

ADN y Transmisión del mensaje genético

(c) Marcos Sánchez.

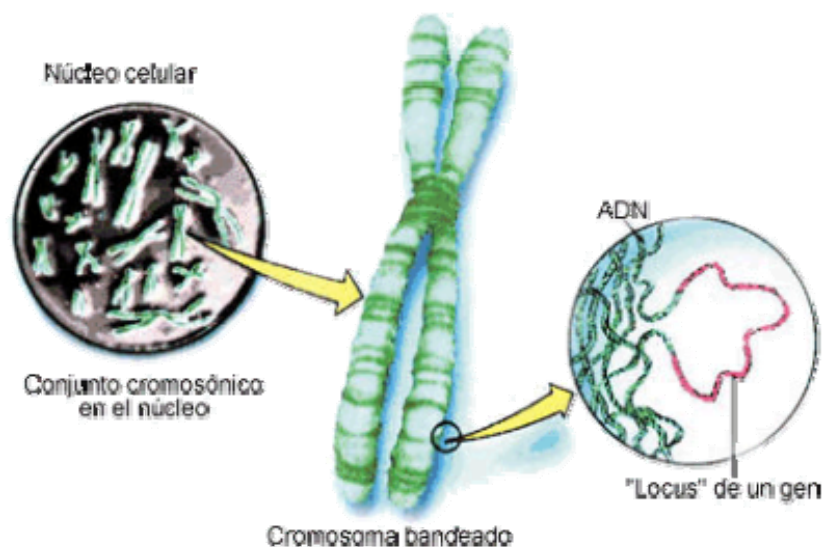
Publicado el 20-06-2004 . Palabras clave:ADN, transcripción, genes, expresión de los genes, herencia, genotipo, ribosomas



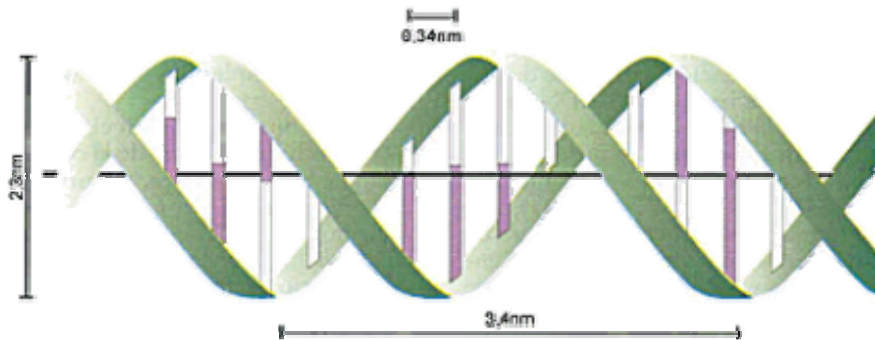
La información se transmite. El vehículo que se utilice para ello depende de la finalidad: ondas hertzianas para la televisión, ondas de radio, microondas en telefonía móvil, pulsos electromagnéticos en sensores de alta frecuencia... Para expresarse mediante el código morse sirven las señales luminosas dentro del espectro visible o las acústicas.

Sin embargo, pensemos por un momento en nuestro material genético: los cromosomas y sus habitantes, las compactas comunidades de ADN, ese portador de unidades de información tan especiales: **los genes**. Un vehículo muy exclusivo de innegable eficacia en su misión de transportar el mensaje genético. Al igual que el AVE transporta pasajeros con rapidez como exponente de la tecnología ferroviaria.

En la comparación que proponemos para simplificar su comprensión, el ADN sería asimilable a un larguísimo tren lleno de viajeros, desconocidos o no, pero siempre relacionados por algún criterio que los asociase de dos en dos: gruesos, delgados, listos, agresivos, pacíficos, paisanos, abogados, albañiles, ateos, amas de casa, fumadores, mujeres, hombres... Cada ciudadano sería lo que se denomina una **Base** o compuesto químico presente en la molécula de ADN. Las Bases se designan por una letra: A, C, G, T y U... Esas parejas de pasajeros o Bases siguen un orden determinado. Las personas que en ese momento no viajan, habitan las ciudades y se ocupan de otros asuntos. Cuando el organismo lo requiera se introducirán en ese tren con un fin importantísimo que veremos más adelante.



El ADN se aloja en el cromosoma. Cada cromosoma es como una ciudad. El conjunto de cromosomas forma parte de la nación, o sea la célula. Hay ciudades grandes, pequeñas, pueblos, aldeas..., que constituyen junto con el paisaje la totalidad de la célula. Si concentráramos a 23 pares de cromosomas de distinto tamaño en una región, podríamos asimilar esa región al núcleo de la célula, o sea, un lugar donde residen ciudadanos. Cuando la célula necesita *sintetizar una proteína*, se ponen en marcha algunos ciudadanos. En el núcleo pues, hay habitantes que viajan, pero si bien en las ciudades algunos lo hacemos en avión o en coche, en la célula sólo utilizan el autobús y el AVE. Ahora veremos por qué.



Esquema de la estructura del ADN. Se representa como dos hélices con giro hacia la derecha (en verde) con sus respectivas medidas: ancho (2,3nm), número de nucleótidos por giro (10) y distancia entre las bases (0,34nm). (Reproducido de Solari A, 1999, Genética Humana, 2ª. ed., Editorial Médica Panamericana).

Tras un proceso evolutivo, la tecnología ha permitido pasar de la locomotora de vapor a los trenes de alta velocidad. La evolución biológica ha hecho posible pasar de organismos inferiores a los más complejos mediante la actividad de sus genes. El material genético ha adquirido una cualidad que lo distingue de los seres primigenios.



Unidad UT-100 AVE saliendo de la estación de Atocha-Madrid, con destino en la estación de Santa Justa-Sevilla.

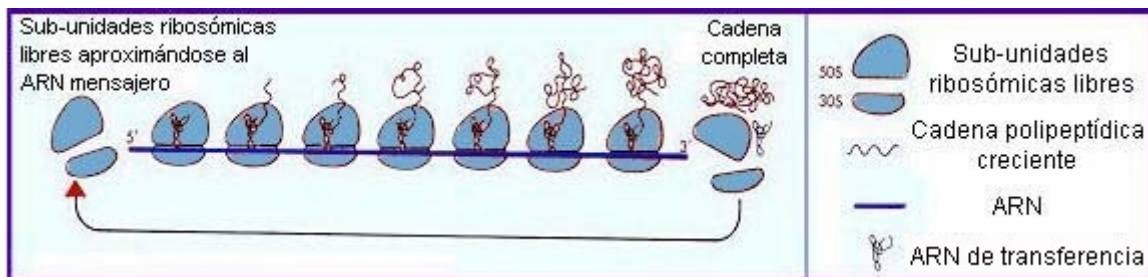
Podríamos asimilar el ADN celular de los seres evolucionados con un gran tren AVE: Cada vagón es una zona del ADN que forma parte de una larguísima cadena; en la molécula de ADN hay ciertas zonas que se llaman *genes*, los responsables de transmitir

factores hereditarios como la estatura o el color del pelo por ejemplo. Bien, pues imaginemos que sólo determinados vagones de nuestro AVE son genes. En cada uno de esos vagones los ciudadanos viajarían agrupados como unidades de información inteligentes: los pasajeros irían “emparejados” por un tipo de vínculo (matrimonio, profesión, parentesco...) del mismo modo que existe una unión entre las parejas de “**Bases**” (A, C, T, G Y U) en la cadena de ADN.

Cuando la célula tiene necesidad de sintetizar una proteína, se copia un gen: el AVE desembarcará viajeros en cada parada. Entonces llega un autobús, el **ARN mensajero**, donde los pasajeros se alojan en el mismo orden que en el vagón.

El autobús irá recogiendo a distintas parejas en cada estación. Ejemplo: en el AVE Madrid-Sevilla, algunos son recogidos en Ciudad-Real, otros en Córdoba y finalmente en Santa Justa.

A continuación, el autobús traslada el pasaje a unas factorías (**ribosomas**) donde algunos de los viajeros traducen la información que permitirá construir las proteínas, moléculas fundamentales para el desarrollo de la vida.



Es decir, se respeta el orden que llevaban las parejas en los vagones, pero solo **una parte de ese ordenamiento** es la que se utilizará para codificar los eslabones (**aminoácidos**) de una PROTEÍNA. Y es que gran parte del ADN es silencioso. No se usa para codificar aminoácidos. Ahí tenemos un gran misterio de la biología ¿Por qué poseemos tanto ADN “sobrante”?

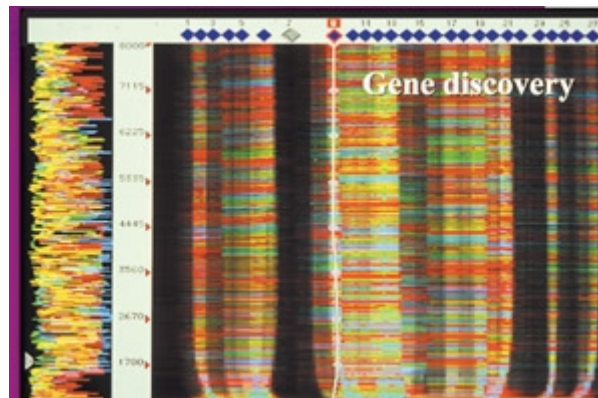
No sabemos qué contestar a esto, pero sí podemos empezar a comprender el mecanismo que conduce a construir el mapa genético de los seres humanos y por ende, el de los seres vivos que habitan nuestro planeta.

En nuestro símil, las proteínas se podrían comparar con los resultados de la actividad productiva de los ciudadanos: estos construyen edificios, medios de transporte, utilizan la energía para procesos fabriles...

CODIGO O CLAVE GENÉTICA

Esta clave, formada por palabras (llamadas codones), cada una de ellas formada por tres letras (tres de las cuatro bases nitrogenadas del ADN), que codifican para los 20 aminoácidos principales que constituyen las proteínas. Cada aminoácido está representado por tres codones diferentes. Podríamos comparar las casillas de cada columna o fila con “vagones” donde los tripletes de letras serían viajeros alineados en sus asientos.

		Segunda letra					
		U	C	A	G		
P r i m e r a L e t r a	U	UUU } Phe	UCU } Ser	UAU } Tyr	UGU } Cys	U C A G	T e r c e r a L e t r a
		UUC } Phe	UCC } Ser	UAC } Tyr	UGC } Cys		
		UUA } Leu	UCA } Ser	UAA } OCRE	UGA } ?		
		UUG } Leu	UCG } Ser	UAG } AMBAR	UGG } Tryp		
C	CUU } Leu	CCU } Pro	CAU } His	CGU } Arg	U C A G	U C A G	U C A G
	CUC } Leu	CCC } Pro	CAC } His	CGC } Arg			
	CUA } Leu	CCA } Pro	CAA } GluN	CGA } Arg			
	CUG } Leu	CCG } Pro	CAG } GluN	CGG } Arg			
A	AUU } Ileu	ACU } Thr	AAU } AspN	AGU } Ser	U C A G	U C A G	U C A G
	AUC } Ileu	ACC } Thr	AAC } AspN	AGC } Ser			
	AUA } Met	ACA } Thr	AAA } Lys	AGA } Arg			
	AUG } Met	ACG } Thr	AAG } Lys	AGG } Arg			
G	GUU } Val	GCU } Ala	GUA } Asp	GGU } Gly	U C A G	U C A G	U C A G
	GUC } Val	GCC } Ala	GAC } Asp	GGC } Gly			
	GUA } Val	GCA } Ala	GAA } Glu	GGA } Gly			
	GUG } Val	GCG } Ala	GAG } Glu	GGG } Gly			



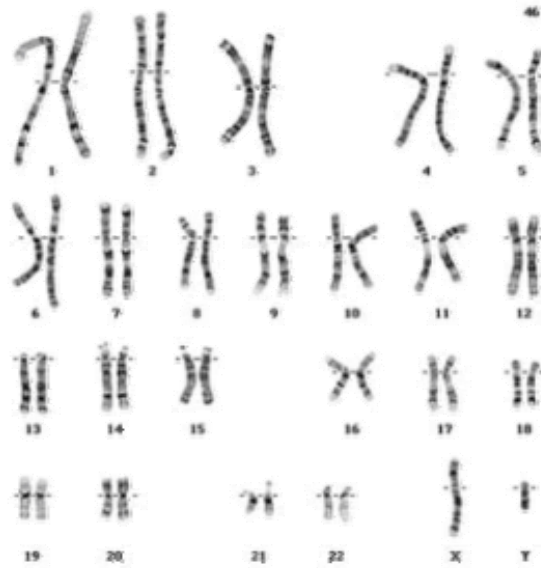
El producto de un secuenciador génico de alto volumen en las instalaciones del CIMMYT. Presentación gráfica de ochocientos pares de bases de 27 genes (las pistas están indicadas por los rombos azules en la parte superior). Las secuencias de DNA se distinguen por el color: el rojo indica "T"; el azul, "C"; el amarillo, "G"; el verde, "A". Se usan complejos instrumentos de bioinformática para obtener información útil a partir de esos datos. Extraído de www.cimmyt.cgiar.org

Por **mapeo génico** se pueden determinar todos los genes que están en el mismo cromosoma y secuenciar las bases: ver en qué orden se emparejan los pasajeros de los vagones. Hasta ahora se han secuenciado alrededor de 3000 millones de pares de bases tantas como el presupuesto del proyecto genoma: 3000 millones de dólares.

También se trata de ver a qué proteína corresponde cada gen, así como conocer todas las proteínas de un organismo (**Proteómica**).

Sería algo así como reunir toda la producción de las factorías-ribosoma para identificar las proteínas una a una. En nuestro símil, establecer el mapa genético es como identificar cuáles son los vagones-gen del entramado del larguísimo AVE que discurre de un punto a otro de la ciudad-cromosoma. Para ello se utilizan unas moléculas llamadas enzimas, que escogen zonas del AVE y las separan del resto. Esas zonas pueden formar un gen, que es copiado a un autobús ARN-mensajero. El primer cromosoma secuenciado totalmente fue el cromosoma 22, formado por 545 genes. Los cromosomas se presentan en pares. Un miembro de cada par proviene de la célula del

esperma del padre y el otro miembro del par, proviene del ovocito de la madre. En otras palabras, el bebé recibe mitad de material genético de la madre y la otra mitad del padre. Cuando los cromosomas son examinados bajo el microscopio, se ven así:



Conjunto de cromosomas de un varón.

*Alberto J. Solari: Doctor en Ciencias Médicas (UBA),
Profesor Emérito de la Facultad de Medicina de la UBA e Investigador Superior del CONICET.*

Dispersos entre los 23 pares de cromosomas de cada célula humana se encuentran 30.000 genes. Se han secuenciado 3000 millones de pares de Bases, es decir, se ha visto cuál es el ordenamiento de todas las parejas de viajeros que ocupan los vagones-gen del AVE.

Una vez que se conozcan todos los genes del ser humano, se podrían identificar y relacionar los cambios (mutaciones) existentes en las bases que los constituyen y así determinar la posible causa de alguna de las 5000 enfermedades de origen genético que se han descrito. Así, la base C se empareja siempre a una G y la A con la T. Si en el gen estudiado se observa la sustitución de una C por una A, es una alteración que puede conducir a una enfermedad. Pero ¡cuidado! Los “defectos” en los genes pueden o no ser la causa de enfermedades congénitas. Hay que considerar el ambiente en que se desarrolla el individuo. Es la interacción entre el conjunto de genes y el ambiente lo que va conformando las cualidades de nuestro organismo.

Imaginemos que todos los genes del ser humano, su genoma, están integrados dentro de comunidades distribuidas a lo largo de cada ciudad-cromosoma. Como los individuos en una población. Esto daría lugar a sistemas que podrían aportar mayor conocimiento sobre los genes, al ser estos susceptibles de organizarse, interaccionar y evolucionar siguiendo unas regulaciones entre ellos. Ello ha dado origen a una nueva disciplina: la Genómica funcional, con un gran potencial de desarrollo en un próximo futuro.

Hasta ahora se han descifrado genomas completos como el de la levadura, el de la bacteria *Escherichia coli*, el del nematodo (gusano) *C. elegans*, el de la mosca *Drosophila melanogaster*, y el de varias plantas. De manera que ya disponemos de varios genomas para comparar su funcionalidad. Su “comportamiento”.

<i>Especie</i>	<i>Tamaño Del Genoma</i>	<i>Número de Genes</i>	<i>Fecha</i>
Bacteriophago Lambda	48.5 Kb	372	1993
Escherichia coli	4.6 Mb	4.289	1998
Haemophilus influenzae	1.8 Mb	1.700	1995
Saccharomyces cerevisiae (levadura)	12 Mb	6.000	1997
Caenorhabditis elegans (Nematodo)	97 Mb	18.400	1998
Arabidopsis thaliana (mostaza)	120 Mb	25.000	2000
Drosophila melanogaster (mosca del vinagre)	125/180 Mb	14.200	2000
Oriza sativa (arroz)	480 Mb		2000
Homo sapiens (hombre)	3.200 Mb	Estimado 30.000	2001

Kb = Kilo bases Mb = Mega bases

No hace falta ser un visionario para afirmar que las implicaciones son enormes: un mundo en que muchas de las enfermedades puedan ser detectadas, atajadas y combatidas en los primeros años de vida; un conocimiento más amplio de cómo nuestros genes interactúan entre sí y con el medio ambiente y el ser más conscientes de la estrecha relación entre el ser humano y otros organismos que habitan el planeta.

La genómica funcional permite describir a qué se dedica cada gen:

- Los rasgos que determinan.
- Las leyes a las que se ven sometidos.
- Su relación con otros genes.
- La identificación de un patrón de comportamiento en un gen, dependiendo de las condiciones que le circundan.
- La actividad que desarrolla el gen cuando está alterado en relación a su actividad normal.

Los procesos biotecnológicos han permitido determinar qué genes intervienen, la naturaleza de la interacción con su entorno y cuánto tarda en manifestarse esta en un rasgo característico. Cada célula del organismo tiene el mismo material genético durante toda su vida. Sin embargo, la expresión del gen (su actividad) varía de unas células a otras, de unos estadios de desarrollo a otros, según el estado de salud y las condiciones ambientales. Sólo “conociendo” bien al gen estaremos capacitados para entender los procesos biológicos moleculares en los que interviene