

Los ácidos nucleicos, estructura y función

Algo de historia

“Hemos encontrado el secreto de la vida”, se escuchó un 28 de Febrero de 1953 en el bar The Eagles, en Inglaterra. Esta frase fue la conclusión de un largo trabajo de un equipo de científicos en Cambridge que estaba dedicado a averiguar la estructura de la molécula de ADN. El biólogo estadounidense James Watson y el físico inglés Francis Crick, que trabajaban en el Laboratorio Cavendish de Cambridge, se habían especializado en el empleo de los rayos X para deducir la estructura de las moléculas biológicas. Sin embargo, hasta ese momento los resultados que se obtenían eran muy imprecisos. Los científicos suponían que la molécula de ADN era helicoidal, incluso habían demostrado matemáticamente que, si realmente tenía esa forma, en las fotografías de la difracción de los rayos X aparecería reflejada como una cruz. Esta premisa fue confirmada al observar la fotografía obtenida por la científica británica Rosalind Franklin (ver Cuaderno Nº 65).

Paralelamente, el químico de Cambridge Alexander Tood, había completado el análisis del ADN, que demostraba que la estructura estaba formada por unas largas cadenas de azúcar y fósforo unidas por unas moléculas planas o bases que contenían carbono y nitrógeno (bases nitrogenadas: adenina, guanina, timina y citosina).

Además, contaron con la información del descubrimiento del bioquímico americano Erwin Chargaff que había demostrado que, en cada muestra de ADN la cantidad de la base adenina era la misma que la de timina, mientras que la de guanina se correspondía con la de citosina. Con todos estos datos, Watson y Crick comenzaron a construir modelos (ver Actividades de Cuaderno Nº 50), hasta que finalmente encontraron el que se correspondía con las investigaciones previas: el modelo de doble hélice del ADN. Dos meses más tarde, el descubrimiento fue publicado en la prestigiosa revista científica *Nature*.

El conocimiento de la estructura del ADN abrió el camino a nuevas áreas de investigación dentro de la biología. Aparte de sus innumerables repercusiones en bacteriología y en virología (permitió establecer cómo los virus infectan las células), hay que resaltar su contribución a la ingeniería genética (ver Cuaderno Nº4).

¿Qué son los Ácidos nucleicos?

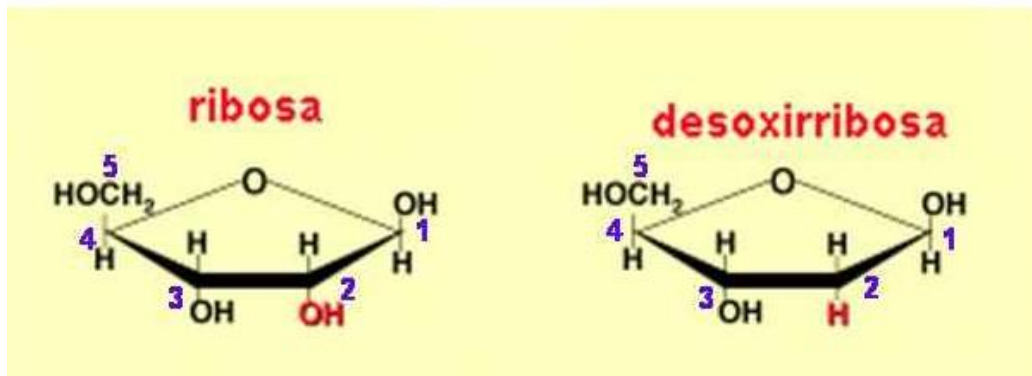
Tanto el ADN como el ARN pertenecen a un tipo de moléculas llamadas “ácidos nucleicos”. El descubrimiento de estos ácidos se debe al investigador Friedrich Meischer (1869), el cual investigaba los leucocitos y espermatozoides de salmón, de los cuales obtuvo una sustancia rica en carbono, hidrógeno, oxígeno, nitrógeno y un porcentaje elevado de fósforo. Por encontrarse dentro del núcleo, llamó a esta sustancia *nucleína*.

Años más tarde, se encontró que tenía un componente proteico y un grupo prostético (no proteico). Debido a que este último es de carácter ácido, a la nucleína se la pasó a llamar **ácido nucleico**.

La estructura de los ácidos nucleicos

Los ácidos nucleicos son biopolímeros formados a partir de unidades llamadas *monómeros*, que son los nucleótidos. Durante los años 20, el bioquímico P.A. Levene analizó los componentes del ADN. Encontró que los nucleótidos se forman a partir de la unión de:

a) **Un azúcar de tipo pentosa** (cinco átomos de carbono). Puede ser D-ribosa en el ARN, o D-2-desoxirribosa, en el ADN.

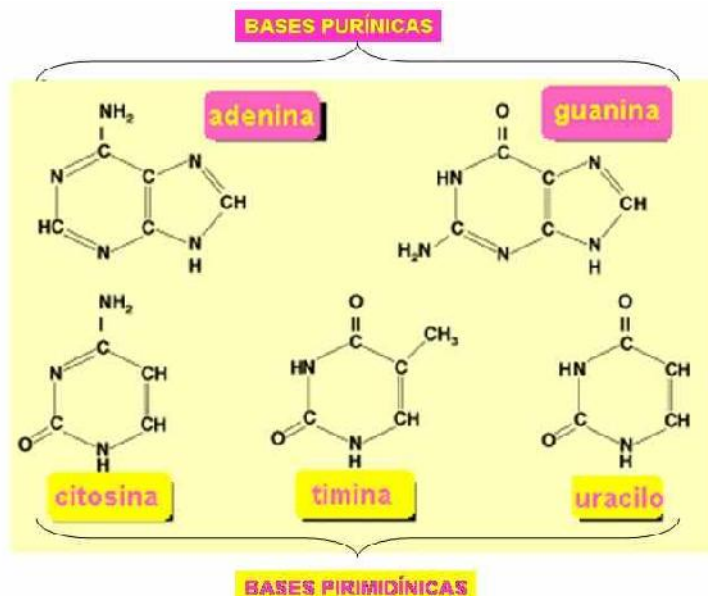


Adaptado de <http://www.arrakis.es/~lluengo/biologia.html>

En este esquema se muestra la estructura química de los dos tipos de azúcares que forman el ADN y ARN. La diferencia entre ambas, radica en la presencia de un grupo hidroxilo o alcohol (-OH) en la ribosa o un hidrógeno (-H) en la desoxirribosa, unidos al Carbono 2. Los números indican la posición de cada uno de los cinco carbonos de la molécula de azúcar.

b) **Una base nitrogenada.** Son compuestos orgánicos cíclicos, que incluyen dos o más átomos de nitrógeno y son la parte fundamental de los ácidos nucleicos. Biológicamente existen cinco bases nitrogenadas principales, que se clasifican en dos grupos:

- Las **Bases Purínicas**, derivadas de la estructura de las Purinas (con dos anillos): la Guanina (G) y la Adenina (A). Ambas bases se encuentran tanto en el ADN como el ARN.
- Las **Bases Pirimidínicas**, derivadas de la estructura de las Pirimidinas (con un anillo): la Timina (T), Citosina (C) y Uracilo (U). La timina sólo se encuentra en la molécula de ADN, el uracilo sólo en la de ARN y la citosina, en ambos tipos de macromoléculas.



Adaptado de: <http://www.arrakis.es/~lluengo/biologia.html>

Esquema de los cinco tipos de bases nitrogenadas presentes en los ácidos nucleicos. Las mismas se encuentran divididas en dos grupos según su estructura química: las purinas y las pirimidinas.

c) **Ácido fosfórico**, que en la cadena de ácido nucleico une dos pentosas a través de una unión fosfodiéster.

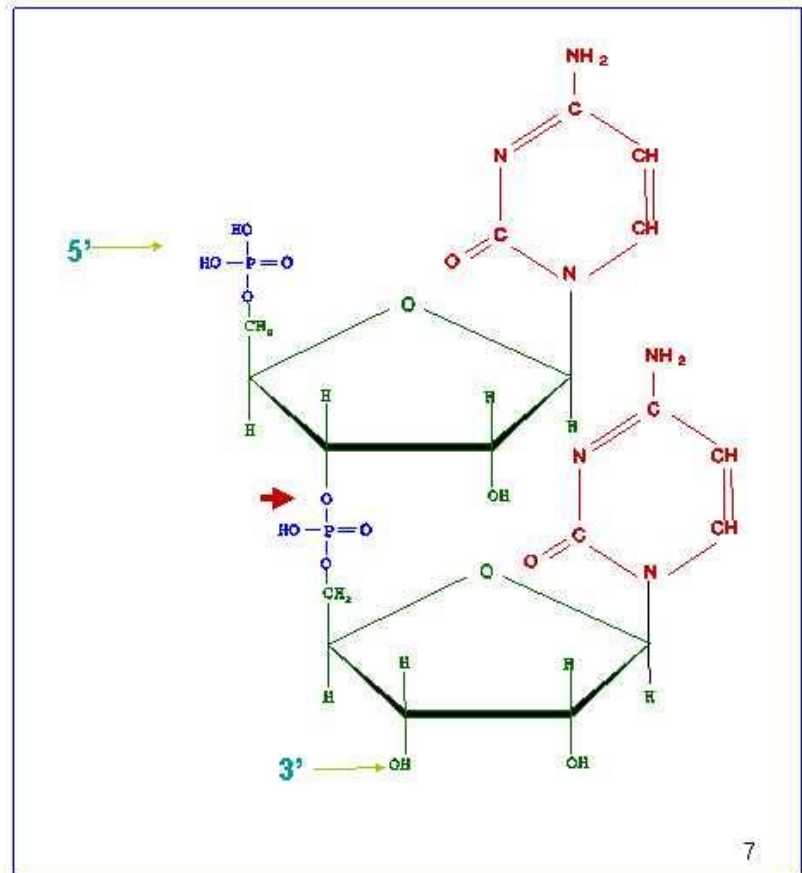
ENLACE FOSFOÉSTER ENTRE NUCLEÓTIDOS

Dos nucleótidos van a poder unirse entre sí mediante un enlace **ésterfosfato** (fosfoéster).

Este enlace (**flecha roja**) se forma entre un OH del ácido fosfórico de un nucleótido y el OH (hidroxilo) del carbono número 3 del azúcar del otro nucleótido con formación de una molécula de agua.

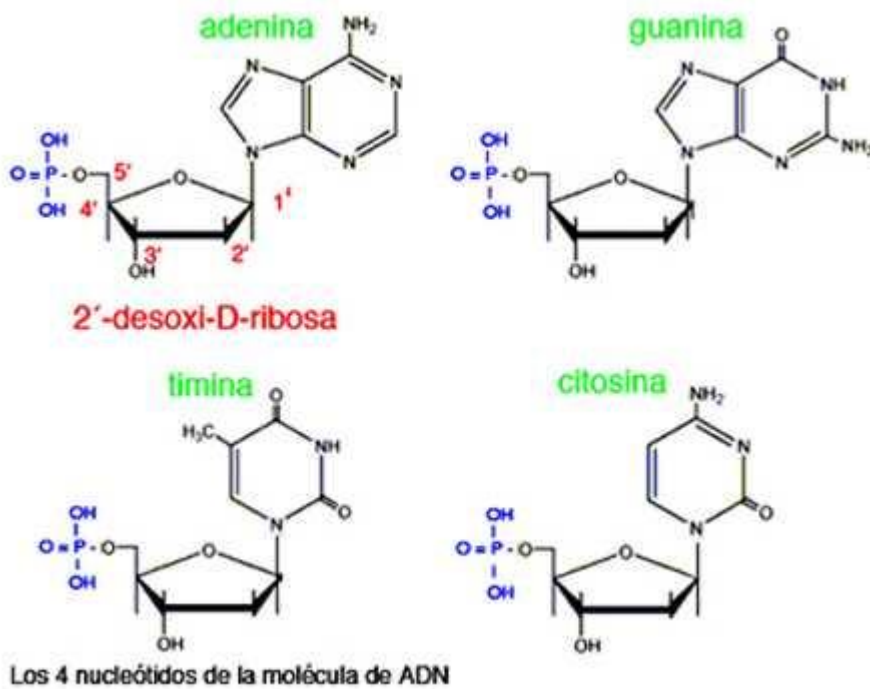
La unión de otros nucleótidos dará lugar a un **polinucleótido**.

Los extremos libres 5' y 3' marcan el sentido de la cadena polinucleotídica.



El ácido fosfórico une dos moléculas de azúcar. Esta unión se hace entre el C-3 de una pentosa, con el C-5 de la siguiente.

Entonces, cada nucleótido del ADN tiene la siguiente estructura:

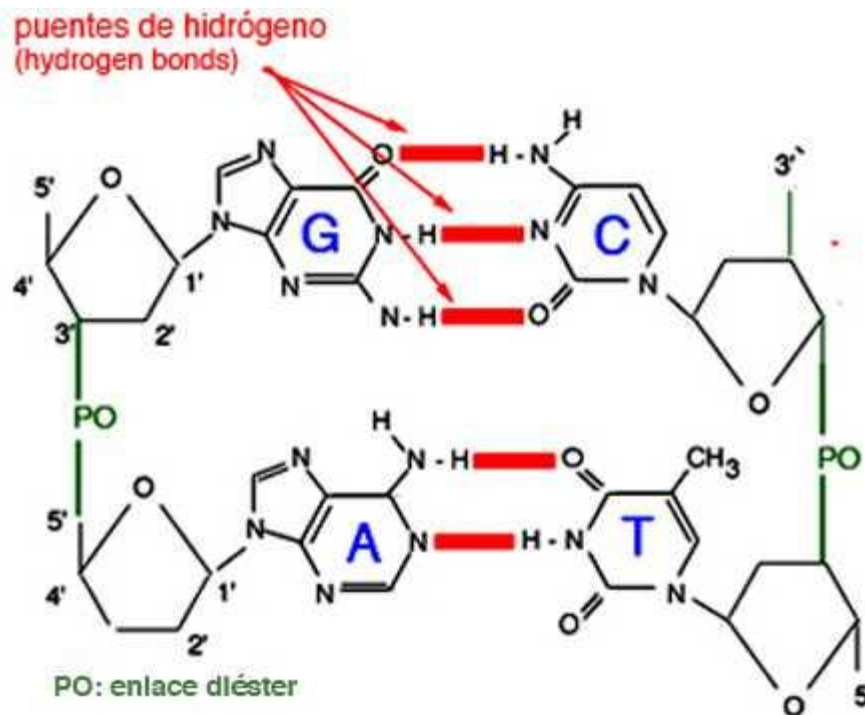


Los nucleótidos monofosfatados están formados por tres componentes: un grupo fosfato unido al azúcar pentosa, mediante una unión de tipo éster (un átomo de O se une a otros dos) en la posición del Carbono 5 del azúcar. A su vez, el azúcar se une a una base nitrogenada en la posición de su Carbono 1. En los ribonucleótidos (del ARN) la pentosa es la D-ribosa, en los desoxirribonucleótidos (del ADN), el azúcar es 2'-desoxi-D-ribosa.

Los nucleótidos se enlazan para formar polímeros: los ácidos nucleicos o polinucleótidos.

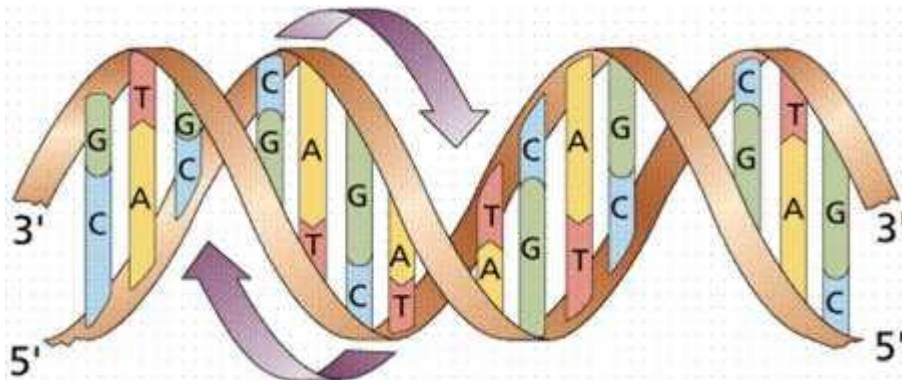
En la estructura de los ácidos nucleicos, las bases nitrogenadas son complementarias entre sí. La adenina y la timina son complementarias (A-T), al igual que la guanina y la citosina (G-C). Dado que en el ARN no existe timina, la complementariedad se establece entre adenina y uracilo (A-U). La complementariedad de las bases es la clave de la estructura del ADN y tiene importantes implicaciones, pues permite procesos como la replicación del ADN y la traducción del ARN en proteínas.

En las hebras enfrentadas A se une con T mediante dos puentes hidrógeno, mientras que G se une con C mediante tres. Entonces, la adhesión de las dos hebras de ácido nucleico se debe a este tipo especial de unión química conocido como *punto de hidrogeno*.



Las uniones puentes de hidrógeno son más débiles que otros enlaces químicos, como interacciones hidrófobas y enlaces de Van der Waals. Esto significa que las dos hebras de la hélice pueden separarse con relativa facilidad, quedando intactas.

Las largas cadenas de nucleótidos se forman por la unión del C5' de la pentosa con el grupo fosfato formando un nucleótido monosfato.

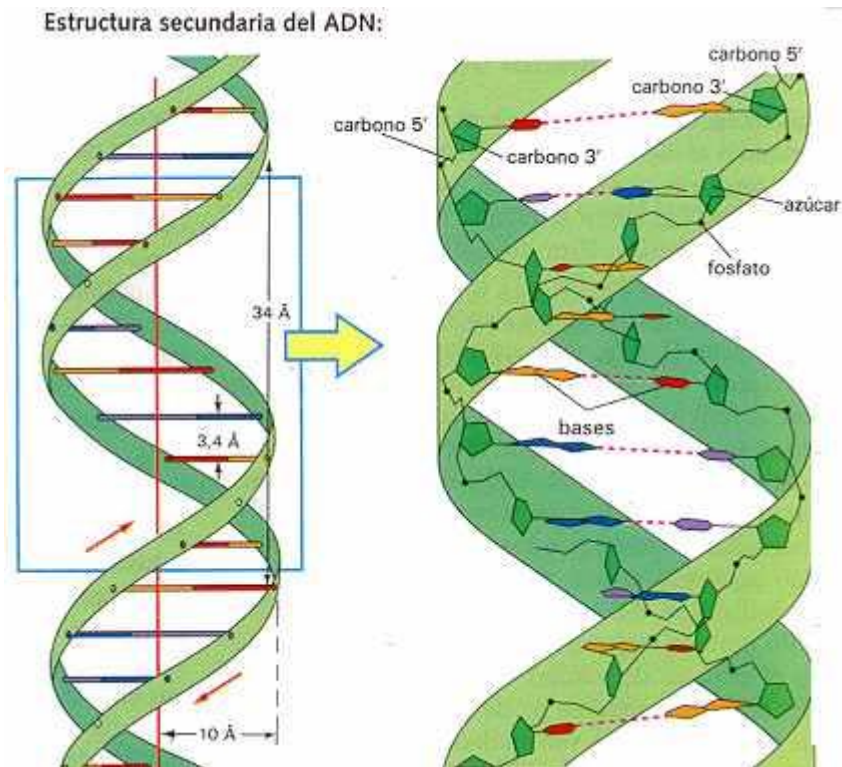


La cadena se va formando al enlazar los fosfatos al C3' de otro nucleótido. Así la cadena tiene un extremo 5' y un extremo 3'.

Las distintas estructuras del ADN

Se pueden definir distintas estructuras que adopta el ADN: primaria, secundaria y terciaria, haciendo una analogía con las estructuras de las proteínas.

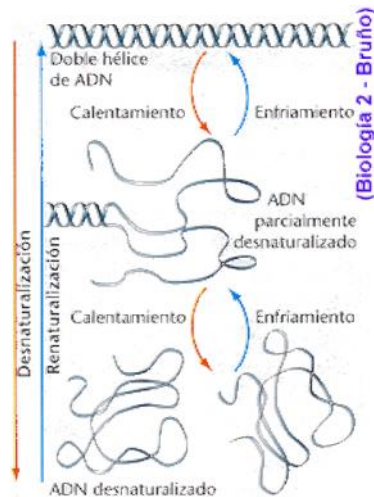
- ✓ **Estructura primaria:** La estructura primaria del ADN está determinada por la secuencia en que se encuentran ordenadas las cuatro bases sobre la "columna" formada por los nucleósidos: azúcar + fosfato. Este orden es lo que se transmite de generación en generación (herencia).
- ✓ **Estructura secundaria:** corresponde al modelo postulado por Watson y Crick: la doble hélice. Las dos hebras de ADN se mantienen unidas por los puentes hidrógenos entre las bases. Los pares de bases están formados siempre por una purina y una pirimidina, que adoptan una disposición helicoidal en el núcleo central de la molécula. En cada extremo de una doble hélice lineal de ADN, el extremo 3'-OH de una de las hebras es adyacente al extremo 5'-P (fosfato) de la otra. En otras palabras, las dos hebras son antiparalelas es decir, tienen una orientación diferente.



<http://www.um.es/molecula/anucl02.htm>

Ambas cadenas están siempre equidistantes, a unos 11 Å una de la otra. Las bases se encuentran a 3,4 Amstrongs unas de otras y con una rotación de 36°, de forma que hay 10 pares de bases por cada vuelta de la hélice (sumando 360°).

Esta estructura secundaria, puede desarmarse por un proceso llamado *desnaturalización* del ADN. Cuando la temperatura alcanza el punto de fusión del ADN, se separan las dos hebras y se produce su desnaturalización. En este proceso se rompen los puentes de hidrógeno que unen las cadenas y se produce la separación de las mismas, pero no se rompen los enlaces fosfodiéster covalentes que forman la secuencia de la cadena.

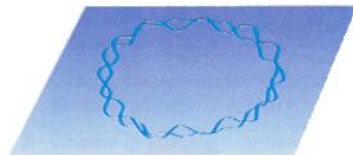


Este es un proceso reversible, ya que al bajar la temperatura se puede producir una *renaturalización*. Cuando una molécula de ADN posee un gran contenido de bases nitrogenadas de tipo C y G (las cuales están unidas por tres puentes de Hidrógeno), las condiciones para la desnaturalización de esa molécula deberán ser más enérgicas, por lo tanto tendrán un punto de fusión mayor.

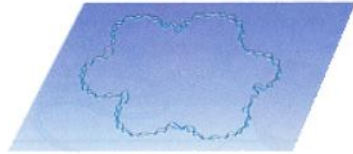


✓ Estructura terciaria: es la forma en que se organiza la doble hélice. En Procariontes, así como en las mitocondrias y cloroplastos eucariotas el ADN se presenta como una doble cadena (de cerca de 1 mm de longitud), circular y cerrada, que toma el nombre de cromosoma bacteriano. El cromosoma bacteriano se encuentra altamente condensado y ordenado (superenrollado). En los virus, el ADN puede presentarse como una doble hélice cerrada, como una doble hélice abierta o simplemente como una única hebra lineal.

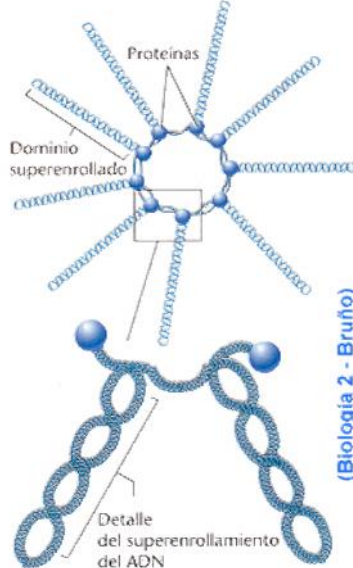
En los Eucariotas el ADN se encuentra localizado en el núcleo, apareciendo superenrollado y asociado con proteínas llamadas *histonas*. Durante la mitosis, en las células eucariotas la cromatina se enrolla formando cromosomas, que son complejas asociaciones de ADN y proteínas.



Doble hélice circular de ADN



Torsiones en la doble hélice



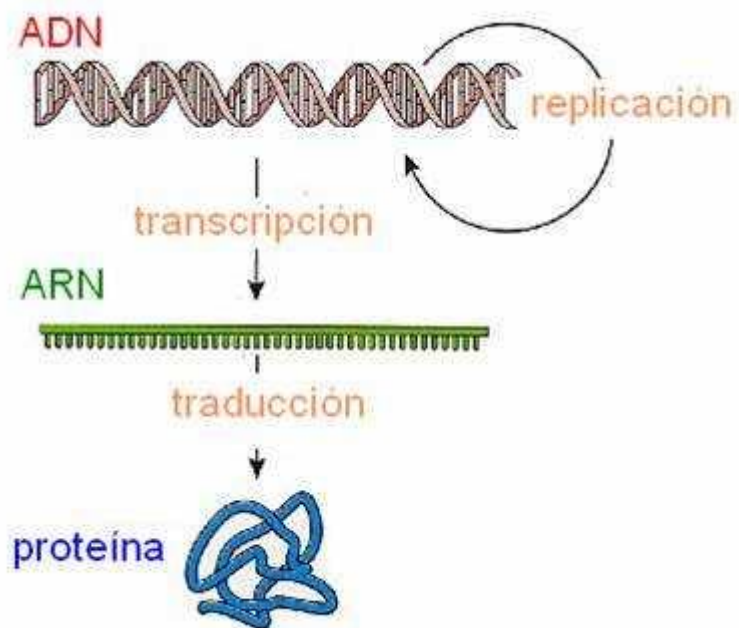
Los distintos tipos de ARN

El ARN se encuentra, en una célula típica, en una cantidad 10 veces mayor que el ADN. El azúcar presente en el ARN es la ribosa. Esto indica que en la posición 2' del anillo del azúcar hay un grupo hidroxilo (OH) libre. Por este motivo, el ARN es químicamente inestable, de forma que en una disolución acuosa se hidroliza fácilmente.

En las células, se encuentran varios tipos de ARN, los cuales poseen distinta función y tamaño. Algunos de ellos, son:

- ✓ **ARN mensajero (ARNm):** Se sintetiza sobre un molde de ADN por el proceso de transcripción. Este ARN pasa al citoplasma y sirve de pauta para la síntesis de proteínas (traducción).
- ✓ **ARN ribosómico (ARNr):** El RNA ribosómico está presente en los ribosomas, orgánulos intracelulares implicados en la síntesis de proteínas. Su función es leer los ARNm y formar la proteína correspondiente.
- ✓ **ARN de transferencia (ARNt):** Son cadenas cortas de una estructura básica, que pueden unirse específicamente a determinados aminoácidos.

Estos tres tipos de ARN están implicados en el pasaje de información del lenguaje de los nucleótidos del ADN al de los aminoácidos de las proteínas, en un proceso conocido como "El dogma central de la biología", que muestra la siguiente figura:



El ADN tiene información para la síntesis de proteínas en el que participa el ARN. Esas proteínas determinan las características de cada organismo y sus funciones.

El ADN como almacén de información

La molécula de ADN es un almacén de información que se transmite de generación en generación, conteniendo toda la información necesaria para construir y sostener el organismo en el que se encuentra.

Las principales implicadas en este proceso son las proteínas. Estas pueden ser *estructurales* como las proteínas de los músculos, cartílagos y pelo o bien *funcionales* como las de la hemoglobina, o la gran cantidad de enzimas del organismo.

La función principal de la herencia es la transmisión del ADN, una especie de receta para la fabricación de proteínas. En ocasiones, la modificación del ADN (mutaciones) provoca un cambio en el funcionamiento de la proteína, que puede resultar beneficioso, perjudicial o intrascendente.

El ADN de un organismo podría clasificarse en dos: el que codifica las proteínas y el que no codifica. En muchas especies de organismos, sólo una pequeña fracción del total de la secuencia del genoma codifica proteínas. Por ejemplo, sólo un 3% del genoma humano consiste en secuencias (conocidas como *exones*) que codifican proteínas. La función del resto no se conoce con certeza hasta el momento, aunque se sabe que algunas secuencias se unen a ciertas proteínas que tienen un papel importante en el control de los mecanismos de transcripción y replicación. Estas secuencias se llaman frecuentemente *reguladoras*, y se están desarrollando muchas investigaciones en esta área ya que sólo se ha identificado una pequeña fracción de ellas. La presencia de esa gran cantidad de ADN no codificante en genomas eucarióticos y las diferencias en tamaño de los genomas representan aún una incógnita que hay que resolver.

El ADN y la biotecnología moderna

Cuando los científicos comprendieron la estructura del ADN, de los genes, y cómo la información que portaban se traducían en funciones o características, comenzaron a buscar la forma de aislarlos, analizarlos, modificarlos y hasta de transferirlos de un organismo a otro para conferirle una nueva característica. Justamente, de eso se trata la *ingeniería genética*, a la que podríamos definir como un conjunto de metodologías que nos permite transferir genes de un organismo a otro, y que dio impulso a la biotecnología moderna. La ingeniería genética permite clonar (multiplicar) fragmentos de ADN y expresar genes (producir las proteínas para las cuales estos genes codifican) en organismos diferentes al

de origen. Así, es posible obtener proteínas de interés en organismos diferentes del original del cual se extrajo el gen, mejorar cultivos y animales, producir fármacos, y obtener proteínas que utilizan diferentes industrias en sus procesos de elaboración.

EL NACIMIENTO DE LA BIOLOGÍA MOLECULAR: EL DESCUBRIMIENTO DE LA ESTRUCTURA DEL ADN

El ADN y la biotecnología

Mucho se habla actualmente del ADN, incluso cada vez más se lo menciona en los medios de comunicación. Estudiar el ADN permite revelar relaciones familiares, resolver hechos delictivos, establecer relaciones evolutivas que datan de millones de años y desarrollar nuevos tratamientos o, posiblemente, la cura para algunos males. El ADN (ácido desoxiribonucleico) se encuentra dentro de cada célula, y contiene la información que determina, en interacción con componentes ambientales, las características que tendrá la célula y el organismo en su totalidad.

Desentrañar la estructura del ADN resultó esencial para comprender procesos celulares, y para desarrollar técnicas de biología molecular y de ingeniería genética, que contribuyeron al avance de la biotecnología moderna. Actualmente, mediante estas técnicas que emplea la biotecnología moderna, es posible transferir ADN de un organismo a otro y conferirle así nuevas características, diseñar nuevos fármacos o mejorar cultivos, entre otras aplicaciones.

Pero la historia del descubrimiento de la estructura y la función del ADN, comenzó hace algunos años atrás.

El descubrimiento de la doble hélice

A principios de la década de 1950 existía un programa científico de investigación del ADN, sus propiedades, métodos de extracción y composición en las diferentes células. Tres grupos de investigadores trabajaban simultáneamente en la estructura del ADN. Uno de ellos, el del químico de Oregon Linus Pauling y sus colegas, formuló un modelo que resultó ser equivocado, en el cual la molécula de ADN debía estar formada por una triple hélice.

En el segundo equipo del King's College de Londres, liderado por Maurice Wilkins, trabajaba la cristalógrafa británica Rosalind Franklin. Ella fue la primera en obtener una excelente fotografía del ADN por difracción de rayos X, a partir de la cual podía deducirse la distribución y la distancia entre los átomos que formaban parte del ADN.

Fuente: “Los tres caminos hacia la doble hélice” de Miguel de Asúa. Revista Ciencia Hoy, Volumen 13 N° 76, Agosto -Setiembre 2003.

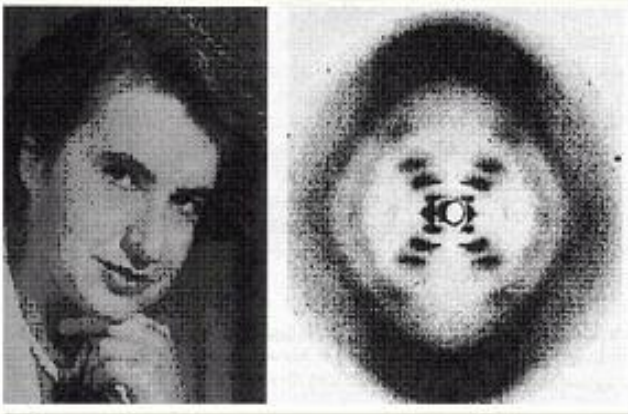


Figura: Rosalind Franklin y la fotografía del ADN por difracción de rayos X que lograra obtener en 1952. Los rayos X pueden difractarse -ser dispersados- al atravesar un cristal, ya que el cristal está formado por redes de átomos que actúan como tramas de difracción muy finas. Los diagramas resultantes pueden fotografiarse y analizarse para determinar la distancia entre los átomos del cristal. El estudio de fotografías obtenidas por esta técnica en cristales de macromoléculas biológicas fue fundamental en el descubrimiento de la estructura del ADN.

Cuenta la historia que mientras Wilkins y Franklin intentaban traducir sus datos en una estructura probable, la fotografía fue vista por el biólogo estadounidense James Watson y el físico británico Francis Crick, los cuales formaban el tercer equipo que estaba investigando la estructura del ADN en la Univ. de Cambridge.

Watson y Crick tenían en mente una serie de posibles estructuras, pero al carecer de buenas fotografías no podían concluir sobre cuál era la correcta. Acceder a la fotografía de Franklin fue clave para lograrlo. De esta forma, Watson y Crick pudieron publicar en 1953, en el mismo número de la revista *Nature* en el que publicaron sus fotografías Wilkins y Franklin, la estructura de doble hélice del ADN. Watson y Crick inician su artículo original de esta manera:

“Deseamos sugerir una estructura para el ácido desoxirribonucleico (ADN). Esta estructura tiene características novedosas que son de considerable interés desde el punto de vista biológico”.



Figura. Según el modelo de Watson y Crick, el ADN es una doble hélice, con las bases nitrogenadas dirigidas hacia el centro, perpendiculares al eje de la molécula (como los peldaños de una escalera caracol) y las unidades azúcar-fosfato a lo largo de los lados de la hélice (como las barandas de la escalera). Las hebras que la conforman son complementarias (deducción realizada a partir de los datos de Chargaff), Adenina se aparea con Timina y Citosina con Guanina y el apareamiento se mantiene debido a la acción de los puentes hidrógeno entre ambas bases. Ellos calcularon las distancias exactas que debía haber entre las cadenas y entre los átomos que las componen.

La estructura de la doble hélice sin duda revolucionó la biología molecular y proporcionó respuestas a muchas preguntas que se tenían sobre la herencia. Predijo la autorreplicación del material genético y la idea de que la información genética estaba contenida en la secuencia de las bases.

La investigación siguió su curso. El bioquímico estadounidense Arthur Kornberg anunció la purificación parcial de una enzima, la ADN polimerasa, que cataliza (acelera) la síntesis del ADN.

Fuente: <http://www.argenbio.org/h/biotecnologia/03.php>

En 1962 James Watson, Francis Crick y Maurice Wilkins recibieron el premio Nobel en medicina por el descubrimiento de la estructura del ADN. Rosalind Franklin había fallecido en 1958, a los 37 años de edad.

ADN, genes y código genético

Del ADN a la biotecnología moderna

El conocimiento del ADN (ácido desoxirribonucleico), su estructura y función, fue determinante para el desarrollo de la biotecnología moderna.

La estructura de doble hélice del ADN, que los investigadores James Watson y Francis Crick propusieron en 1953 proporcionó respuestas a muchas preguntas que se tenían sobre la herencia. Predijo la autorreplicación del material genético y la idea de que la información genética estaba contenida en la secuencia de las bases que conforman el ADN. Más aún, con el correr de los años y de las investigaciones, se pudo determinar que todos los seres vivos contienen un ADN similar, formado a partir de las mismas unidades: los nucleótidos. Este código genético mediante el cual se “escriben” las instrucciones celulares es común a todos los organismos. Es decir que el ADN de un ser humano puede ser “leído” dentro de una bacteria, y una planta puede interpretar la información genética de otra planta diferente. A esta propiedad de la información genética se la conoce como “universalidad del código genético”.

El código genético universal es uno de los conceptos básicos para comprender los procesos de la biotecnología moderna. Por ejemplo, la posibilidad de generar organismos transgénicos, y que las instrucciones del ADN de un organismo puedan determinar nuevas características en organismos totalmente diferentes.

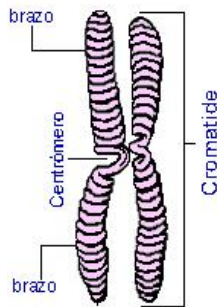
La función del ADN

El ADN tiene la función de “guardar información”. Es decir, contiene las instrucciones que determinan la forma y características de un organismo y sus funciones. Además, a través del ADN se transmiten esas características a los descendientes durante la reproducción, tanto sexual como asexual. Todas las células, procariotas y eucariotas, contienen ADN en sus células. En las células eucariotas el ADN está contenido dentro del núcleo celular, mientras que en las células procariotas, que no tienen un núcleo definido, el material genético está disperso en el citoplasma celular.

La estructura del ADN

El ADN está organizado en cromosomas. En las células eucariotas los cromosomas son lineales, mientras que los organismos procariotas, como las bacterias, presentan cromosomas circulares. Para cada especie, el número de cromosomas es fijo. Por ejemplo, los seres humanos tienen 46 cromosomas en cada célula somática (no sexual), agrupados en 23 pares, de los cuales 22 son autosomas y un par es sexual. Una mujer tendrá un par de cromosomas sexuales XX y un varón tendrá un par XY.

Cada cromosoma tiene dos brazos, ubicados por arriba y por debajo del centrómero. Cuando los cromosomas se duplican, previo a la división celular, cada cromosoma está formado por dos moléculas de ADN unidas por el centrómero, conocidas como *cromátidas hermanas*.



Esquema de un cromosoma duplicado

El ADN se compone de dos cadenas, cada una formada por nucleótidos. Cada nucleótido, a su vez, está compuesto por un azúcar (desoxirribosa), un grupo fosfato y una base nitrogenada. Las bases nitrogenadas son cuatro: adenina (A), timina (T), citosina (C), y guanina (G), y siempre una A se enfrenta a una T y una C se enfrenta a una G en la doble cadena. Las bases enfrentadas se dice que son *complementarias*. El ADN adopta una forma de doble hélice, como una escalera caracol donde los lados son cadenas de azúcares y fosfatos conectadas por “escalones”, que son las bases nitrogenadas. La molécula de ADN se asocia a proteínas, llamadas *histonas*, y se encuentra muy enrollada y compactada para formar el cromosoma. Esta asociación de ADN y proteínas se conoce como *cromatina*. La cromatina puede estar enrollada en mayor o menor grado, dependiendo de la etapa en que se encuentra la célula; por ejemplo, cuando el ADN se ha duplicado antes de que la célula se divida, la cromatina se compacta en su mayor grado, y como resultado se pueden visualizar los cromosomas duplicados al microscopio como corpúsculos con forma de X.

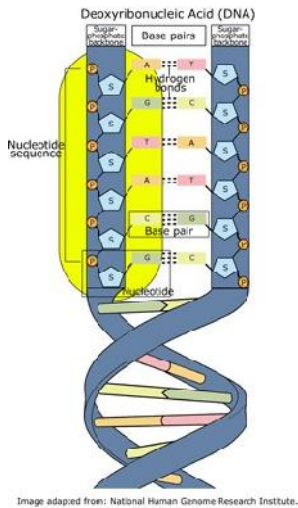


Image adapted from: National Human Genome Research Institute.

<http://images.clinicaltools.com/images/gene/dnabasepairs.jpg>

La doble hélice de ADN con las bases nitrogenadas complementarias que se ubican hacia dentro y establecen uniones no covalentes (o fuerzas de atracción) entre sí que mantienen la estructura de la molécula. Las desoxirribosas (azúcares) y los grupos fosfato constituyen las columnas de la molécula.

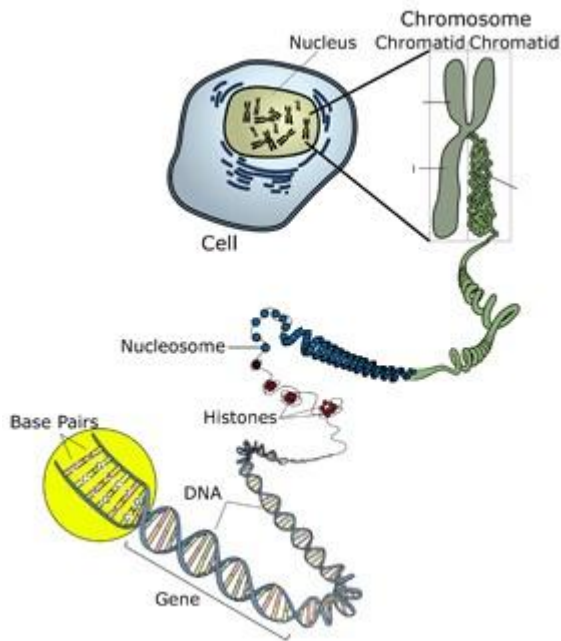


Image adapted from: National Human Genome Research Institute.

FUENTE: <http://www1.geneticsolutions.com/PageReq?id=1530:1873#Molecular%20Genetics>

La imagen representa una célula eucariota en la cual se amplía un cromosoma, y se muestra la estructura del ADN que lo constituye. Un fragmento particular del ADN forma un gen que determina una característica particular. El ADN se forma a partir de la unión de nucleótidos, que pueden tener cuatro bases nitrogenadas diferentes: A, T, C, G.

Cuando la célula se divide, cada nueva célula que se forma debe portar toda la información genética, que determine sus características y funciones. Para eso, antes de dividirse, el ADN debe replicarse, es decir generar una copia de sí mismo. Durante la replicación, la molécula de ADN se desenrolla, separando sus cadenas. Cada una de éstas servirá como molde para la síntesis de nuevas hebras de ADN. Para eso, la enzima ADN-polimerasa coloca nucleótidos siguiendo la regla de apareamiento A-T y C-G. El proceso de replicación del ADN es semiconservativo, ya que al finalizar la duplicación, cada nueva molécula de ADN estará conformada por una hebra “vieja” (original) y una nueva.

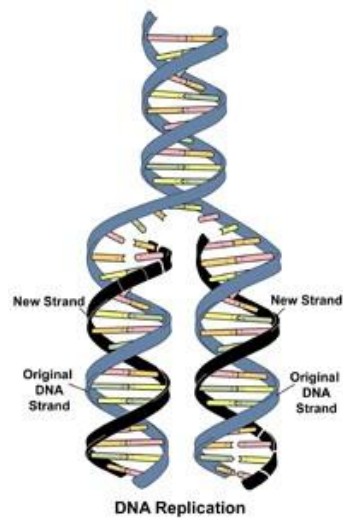


Image adapted from: National Human Genome Research Institute.

<http://images.clinicaltools.com/images/gene/dnareplication.jpg>

Replicación semiconservativa del ADN de una célula eucariota.

¿Cómo se interpretan las instrucciones escritas en el ADN?

La información está guardada en el ADN en el código de secuencia de bases A, T, C y G que se combinan para originar “palabras” denominadas genes. Los genes son fragmentos de ADN cuya secuencia nucleotídica codifica para una proteína. Es decir que a partir de la información “escrita” en ese fragmento de ADN se fabrica (sintetiza) un tipo particular de proteína. Aunque, en realidad, los genes también llevan la información necesaria para fabricar moléculas de ARN (*ribosomal* y de *transferencia*) que intervienen en el proceso de síntesis de proteínas. El ARN (ácido ribonucleico) es una molécula con una estructura similar al ADN.

Un gen no es una estructura que se vea sino que se define a nivel funcional. Es una secuencia que va a empezar en algún lugar del ADN y va a terminar en otro. Para conocer un gen se secuencia, se determina la cantidad de los nucleótidos que lo forman y el orden en que se ubican.

Todas las células de un organismo tienen el mismo genoma, o conjunto de genes. Pero, en cada célula se expresan los genes que se usan. Por ejemplo, aunque una célula de la piel tiene toda la información genética al igual que la célula del hígado, en la piel solo se expresarán aquellos genes que den características de piel, mientras que los genes que dan características de hígado, estarán allí “apagados”. Por el contrario, los genes que dan rasgos de “hígado” estarán activos en el hígado e inactivos en la piel. Lo que no se usa se encuentra mayormente compactado. Este empaquetamiento puede ser temporal o definitivo.

La síntesis de proteínas

Las proteínas son macromoléculas que cumplen funciones variadas. Hay proteínas estructurales, otras son enzimas, otras transportan oxígeno como la hemoglobina, hay proteínas involucradas en la defensa inmunitaria, como los anticuerpos, otras cumplen funciones de hormonas como la insulina, etc.

Así como el ADN está compuesto a partir de nucleótidos, las proteínas están compuestas a partir de aminoácidos. Hay 20 aminoácidos diferentes, y cada proteína tiene una secuencia de aminoácidos particular.

El proceso de síntesis de proteínas consta básicamente de dos etapas: la *transcripción* y la *traducción*. En la primera etapa, las “palabras” (genes) escritas en el ADN en el lenguaje de los nucleótidos se copian o transcriben a otra molécula, el ARN mensajero (ARNm). Luego, en la etapa siguiente, el ARNm se traduce al idioma de las proteínas, el de los aminoácidos. Este flujo de información se conoce como el “dogma central de la biología”.

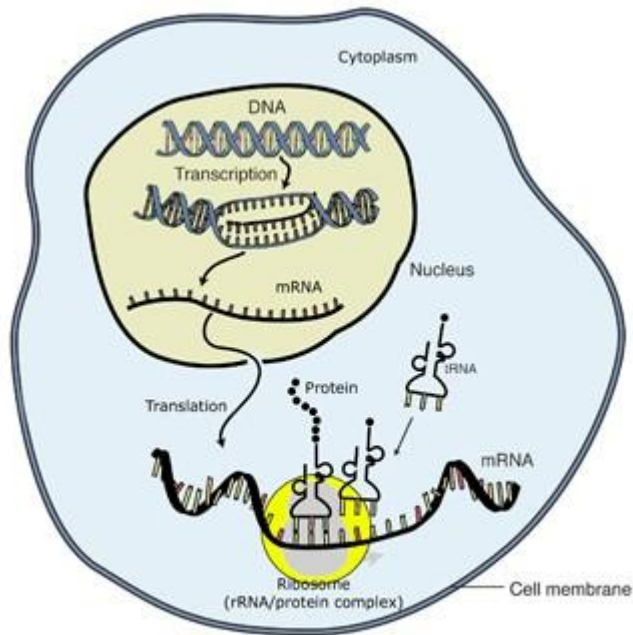


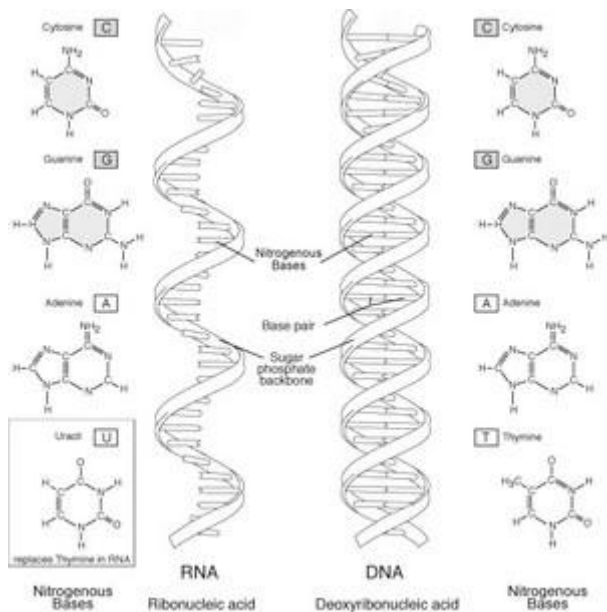
Image adapted from: National Human Genome Research Institute.

<http://images.clinicaltools.com/images/gene/mrnahighlight3.jpg>

Proceso de síntesis de proteínas en una célula eucariota. La transcripción ocurre dentro del núcleo y la traducción en los ribosomas en el citoplasma.

La transcripción

Durante la transcripción la enzima *ARN polimerasa*, copia la secuencia de una hebra del ADN y fabrica una molécula de ARN complementaria al fragmento de ADN transcrito. El proceso es similar a la replicación del ADN, pero la molécula nueva que se forma es de cadena simple y se denomina ARN. Se denomina ARN mensajero porque va a llevar la información del ADN hacia los ribosomas, las organelas encargadas de fabricar las proteínas. El ARN, o ácido ribonucleico, es similar al ADN aunque no igual.



<http://www.answers.com/main/content/wp/en/thumb/e/eb/300px-RNA-comparedto-DNA.png>

Como muestra la imagen, el ARN se diferencia del ADN en que es de cadena simple, en lugar del azúcar desoxirribosa tiene ribosa, y en lugar de la base nitrogenada timina, (T), tiene uracilo (U).

La traducción y el código genético

La molécula del ARN mensajero se traslada a los ribosomas donde ocurre la etapa de traducción.

Durante esta etapa el ribosoma lee la secuencia de nucleótidos del ARN mensajero por tripletes o tríos de nucleótidos, denominados *codones*. A medida que el ribosoma lee la secuencia de codones va formando una proteína, a partir de la unión de aminoácidos. Según cuál es el codón que el ribosoma “lee” va colocando el aminoácido que corresponde. Si se considera la combinación de cuatro bases tomadas de a tres, existe un total de 64 codones posibles. Cada codón determina qué aminoácido se colocará en la proteína que se está fabricando. De los 64 codones, 61 corresponden a aminoácidos y 3 son codones de terminación (*stop*), responsables de la finalización de la síntesis proteica.

La siguiente tabla es el código genético o “diccionario” que permite traducir la información escrita en el lenguaje de los ácidos nucleicos (nucleótidos) al lenguaje de las proteínas (aminoácidos), y es universal, o sea, es válido para todos los seres vivos.

		Second base of codon								
		U	C	A	G					
U	UUU	Phenylalanine phe	UCU	Serine ser	UAU	Tyrosine tyr	UGU	Cysteine cys	U	
	UUC		UCC		UAC		UGC		C	
	UUA	Leucine leu	UCA	UAA	STOP codon	UGA	STOP codon	A		
	UUG		UCG	UAG		UGG	Tryptophan trp	G		
C	CUU	Leucine leu	CCU	Proline pro	CAU	Histidine his	CGU	Arginine arg	U	
	CUC		CCC		CAC		CGC			C
	CUA		CCA		CAA	Glutamine gin	CGA			A
	CUG		CCG		CAG		CGG			G
A	AUU	Isoleucine ile	ACU	Threonine thr	AAU	Asparagine asn	AGU	Serine ser	U	
	AUC		ACC		AAC		AGC		C	
	AUA	ACA	AAA		Lysine lys	AGA	Arginine arg	A		
	AUG	ACG	AAG			AGG		G		
G	GUU	Valine val	GCU	Alanine ala	GAU	Aspartic acid asp	GGU	Glycine gly	U	
	GUC		GCC		GAC		GGC			C
	GUA		GCA		GAA	Glutamic acid glu	GGA			A
	GUG		GCG		GAG		GGG			G

© Clinical Tools, Inc.

<http://images.clinicaltools.com/images/gene/codontable.jpg>

La tabla del código genético es universal y permite conocer a partir de la secuencia del ARN mensajero cómo será la secuencia de la proteína para la cual el gen correspondiente codifica.

Así, la secuencia ATG (AUG en el ARNm) codifica para el aminoácido metionina, y el codón TTT (UUU en el ARNm) codifica para el aminoácido fenilalanina en todos los organismos vivos. Como sólo existen 20 aminoácidos en la naturaleza, varios codones pueden codificar para el mismo aminoácido (por ejemplo, al aminoácido glicina le corresponden los codones GGU, GGC, GGA y GGG).

Cada codón del ARNm es leído por otro ARN, llamado *ARN de transferencia* (ARNt), que actúa como un “adaptador” entre la información que lleva el ARNm y los aminoácidos que deben ir colocándose para formar la proteína correspondiente. El ARNt es muy pequeño comparado con los ARNm y tiene una secuencia, denominada *anticodón* que aparea (es decir, es complementaria) con el codón. Cada ARN de transferencia tiene un anticodón y “carga” un aminoácido en particular. Por ejemplo, el ARNt que tiene el anticodón UCA, se aparea al codón AGU, y carga el aminoácido serina (Ser). De la misma manera, el ARNt que carga tirosina (Tyr) se aparea, a través de su anticodón, con el codón UAC. Así se va formando una cadena polipeptídica (proteína) a medida que los anticodones de los ARNt reconocen sus respectivos codones en el ARNm. Este proceso de síntesis proteica ocurre en los ribosomas.

¿Qué son las mutaciones?

A veces, y este es un fenómeno relativamente frecuente, la enzima que se encarga de la replicación del ADN (ADN polimerasa) se equivoca, es decir, coloca un nucleótido en lugar de otro. Si, por ejemplo, la

enzima ADN polimerasa coloca una T en lugar de una A podría ocurrir que al traducirse, se coloque en la proteína un aminoácido diferente del que correspondería. Por lo tanto, la proteína generada sería diferente en un aminoácido a la original. Este cambio en el ADN, llamado *mutación*, podría alterar o anular la función de la proteína.

Este ejemplo ilustra el efecto de los cambios o mutaciones puntuales (debidos a un único cambio en la secuencia) en la proteína final. En algunos casos las mutaciones pasan inadvertidas, pero también pueden provocar la falta de actividad de una proteína esencial y causar una enfermedad. De todas formas, la mayoría de las mutaciones no se manifiestan, o porque están en regiones del ADN donde no hay genes, o porque no cambian el aminoácido, o porque ese cambio no altera la función de la proteína. O bien podría alterarse la función y esto no resultar perjudicial. Tal es el caso del carácter color de ojos, donde el color claro se produce por falta de ciertas enzimas que fabrican los pigmentos del iris. En realidad, las mutaciones son la base de la biodiversidad. Es decir que las pequeñas diferencias en el ADN es lo que determina que los seres vivos sean diferentes entre sí. Esta diversidad en las características sumada a la existencia de un código genético común entre los seres vivos, son dos hechos determinantes en el desarrollo de la biotecnología moderna.

El ADN y la biotecnología moderna

Cuando los científicos comprendieron la estructura de los genes y cómo la información que portaban se traducían en funciones o características, comenzaron a buscar la forma de aislarlos, analizarlos, modificarlos y hasta de transferirlos de un organismo a otro para conferirle una nueva característica. Justamente, de eso se trata la **ingeniería genética**, a la que podríamos definir como un conjunto de metodologías que nos permite transferir genes de un organismo a otro, y que dio impulso a la biotecnología moderna. La ingeniería genética permite clonar (multiplicar) fragmentos de ADN y expresar genes (producir las proteínas para las cuales estos genes codifican) en organismos diferentes al de origen. Así, es posible obtener proteínas de interés en organismos diferentes del original del cual se extrajo el gen, mejorar cultivos y animales, producir fármacos, y obtener proteínas que utilizan diferentes industrias en sus procesos de elaboración.

Todo empieza en el ADN

La información genética está almacenada en moléculas de ADN (ver cuadernos nº 3, 32, 65). Esta información se transmite mediante un flujo unidireccional, que va del ADN hacia el ARN y de éste a las proteínas. Este enunciado constituye el Dogma Central de la Biología (ver cuadernos nº 3, 32, 100) y fue expresado por el científico inglés Francis Crick, famoso además por proponer junto a James Watson un modelo de estructura para el ADN y por ganar el Premio Nobel en 1962 por ese trabajo.

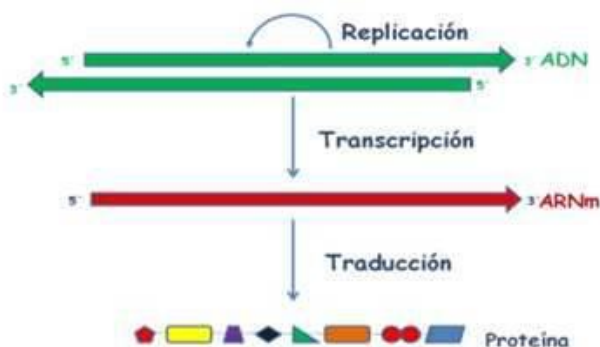


Figura 1: Dogma Central de la Biología. El flujo de información genética es unidireccional y va desde al ADN hacia las proteínas.

Fuente: ArgenBio

El dogma enuncia lo siguiente: *cuando en una célula se requiere la síntesis de una proteína específica, la porción de ADN que la codifica será copiada en forma de ARN, mediante un proceso denominado transcripción. Luego el ARN formado, que se denomina ARN mensajero, es utilizado como molde para la síntesis de proteínas por un mecanismo llamado traducción. Esta información finalmente llega de manera unidireccional a las proteínas, y son ellas quienes llevan a cabo la mayor parte de las actividades celulares.*

Utilizando un vocabulario informático, se podría decir que el ADN representa el software (instrucciones que las células reciben de sus progenitores), mientras que las proteínas constituyen el hardware (aparato físico que ejecuta el programa almacenado en la memoria). Actualmente, y aunque se sigue

respetando este dogma como una generalidad, se sabe que hay excepciones para este postulado (retrovirus, ARN con actividad catalítica, etc.; ver cuadernos nº 3 y 115).

La síntesis de proteínas, paso a paso

Denominamos, entonces, síntesis proteica al mecanismo por el cual la información contenida en el ADN (ver cuadernos nº 3 y 32), se traduce en proteínas. Es un proceso complejo, que se realiza en distintos compartimientos celulares, en el que intervienen variadas moléculas y que se produce básicamente en dos pasos:

Paso 1: La transcripción

La transcripción ocurre dentro del núcleo celular (en las células eucariotas), y en el citoplasma en las procariontas .

En esta primera etapa los genes, que serían “palabras” escritas en el ADN mediante la combinación de cuatro “letras” o nucleótidos A, T, C y G, se copian o transcriben a otro lenguaje, el del ARN denominado ARN mensajero (ARNm). En este proceso, denominado *transcripción*, la síntesis de una molécula de ARNm es catalizada por una enzima llamada ARN polimerasa (ARNpol). El proceso se inicia cuando dicha enzima reconoce un lugar específico del ADN llamado promotor. Luego de unirse al promotor, la ARNpol desenrolla aproximadamente una vuelta completa de la hélice del ADN poniendo al descubierto un fragmento de una sola hebra. Esta hebra de ADN, llamada hebra codificante, sirve de molde para que la ARNpol vaya agregando nucleótidos complementarios uno tras otro, a medida que se desplaza en una dirección específica sobre el ADN (Figura 2). Los nucleótidos que adiciona la ARNpol para formar el ARNm son ribonucleótidos, es decir, nucleótidos que poseen en su estructura el azúcar ribosa (a diferencia de la desoxirribosa presente en los nucleótidos del ADN). Además, la complementariedad de nucleótidos se realiza de la siguiente manera:

si en el ADN hay:	la ARNpol agrega:
C (citosina)	G
G (guanina)	C
T (timina)	A
A (adenina)	U (uracilo)

Tabla 1: Apareamiento de nucleótidos que realiza la ARNpol para sintetizar el ARNm a partir de la hebra molde del ADN.

En la tabla se puede ver que en el ARNm no existen las bases Timina (T), y son reemplazadas por la base U o Uracilo. La enzima seguirá transcribiendo hasta que encuentre la señal de terminación que le indica que allí debe detenerse (ver figura 2). Tan pronto como se ha completado la copia de ARNm, la hélice original de ADN se pliega nuevamente, y la molécula de ARNm se separa.

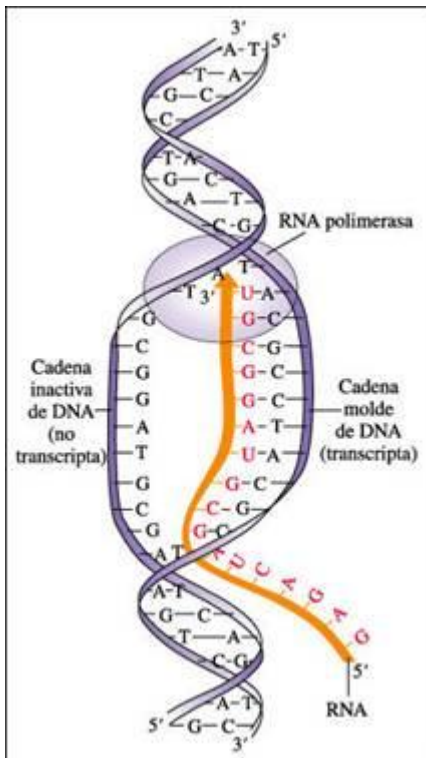


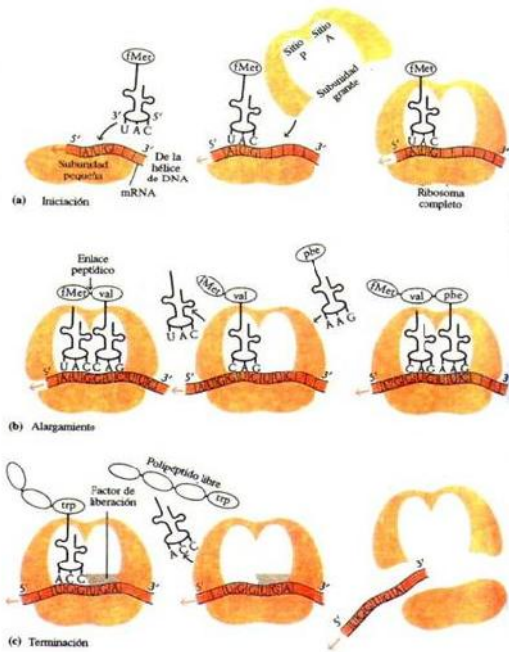
Figura 2: Proceso de transcripción. A partir del ADN doble cadena, la enzima ARN polimerasa sintetiza un ARN mensajero simple cadena.

Fuente: <http://www.geosfera.es/monograficos/DNA/Adn/14-25.jpg>

Una vez finalizada la transcripción, el ARNm está casi listo para la siguiente etapa. Pero aún esta “inmaduro” y para madurar debe ser protegido de manera de evitar que pueda degradarse en su viaje al citoplasma. Para ello, unas enzimas específicas se encargan de ponerle una “caperuza” o CAP en uno de sus extremos y una cadena corta de adeninas (colita de poliA) en el otro. Una vez completada la maduración (que involucra otros procesos que aquí no mencionamos), el ARNm parte hacia el citoplasma a través de los poros de la membrana nuclear en las células eucariotas.

Paso 2: La traducción de proteínas o síntesis de proteínas

Una vez en el citoplasma, la secuencia del ARNm debe ser decodificada a proteína. Este es el proceso de traducción y puede dividirse en tres fases: iniciación, elongación y terminación (Figura 3)



[Ampliar Imagen](#)

Figura 3: Proceso de traducción. A partir del ARN mensajero y mediante un complejo mecanismo, se sintetizan las proteínas

Fuente: <http://www.monografias.com/trabajos/sinteproteinas/image172.gif>

-Iniciación: en este punto es importante destacar que la forma en que el ARNm es leído es diferente a lo sucedido en la transcripción, ya que en la traducción los nucleótidos del ARNm son leídos de a tres, es decir que un triplete de nucleótidos, también llamado *codón*, codifica para un aminoácido determinado. Es decir que cada codón determina qué aminoácido se agregará a la futura proteína.

La traducción se inicia cuando el ARNm se une a una organela celular compleja denominada *ribosoma*. Los ribosomas están formados por dos subunidades, una mayor y otra menor, y es esta última la que reconoce y se une en primer lugar al ARN mensajero (ver figura 3).

Los codones de ARNm no reconocen directamente a los aminoácidos, sino que la traducción utiliza moléculas “adaptadoras” que unen el aminoácido con su correspondiente triplete o codón. Estos adaptadores son un grupo de pequeñas moléculas de ARN, conocidas como *ARN de transferencia (ARNt)*, cada una de las cuales tiene solo entre 70 y 90 nucleótidos de longitud. Esta molécula tiene una conformación tridimensional característica, denominada “hoja de trébol”, que le permite llevar a cabo su función de adaptador (Figura 4).



Figura 4: Estructura del ARN de transferencia. Conformación tridimensional del ARNt, conocida como “hoja de trébol”.

Fuente: <http://img.tfd.com/dorland/thumbs/RNA-transfer-RNA.jpg>

En la estructura del ARNt existen dos zonas de gran importancia para el proceso de síntesis proteica: un triplete de secuencia variable llamado *anticodón*, cuyas bases son complementarias al codón de la molécula de ARNm; el otro triplete está ubicado al otro extremo, y unido covalentemente a un aminoácido específico (ver figura 4). Esta unión del aminoácido específico con el ARNt la cataliza una enzima llamada aminoacil-tRNA sintetasa.

Una vez que la subunidad pequeña del ribosoma se encuentra en posición, un ARNt llamado iniciador (que porta el aminoácido metionina), reconoce el primer codón (AUG) en el ARNm y se carga sobre la subunidad pequeña, para luego unirse la subunidad mayor del ribosoma. De esta manera se forma un ribosoma funcional completo, que así ensamblado posee dos sitios de unión diferentes para moléculas de ARNt: el sitio P y el sitio A (ver figura 3).

-Elongación: una vez que el ARNt de iniciación unido a metionina se ubica en el sitio A, otro ARNt con su correspondiente aminoácido debe ubicarse en el sitio P, adyacente al sitio A. Con los dos ARNt en su sitio, comienza el proceso de alargamiento o elongación de la cadena polipeptídica: existen 20 aminoácidos esenciales diferentes, todos con una estructura básica común, constituida por un carbono central al que se le unen un grupo químico carboxilo, uno amino y otro grupo químico que es particular para cada aminoácido y que se conoce como "cadena lateral o R" (Figura 5).

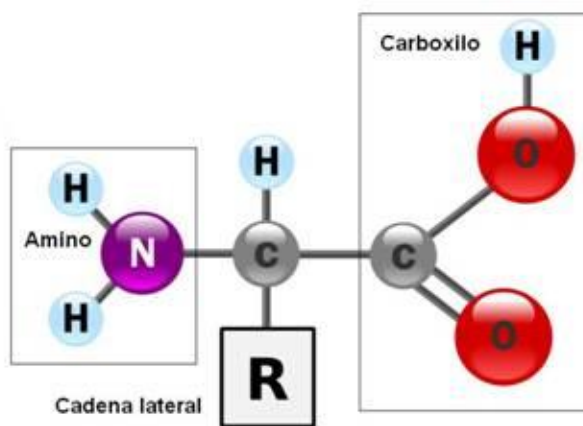


Figura 5: Estructura básica de los aminoácidos

Todos los aminoácidos poseen un carbono central, al cual se le unen un grupo carboxilo, un grupo amino y una cadena lateral (cadena R).

Fuente: http://www.argenbio.org/adf/uploads/imagenes/doc/composicion_%20delas_%20celulas/aminoacido.JPG

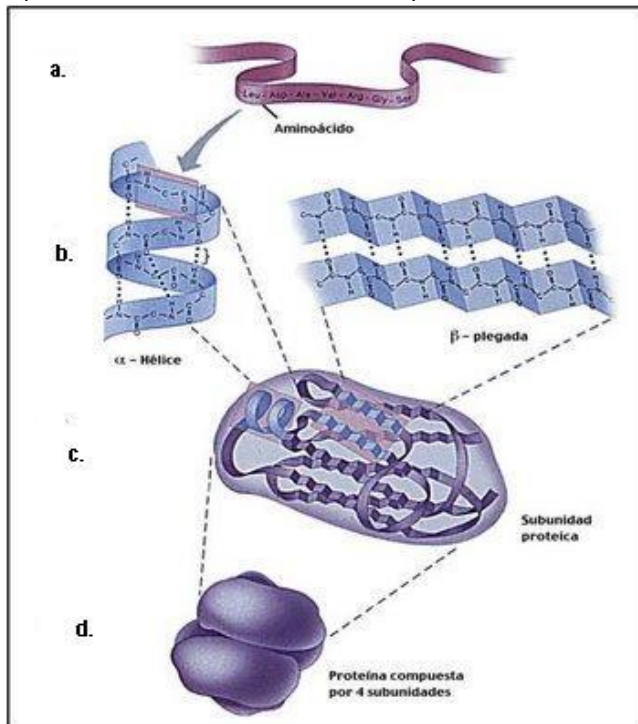
Para la elongación de la cadena de polipeptídica, el extremo carboxilo del aminoácido del sitio P se une mediante un enlace covalente al extremo amino del aminoácido ubicado en el sitio A. Este enlace entre aminoácidos se denomina unión peptídica y es catalizado por la peptidil-transferasa, una enzima firmemente unida al ribosoma. El ARNt del sitio A, ahora sin su aminoácido, es liberado al citoplasma; seguidamente, el ribosoma se desplaza exactamente 3 nucleótidos a lo largo de la molécula de ARNm - translocación ribosomal - y de esta manera quedará el sitio P ocupado por el ARNt que tiene unida la cadena de aminoácidos en formación, quedando el sitio A libre para recibir al siguiente ARNt con su correspondiente aminoácido. Este proceso se repetirá casi tantas veces como número de aminoácidos intervengan en la síntesis de la cadena polipeptídica (ver figura 3).

-Terminación: de los 64 diferentes codones que existen (4 nucleótidos agrupados de a tres = $4 \times 4 \times 4 = 64$), hay 3 que no codifican para ningún aminoácido, sino que son codones que indican la finalización de la cadena polipeptídica. Son los llamados codones *stop* (UAA, UAG, UGA) y a ellos se unen directamente factores de terminación o de liberación en el sitio A. Esta unión perturba la acción de la enzima peptidil-transferasa, haciendo que la traducción termine y liberando el ribosoma y el polipéptido completo (ver figura 3).

Una vez finalizada la síntesis de la proteína, el ARN mensajero queda libre y puede ser leído de nuevo. De hecho, es muy frecuente que antes de que finalice la síntesis de una proteína ya está comenzando otra, con lo cual, una misma molécula de ARN mensajero, está siendo utilizada por varios ribosomas simultáneamente. A este complejo de ARNm con múltiples ribosomas y sus respectivas cadenas polipeptídicas en crecimiento se lo denomina *polisoma* y es frecuente observarlo en las células activas. Finalmente, las proteínas

Con lo visto hasta ahora, se puede definir a las proteínas como macromoléculas (es decir, moléculas

grandes) formadas por polímeros de aminoácidos, una cadena formada a partir de aminoácidos. Sin embargo, las proteínas poseen distintos niveles estructurales: el resultado inmediato de la síntesis proteica, es lo que se denomina estructura primaria, es decir, la secuencia lineal y ordenada de aminoácidos (Figura 6a). A partir de esta secuencia básica, las características físico-químicas de los grupos laterales (cadena R) de los aminoácidos hacen que éstos, aunque se encuentren alejados en el collar, puedan acercarse y adoptar múltiples conformaciones tridimensionales. Una de estas conformaciones es el plegamiento regular local entre residuos aminoacídicos cercanos de la cadena polipeptídica, gracias a la formación de enlaces químicos débiles, que da como resultado la estructura secundaria. Los motivos más comunes son la hélice alfa y la lámina plegada beta (Figura 6b). Luego, el modo en que la cadena polipeptídica se pliega en el espacio se denomina estructura terciaria (Figura 6c). Finalmente, y en algunos casos, varias cadenas proteicas plegadas (o subunidades) pueden unirse entre sí por uniones no covalentes, constituyendo la estructura cuaternaria. (Figura 6d).



[Ampliar imagen](#)

Figura 6: Estructura proteica. Las proteínas poseen una estructura 1ria (a, cadena lineal de aminoácidos), y las estructuras tridimensionales: 2ria (b, lámina plegada beta y hélice alfa), 3ria (c, subunidad proteica) y 4ria (d, proteína formada por más de una subunidad)

Fuente: http://4.bp.blogspot.com/_EdiSPJX1jg8/Sh23fpZSypI/AAAAAAABzU/zApnBrIJHUI/s400/estruc+1+prot.JPG

Código genético, universal y degenerado

Uno de los desafíos científicos del siglo XX consistió en descifrar cuál era la relación entre la secuencia de bases en el ADN y la secuencia de aminoácidos que forman las proteínas. Como se dijo anteriormente, el ARNm es leído cada tres nucleótidos (o codón), que corresponden a un aminoácido determinado. Este "diccionario" que permite traducir la información escrita en el lenguaje de los ácidos nucleicos (nucleótidos) al lenguaje de las proteínas (aminoácidos) se denomina *código genético* (ver cuaderno nº 3 y Figura 7).

		2da. letra					
		U	C	A	G		
1ra. letra	U	UUU } Phe UUC } UUA } Leu UUG }	UCU } UCC } Ser UCA } UGG }	UAU } Tyr UAC } UAA Stop UAG Stop	UGU } Cys UGC } UGA Stop UGG Trp	U C A G	
	C	CUU } CUC } Leu CUA } CUG }	CCU } CCC } Pro CCA } CCG }	CAU } His CAC } CAA } Gln CAG }	CGU } CGC } Arg CGA } CGG }	U C A G	
	A	AUU } AUC } Ile AUA } AUG } Met	ACU } ACC } Thr ACA } ACG }	AAU } Asn AAC } AAA } Lys AAG }	AGU } Ser AGC } AGA } Arg AGG }	U C A G	
	G	GUU } GUC } Val GUA } GUG }	GCU } GCC } Ala GCA } GCG }	GAU } Asp GAC } GAA } Glu GAG }	GGU } GGC } Gly GGA } GGG }	U C A G	

[Ampliar imagen](#)

Figura 7: Código Genético. Es el “diccionario” que permite traducir el lenguaje de los ácidos nucleicos al de las proteínas.

Fuente: <http://perso.wanadoo.es/sancayetano2000/biologia/images/codigo.gif>

El código genético fue elucidado por Marshall Nirenberg y Heinrich Matthaei, diez años después de que Watson y Crick describieran la estructura de doble hélice del ADN. Descubrieron que el ARN, independientemente del organismo del cual era aislado, podía iniciar la síntesis de proteínas cuando se lo incubaba junto a extractos celulares. Agregando un ARN sintético formado sólo por uracilos (poli-U), determinaron que el codón UUU (el único posible en el ARN poli-U) codificaba para el aminoácido fenilalanina, ya que el único producto que aparecía en el tubo era un polipéptido que contenía sólo este aminoácido. De la misma manera, un ARN artificial que consistía en nucleótidos A y C alternados originaba un polipéptido formado por histidinas y treoninas. Así, observando los productos formados luego de la incubación con una serie de ARN sintéticos, estos investigadores consiguieron descifrar completamente el código genético.

Una de las características más significativas de este código es su universalidad; esto significa que el mismo codón en diferentes especies codifica para el mismo aminoácido. Efectivamente, los seres humanos, los monos, las cucarachas, las plantas, las bacterias, los hongos, etc. compartimos este código, lo que lleva a meditar acerca de un origen común y único a todos los seres vivos. La mejor demostración de que el código genético es universal es la posibilidad, mediante las técnicas de ingeniería genética, de que al introducir el ADN de un organismo en otro, el organismo receptor sintetice las proteínas del organismo donante del ADN. Por otro lado, de los 64 codones que existen, 61 corresponden a aminoácidos (los otros 3 son codones de terminación). Como sólo existen 20 aminoácidos, hay más codones que aminoácidos, de forma que un determinado aminoácido puede estar codificado por más de un triplete (por ejemplo, a la glicina le corresponden los codones GGU, GGC, GGA y GGG). Es por eso que se dice que la otra característica del código genético es ser degenerado.

Fuentes: Cuadernos de porque biotecnología <http://www.porquebiotecnologia.com.ar>