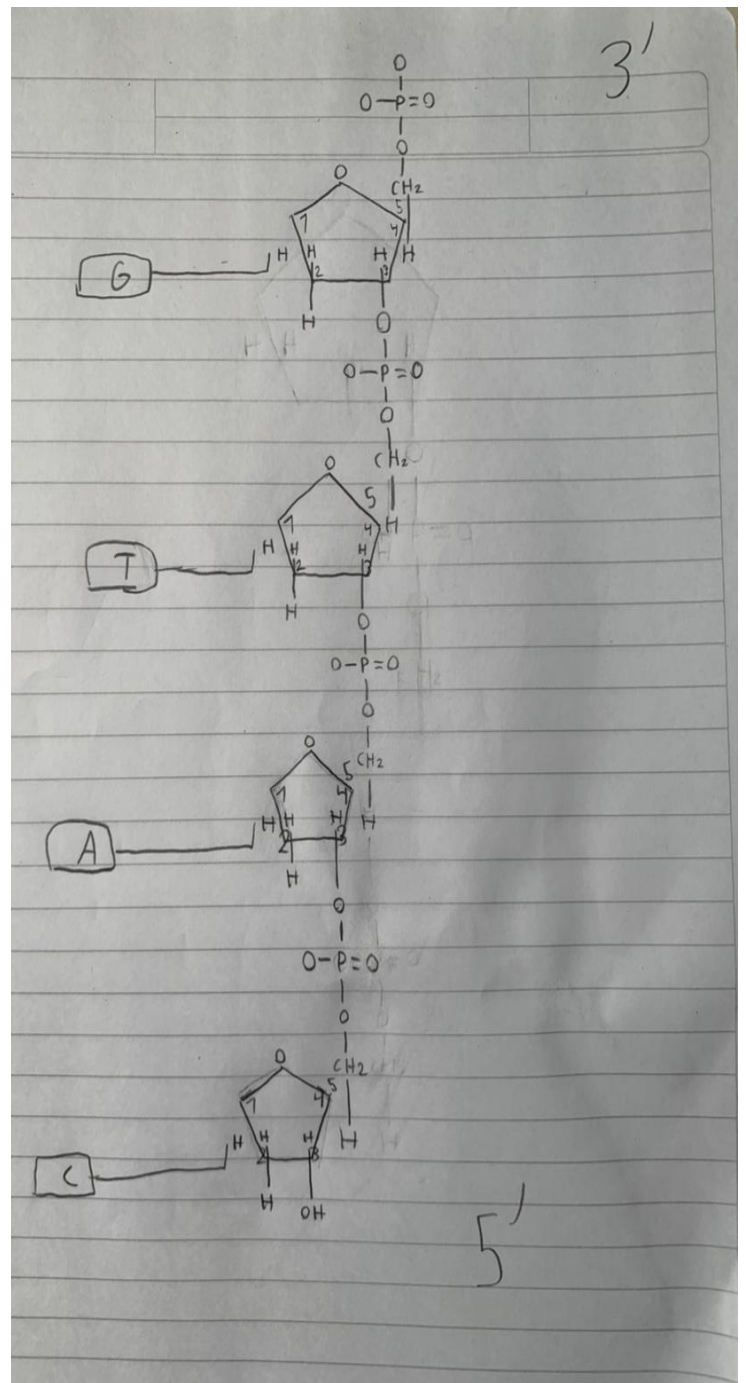
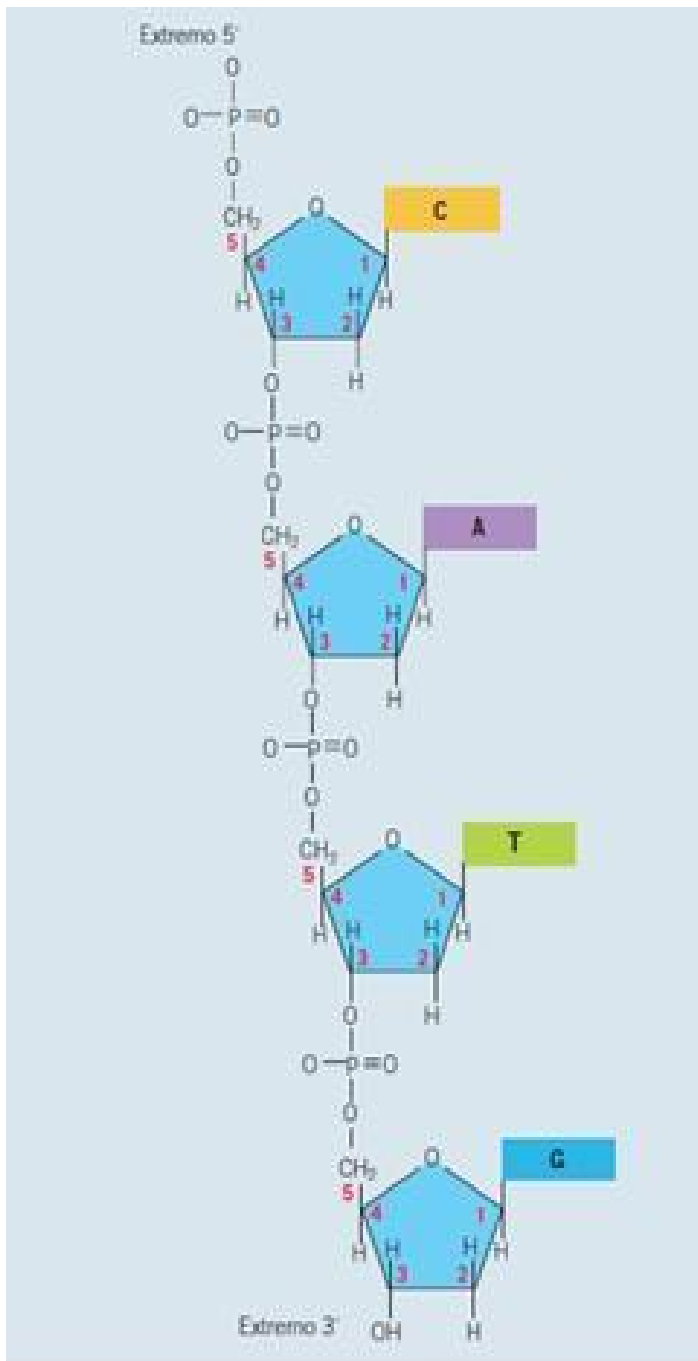
- Es antiparalela.
- Es complementaria.
- Forma un giro helicoidal dextrógiro o levógiro.

La asociación entre las dos cadenas es antiparalela; es decir, el extremo 5' de una se asocia con el extremo 3' de la otra. Las dos cadenas son complementarias; las bases nitrogenadas de una de las cadenas del ADN se unen mediante puentes de hidrógeno a las bases nitrogenadas de la otra cadena, de manera que A siempre se une a T, y G a C. Por lo tanto, la secuencia de nucleótidos de una cadena define y complementa la secuencia de nucleótidos en la otra. Una cadena de la doble hélice del ADN siempre es el complemento de la otra. Los pares de bases se mantienen unidos mediante dos enlaces de hidrógeno entre A y T, y tres enlaces de hidrógeno entre G y C. El apareamiento específico de bases entre las cadenas de ADN sustenta las llamadas reglas de Chargaff: en cualquier muestra de ADN de cadena doble, la cantidad de A es igual a la cantidad de T, la cantidad de G es igual a la de C, y la cantidad de purinas es igual a la de pirimidinas.

f. ¿Qué tipo de unión química presentan los nucleótidos de 2 cadenas complementarias de un ADN? ¿Qué ocurriría si las mismas fuesen uniones más “fuertes” como las covalentes?

Se unen mediante enlaces fosfodiéster. Si fuesen uniones más fuertes se debería aplicar otra forma de unión.

2. **OBSERVE LA IMAGEN A CONTINUACIÓN Y, AL LADO DE LA MISMA, DIBUJE UNA CADENA COMPLEMENTARIA EN LA QUE SE PUEDAN MANIFESTAR LAS PROPIEDADES “ANTIPARALELA” Y “COMPLEMENTARIEDAD” DE LA ESTRUCTURA MOLECULAR SECUNDARIA DEL ADN.**



TEMA: ADN – CONDENSACIÓN Y EMPAQUETAMIENTO

1) TENIENDO EN CUENTA LA LECTURA DEL MATERIAL BIBLIOGRÁFICO ENTREGADO, REALICE LAS SIGUIENTES ACTIVIDADES:

a) Extraiga las principales características del cromosoma vírico y bacteriano. Organícenlas paralelamente para visualizar sus diferencias y describa y compare las mismas, a través de un cuadro comparativo.

NO HACER

b) ¿A qué se debe la complejidad del ADN eucariótico en relación al de los virus y bacterias?

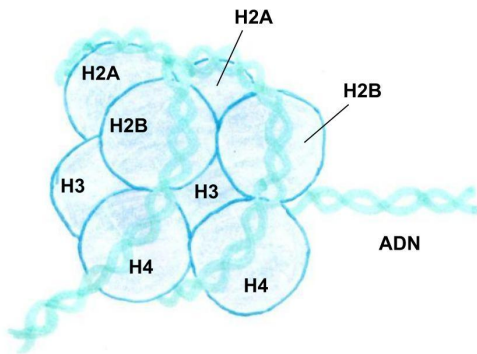
NO HACER

c) ¿Cómo está compuesta la cromatina? ¿Qué beneficios conlleva que la misma se asocia a proteínas específicas?

Compuesta por ADN descondensado y asociado a nucleoproteínas llamadas histonas (H1, H2A, H2B, H3, H4). Los beneficios son: dar origen y forma a los cromosomas.

d) ¿Cómo se denominan las proteínas asociadas al ADN eucariótico? Nombre y describa las mismas. Luego dibújelas. ¿Qué ventajas conlleva el hecho de que se agrupen formando octámeros en el proceso de condensación del ADN?

Se las denomina como histonas. Son proteínas con carga positiva a pH fisiológico, debido a su alto contenido en aminoácidos básicos, como la lisina y la arginina. Esta propiedad les permite asociarse a la molécula de ADN de carga negativa. Existen cinco tipos de histonas: H1, H2A, H2B, H3 y H4.



Forman una nueva estructura llamada nucleosoma. Los diferentes fragmentos de ADN presentes en el núcleo se asocian a diversos octámeros y forman una cadena de nucleosomas conocida como “collar de perlas”, permite que el ADN se “enrolle” a modo de ovillo, permitiendo la condensación del mismo.

e) **Identifique y describa cada uno de los niveles de empaquetamiento del ADN.**

Cromatina: ADN descondensado que se asocia a nucleoproteínas (histonas). Es el menor grado de condensación del ADN. La cromatina puede encontrarse activa de forma transcripcional, por lo que se descompacta y entonces recibe el nombre de **euromatina**. La cromatina inactiva se encuentra en su forma compacta y se la conoce como **heterocromatina**.

Nucleosoma: Las histonas H1, H2A, H2B y H4 se agrupan formando tetrámeros, luego se unen a otro tetrámero formando un octámero de histonas. Un segmento de ADN de doble cadena se enrolla dando 1.6 vueltas al octámero para formar una estructura llamada **nucleosoma**. Los diferentes fragmentos de ADN presentes en el núcleo se asocian a diversos octámeros y forman una cadena de nucleosomas conocida como “collar de perlas”. Entre cada nucleosoma se encuentra la proteína H1.

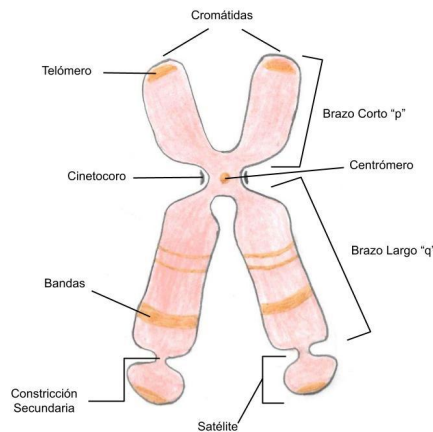
Solenoid: Los nucleosomas se compactan para formar un polinucleosoma de seis unidades mediante interacciones entre las H1 de cada nucleosoma, lo que genera una estructura más compacta, forma una hebra de 30 nm.

Asas cromáticas: La fibra de 30 nm se pliega y condensa aún más, formando estructuras de asas amplias superenrolladas, las cuales se anclan sobre proteínas de andamiaje y dan lugar una hebra de 300 nm de grosor.

Cromosoma condensado: Las asas cromáticas se compactan y forman un cromosoma condensado de 700 nm de espesor visible durante la interfase.

Cromosomas mitóticos: Las cromátides hermanas visibles en la mitosis representan la última etapa de la organización del ADN y llegan a medir 1 400 nm de grosor.

f) Una vez formado los cromosomas, dibuje y describa cada una de las partes que lo forman.



Centrómero: También se conoce como constricción primaria. Es una región estrecha del cromosoma que lo divide en brazo corto y brazo largo. En ella se unen las cromátides hermanas (cada una de las hebras de ADN duplicadas). Es esencial para la distribución de los cromosomas durante la división celular.

Telómeros: Corresponden a la porción terminal de los cromosomas que, si bien morfológicamente no se distinguen, cumplirían con la función específica de impedir que los extremos cromosómicos se fusionen, manteniendo así la estabilidad de la estructura cromosómica necesaria para la replicación completa de cada cromosoma, y la segregación (separación) correcta de las cromátides hermanas.

Construcciones Secundarias: En algunos cromosomas puede observarse un segundo estrechamiento llamado constricción secundaria. Se encuentran en regiones específicas de determinados cromosomas.

Satélites: Se trata de unas zonas redondeadas unidas al resto del cromosoma por una constricción secundaria de longitud variable (figura 2.8). Sólo están presentes en un determinado tipo de cromosomas (acrocéntricos), aunque no todos los cromosomas acrocéntricos muestran satélites, varía de una persona a otra.

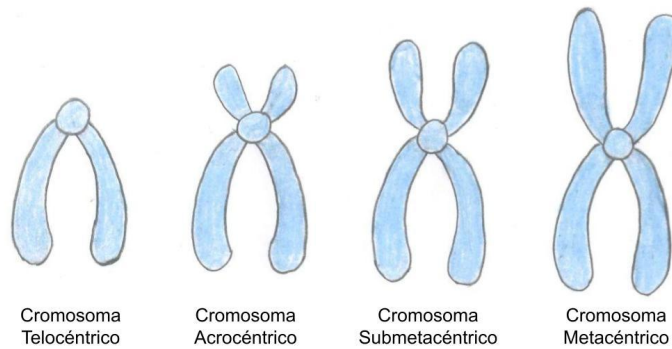
Cromátidas Hermanas: Una cromátida es cada una de las dos mitades idénticas de un cromosoma duplicado. Durante la división celular, en primer lugar se duplica el cromosoma para que cada una de las células hijas reciban una dotación cromosómica completa.

Brazos del cromosoma: Consisten en dos brazos separados por un estrechamiento denominado centrómero. Al brazo largo se le designa como brazo "q" y al brazo corto como brazo "p".

Cinetocoros: Es una estructura proteica situada sobre los cromosomas superiores. Sobre esta estructura se anclan los microtúbulos del huso mitótico durante los procesos de división celular (meiosis y mitosis). El cinetocoro está localizado en una zona específica del cromosoma, el centrómero. Los cinetocoros inician, controlan y supervisan los llamativos movimientos de los cromosomas durante la división celular.

Bandas: Cada una de las franjas claras u oscuras que exhiben una configuración característica y aparecen cuando se usan diferentes técnicas de laboratorio para teñir los cromosomas en una etapa concreta de la división celular y luego se observan al microscopio.

g) Según la posición del centrómero, ¿Cómo se clasifican? Describa cada uno y representelos mediante un dibujo.



Metacéntricos: Son aquellos cromosomas en los que el centrómero está situado en una posición central, en ellos los brazos p y q son del mismo tamaño. Son cromosomas metacéntricos: 1, 3, 16, 19 y 20.

Submetacéntricos: Son los cromosomas que tienen el centrómero en una posición ligeramente fuera del centro; el brazo p es de mucha menor longitud que el brazo q. Son cromosomas submetacéntricos los cromosomas 2, 4-12, 17-18 y el X.

Acrocéntricos: Son cromosomas cuyo centrómero se halla casi en la parte superior del cromosoma. No tienen brazos cortos o son muy pequeños. Son cromosomas acrocéntricos los cromosomas 13, 14, 15, 21, 22 y el Y.

Telocéntricos: Cuando el centrómero está más cerca de un extremo, dando dos brazos muy desiguales.

h) ¿A qué le llamamos cromosomas homólogos? ¿Y qué son las cromátidas hermanas?

Los **cromosomas homólogos** son muy similares entre ellos y tienen el mismo tamaño y forma. Sobre todo, portan el mismo tipo de información genética: es decir, tienen los mismos genes en los mismos lugares. Sin embargo, no tienen necesariamente las mismas versiones de los genes. Eso es porque puedes haber heredado dos versiones diferentes de genes de tu mamá y de tu papá.

Las dos copias de un cromosoma se llaman **cromátidas hermanas**. Las cromátidas hermanas son idénticas y están unidas una con la otra por proteínas llamadas cohesinas. La unión entre las cromátidas hermanas es más fuerte en el centrómero.

i) Defina: Cariotipo – Ideograma – Locus – Locci – Alelo.

Cariotipo: Un cariotipo es la colección de cromosomas de un individuo. El término también se refiere a una técnica de laboratorio que produce una imagen de los cromosomas de un individuo. El cariotipo es utilizado para buscar números o estructuras anormales de los cromosomas.

Ideograma: Un ideograma es la representación esquemática del tamaño, forma y patrón de bandas de todo el complemento cromosómico, los cromosomas se sitúan alineados por el centrómero, y con el brazo largo siempre hacia abajo.

Locus: Un locus, en relación con la genómica, es un sitio o ubicación física en un genoma (como un gen u otro segmento de ADN de interés), algo así como una dirección.

Locci: Es el plural de Locus

Alelo: Un alelo es una de dos o más versiones de una secuencia de ADN (una base única o un segmento de bases) en una ubicación genómica determinada. Las personas heredan dos alelos, uno de cada progenitor, para cualquier ubicación genómica dada donde existe dicha variación. Si los dos alelos son iguales, la persona es homocigota para ese alelo. Si los alelos son diferentes, la persona es heterocigota.

j) Considerando que no todos los organismos poseemos la misma dotación cromosómica, y teniendo en cuenta conceptos ya vistos, complete las siguientes oraciones:

1. El ser humano presenta una dotación cromosómica haploide de 46 cromosomas
2. El ser humano presenta una dotación cromosómica diploide de 46 cromosomas, que es lo

mismo que decir **23** pares.

3. De los 46 cromosomas que presenta el humano, **22 pares** se los denominan autosomas; mientras que **1 par** son cromosomas sexuales.
4. Los cromosomas sexuales son quienes determinan el sexo en los individuos; por lo tanto XX en **en las mujeres** y XY en **los hombres**

Tema: Ácidos Nucleicos: ARN.

1. EXPLIQUE QUÉ ES EL ARN, CUÁL ES SU ESTRUCTURA Y QUÉ SIMILITUDES Y DIFERENCIAS PUEDE ENCONTRARSE CON EL ADN.

Es el ácido nucleico más abundante en la célula eucariota, donde suele ser 10 veces más abundante que el ADN.

Estructura primaria: Al igual que en el ADN la estructura primaria del ARN está determinada por secuencia lineal de sus ribonucleótidos, que se escriben siempre en dirección 5'-3'.

Estructura secundaria: Está dada por el apareamiento de secuencias complementarias en la misma cadena de ARN o por asociaciones intercatenarias, en el caso de ARN de doble cadena de ciertos virus.

Estructura terciaria: No siempre se forma, solo surge cuando las condiciones celulares propician la interacción entre bases nitrogenadas de diferentes regiones de una misma molécula de ARN.

En cuanto a su estructura tres características diferencian al ARN del ADN:

1-El ARN suele ser monocatenario (una sola cadena).

2-Contiene uracilo en lugar de timina.

3-La pentosa que constituye a sus nucleótidos es la ribosa, en lugar de la 2-desoxirribosa del ADN (la presencia del grupo hidroxilo en el C2' de la ribosa provoca que el ARN sea una molécula químicamente inestable).

2. ¿CUÁL ES LA RAZÓN POR LA CUAL LA MOLÉCULA DE ARN MANIFIESTA ESTRUCTURA MOLECULAR SECUNDARIA? ¿CUÁL ES LA CAUSA POR LA QUE SE GENERAN “LOOPS” CUANDO ESTA CADENA LOGRA LA ESTRUCTURA SECUNDARIA?

Se manifiesta por el apareamiento de secuencias complementarias en la misma cadena de ARN (asociación intracatenaria parcial) o por asociaciones intercatenarias, en el caso de los ARN de doble cadena de ciertos virus. Esto da origen a las estructuras de pasador, en las cuales parte de la cadena de ARN es complementaria y origina puentes de hidrógeno entre ésta y la parte no complementaria originando un “loop”.

3. EXPLIQUE, CON SUS PALABRAS, CÓMO ES POSIBLE QUE UNA MOLÉCULA DE ARN MANIFIESTA ESTRUCTURA TERCIARIA. ¿CUÁL ES EL PRINCIPAL EJEMPLO EN NUESTRAS CÉLULAS? ¿EN QUÉ PROCESO INTERVIENE?

La estructura terciaria se forma solamente en algunas ocasiones, es el resultado del apilamiento de bases y de los enlaces de hidrógeno entre diferentes partes de la molécula de ARN. El ejemplo sería el **ARNr**, sus estructuras secundaria y terciaria presentan un plegamiento complejo que le permite asociarse tanto a las proteínas de los ribosomas como a otros ARNr y participar en el **proceso de síntesis proteica**.

4. NOMBRE Y DESCRIBA LOS TIPOS DE ARN QUE EXISTEN Y LAS FUNCIONES Y/O PROCESOS EN LOS QUE INTERVIENE CADA UNO.

- **ARN heterogéneo nuclear:** En el núcleo de las células eucariotas actúa como precursor de los demás tipos de ARN que se encuentran en el citoplasma. En las células procariotas, el transcrito primario actúa directamente como molde para la síntesis de proteínas, sin necesidad de maduración o modificaciones postranscripcionales.
- **ARN mensajero (ARNm):** El ARNm sirve de molde para la síntesis de proteínas en el proceso de traducción, ya que contiene la información génica para la formación de uno o varios polipéptidos.
- **ARN ribosomal (ARNr):** El ARNr forma parte de los ribosomas. Sus estructuras secundaria y terciaria presentan un plegamiento complejo que le permite asociarse tanto a las proteínas de los ribosomas como a otros ARNr y participar en el proceso de síntesis proteica.
- **ARN de transferencia (ARNt):** Las moléculas de ARNt tienen entre 75 y 90 nucleótidos. Éstos intervienen en la síntesis de proteínas.
- **ARN pequeño nuclear (ARNsn):** Es el ARN presente en el núcleo eucariota y está implicado en los procesos de maduración del ARNhn. En este proceso, el ARNsn se asocia a proteínas, formando las ribonucleoproteínas pequeñas nucleares (RNPsn) que se encargan de eliminar intrones.
- **Enzimas de ARN (ribozimas):** Estos ácidos ribonucleicos funcionan como catalizadores biológicos.

