

BLOQUE I

2. Explica brevemente los aspectos estructurales del modelo de Watson y Crick de la molécula de ADN. ¿Cómo se encuentra codificada la información genética?

Solución:

El modelo de la doble hélice del ADN, propuesto por Watson y Crick en 1953, abrió el camino hacia la comprensión de cómo podría desempeñar esta molécula sus funciones, almacenando y transfiriendo la información genética.

El modelo propone los siguientes aspectos estructurales:

- La existencia de dos cadenas polinucleotídicas *dextrógiras* arrolladas en forma de hélice alrededor de un mismo eje constituyendo así una **doble hélice**. Ambas cadenas o hebras son **antiparalelas**, es decir, sus puentes fosfodiéster 3'-5' internucleotídicos van en direcciones opuestas, una va en sentido 3' → 5' y la otra en sentido 5' → 3'.
- Las bases púricas y pirimidínicas de cada una de las cadenas o hebras están apiladas en el interior de la duplohélice, con sus planos paralelos entre sí, y perpendiculares al eje de la doble hélice. Las bases de una cadena están apareadas mediante puentes de hidrógeno con las bases de la otra cadena. Los pares permisibles son A-T y G-C.
- Las dos cadenas antiparalelas de la duplohélice no son idénticas en secuencia ni en composición. En vez de ello, son **complementarias** entre sí (siempre que en una cadena hay A, en la otra T, y viceversa).
- Las bases se hallan apiladas a una distancia de 0,34 nm de centro a centro, o lo que es lo mismo, es la distancia que separa cada par de bases. En cada vuelta completa de la duplohélice hay exactamente 10 nucleótidos, lo que corresponde a la distancia secundaria repetida de 3,4 nm. La doble hélice tiene unos 2,0 nm de diámetro.
- Las bases relativamente hidrófobas están situadas en el interior de la hélice y los restos polares del azúcar y grupos fosfato cargados negativamente están en la periferia, expuestos al agua, formando el esqueleto externo de la duplohélice.
- La duplohélice resulta estabilizada no sólo por puentes de hidrógeno entre los pares de bases complementarias, sino también por interacciones electrónicas entre las bases apiladas, así como por acciones hidrófobas recíprocas.

Cuando Watson y Crick propusieron en 1953 la hipótesis de la estructura molecular en doble hélice del ADN, surgieron una hipótesis para explicar cómo se encuentra codificada la información genética. Según ésta, la información genética está contenida en la secuencia de los nucleótidos (A, T, G, C) de la molécula de ADN que determina la secuencia de los aminoácidos en las proteínas.

El *código genético* establece la relación que existe entre la secuencia de nucleótidos de los genes y la secuencia de aminoácidos de las proteínas, es decir, la relación existente entre la estructura primaria de ambos tipos de biomoléculas. El proceso que llevó al desciframiento del código parte de la “hipótesis de la colinearidad” enunciada por *Beadle* y *Tatum* en 1948 según la cual un gen codifica la formación de un enzima, es decir, de una cadena polipeptídica.

Asimismo, el modelo de la doble hélice propuesto por Watson y Crick propone una hipótesis para explicar el mecanismo de replicación de la molécula de ADN. La hipótesis denominada “*hipótesis semiconservativa*” sugiere que la molécula de ADN se escinde en sus dos cadenas y cada una de ellas dirige la síntesis de su complementaria, formándose dos moléculas idénticas, con una hebra antigua y una hebra nueva cada una.