

DOGMA CENTRAL DE LA BIOLOGÍA MOLECULAR

Comprende los procesos anabólicos de:

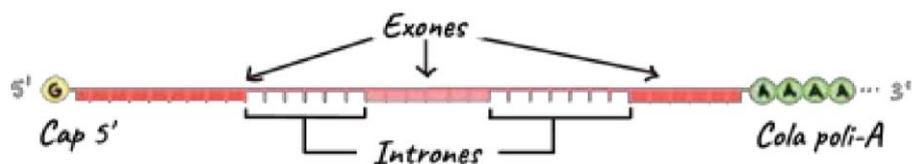
- *Replicación del ADN*
- *Transcripción*: síntesis de ARNm a partir del ADN
- *Transcripción inversa o retrotranscripción*: síntesis de ADN a partir de ARN
- *Replicación de ARN*
- *Traducción*: síntesis de proteínas a partir de ARNm



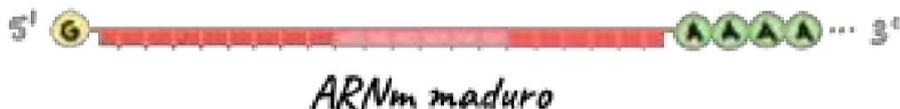
Transcripción

Es la síntesis de ARNm a partir de una hebra de ADN. Tiene lugar en el núcleo de la célula.

- *Iniciación*: ARN polimerasa separa hebras de ADN
- *Elongación*: se sintetiza ARNm en sentido 5' → 3', a partir de una hebra de ADN. Durante esta fase, tiene lugar el capping, que es la adición de una caperuza o casquete de guanina metilada en el extremo 5' para protegerlo de su degradación
- *Finalización*: se añade cola de poli-A (múltiples adeninas)



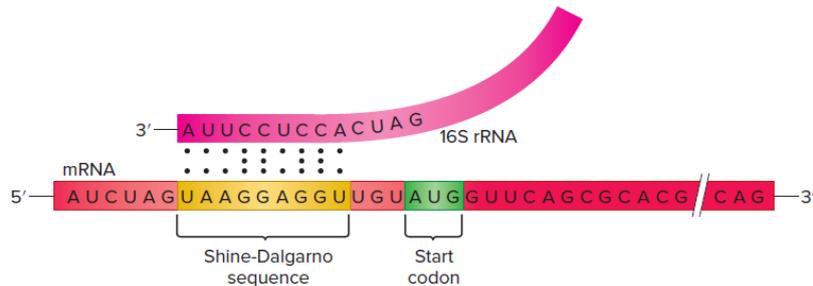
- *Maduración ARNm*: eliminación de intrones



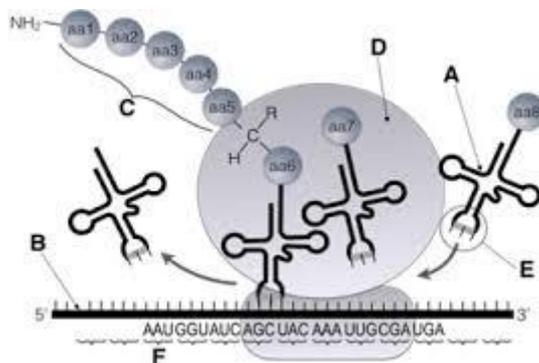
Traducción

Es la síntesis de proteínas a partir del ARNm maduro que sale del núcleo celular, y tiene lugar en los ribosomas del retículo endoplasmático rugoso.

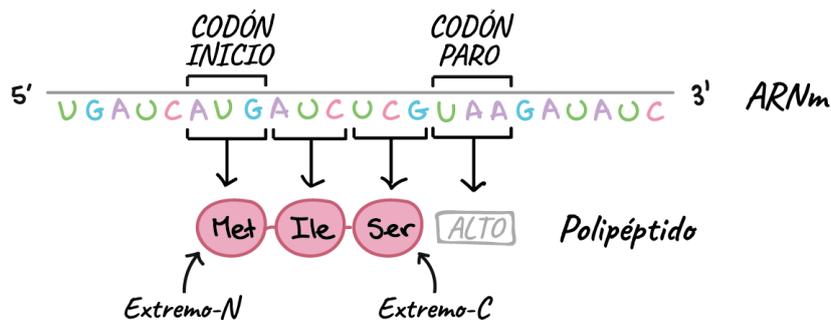
- *Iniciación*: próximos a la caperuza 5', se encuentra la secuencia de Shine-Dalgarno, que permite la unión del ARNm con el ribosoma, y el codón AUG de iniciación, que codifica la metionina, por lo que será el primer aminoácido que llegue a la secuencia. Para ello, un ARNt con anticodón UAC (complementario a AUG), llega al ribosoma con la metionina.



- *Elongación de la cadena peptídica*: Posteriormente, se siguen leyendo codones, y van llegando ARNt que encajan su anticodón complementario, y portan el aminoácido correspondiente según el codón del ARNm, de forma que se van uniendo formando una cadena polipeptídica.

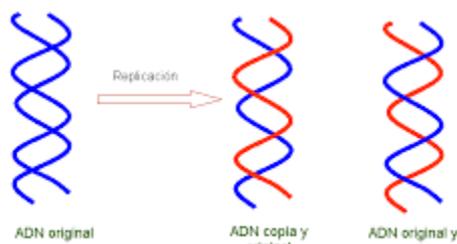


- *Fin de síntesis*: cuando aparece en el ARNm un codón de terminación (UAA, UAG, UGA).

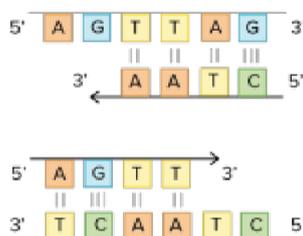


Replicación del ADN

Es un proceso *semiconservativo*: se obtienen dos copias del ADN, y cada copia tiene una hebra de la copia original, y otra hebra sintetizada en la replicación.

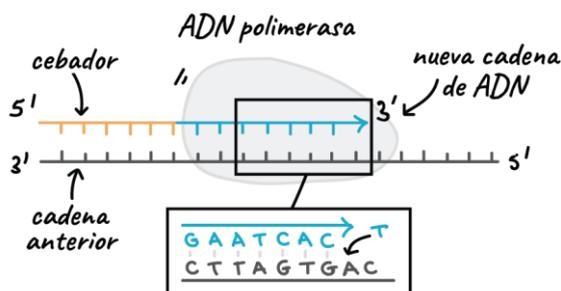


Es un proceso *bidireccional*: las hebras del ADN original se separan, y a partir de ellas, se sintetizan nuevas hebras en direcciones opuestas.



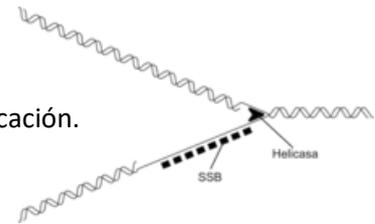
Intervienen varias enzimas:

- **ADN POLIMERASA III**: enzimas que van añadiendo nucleótidos uno a uno a las cadenas que se sintetizan a partir de las hebras originales. No pueden empezar de cero, sino que necesitan un fragmento corto de nucleótidos llamado cebador. Pueden corregir la cadena, reparando los nucleótidos que se agregan mal a la misma. Sintetizan en sentido $5' \rightarrow 3'$, ya que la lectura se hace en sentido $3' \rightarrow 5'$.



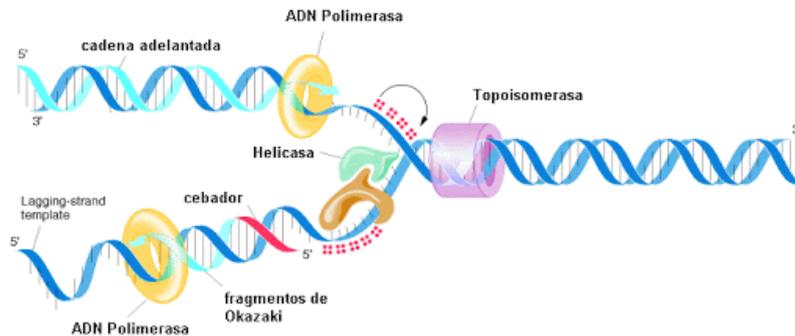
- **ADN PRIMASA**: enzima que sintetiza pequeños fragmentos de 10 nucleótidos de ARN, llamados cebadores.
- **ADN POLIMERASA I**: enzimas que reemplazan finalmente los cebadores de ARN por fragmentos de ADN.
- **ADN-LIGASA**: une fragmentos de ADN tras eliminar los cebadores y también los fragmentos de Okazaki
- **HELICASAS**: separan las hebras de ADN rompiendo los puentes de hidrógenos que las unen, para que pueda replicarse. Permiten abrir una horquilla de replicación.
- **TOPOISOMERASAS**: actúan enrollando o desenrollando el ADN. Impiden que se enrolle durante la replicación.

- **PROTEÍNA SSB:** evitan el auto apareamiento entre las bases complementarias de la cadena en la horquilla de replicación.



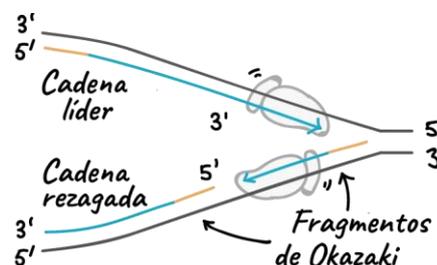
Pasos:

- **Iniciación:** Se forma la horquilla de replicación, de forma que la molécula de ADN se abre como una cremallera, por ruptura de los puentes de hidrógeno entre las bases complementarias en puntos determinados: los orígenes de replicación. Se forman por acción de helicasas y topoisomerasas.



- a) **Elongación:** A partir de cada hebra, se sintetizan dos nuevas hebras complementarias, gracias a las ADN polimerasas, de manera distinta:

- **Hebra líder/adelantada/conductora:** se sintetiza de forma continua, acercándose a la horquilla, a partir de una hebra molde en su extremo 3'.
- **Hebra retardada/rezagada:** se sintetiza en sentido contrario, a partir de una hebra molde en su extremo 5', pero no de manera no continua, sino en pequeños fragmentos de entre 100 y 200 nucleótidos (fragmentos de Okazaki), que posteriormente se van enlazando. Se van formando varios primers de ARN y entre ellos se sintetizan los fragmentos de Okazaki. Posteriormente, una enzima exonucleasa remueve los primers y las ligasas unen los fragmentos.



- b) **Terminación:** las ADN polimerasas I reemplazan los cebadores (ARN) por ADN, y las ligasas van uniendo fragmentos de ADN, cebadores, y fragmentos de Okazaki en la cadena rezagada. Al final, cada cadena nueva queda enlazada con una cadena antigua, recuperando su forma helicoidal característica cada una, por lo que la replicación se completa de modo semiconservativo.