IDENTIFICACIÓN			
INSTITUCIÓN EDUCATIVA HÉCTOR ABAD GÓMEZ			
DOCENTE: YAZMÍN ELIANA CIFUENTES OSORIO		**NÚCLEO DE FORMACIÓN**: Técnico-Científico	
CLEI: 4	**GRUPOS:** 403,404, 405, 406, 407	**PERIODO: 1**	**Semana:3**
NÚMERO DE SESIONES 1	**FECHA DE INICIO** Febrero 8	**FECHA DE FINALIZACIÓN** Febrero 14	

PROPÓSITO

Una vez terminada la guía, los estudiantes del CLEI 4 de la Institución Educativa Héctor Abad Gómez estarán en capacidad de:

1. Comprender el origen, la estructura y las funciones del ADN
2. Elaborar el modelo de la doble hélice
3. Reconocer la importancia de las investigaciones en Biología Molecular.

ACTIVIDAD 1 (INDAGACIÓN)

El descifrado del genoma humano comenzó en 1990 y finalizó en 2001. El Proyecto Genoma Humano (PGH) fue un proyecto internacional de investigación científica. Su objetivo fundamental consistió en determinar la secuencia de pares de bases químicas que componen el ADN. El término **genoma** es el nombre colectivo que se emplea para agrupar las diferentes moléculas de ADN que se encuentran en una célula.

1. a) Busquen información acerca del Proyecto Genoma Humano.
2. El análisis de muestras de ADN puede aportar valiosa información en diversas situaciones, por ejemplo: investigaciones forenses, para establecer relaciones de parentesco, para determinar relaciones entre poblaciones en el estudio de migraciones en ecología y evolución, etcétera.
3. b) Busquen información sobre aplicaciones de los estudios basados en análisis de ADN.

ACTIVIDAD 2 (CONCEPTUALIZACIÓN)

Descubrimiento del ADN

Una pieza clave de información relacionada con la estructura del ADN la proporcionó el bioquímico austriaco Erwin Chargaff. Chargaff analizó el ADN de diferentes especies y determinó su composición de bases A, T, C y G. Este científico hizo varias observaciones claves:

- A, T, C y G no se encontraban en cantidades iguales (como algunos modelos de la época hubieran predicho)
- La cantidad de bases variaba entre especies, pero no entre individuos de la misma especie
- La cantidad de A siempre era igual a la cantidad de T y la cantidad de C siempre era igual a la cantidad de G (A = T y G = C)

Estos descubrimientos, llamados **reglas de Chargaff**, resultaron cruciales para el modelo de Watson y Crick de la doble hélice del ADN.

Watson, Crick y Rosalind Franklin

A principios de la década de 1950, el biólogo estadounidense James Watson y el físico británico Francis Crick propusieron su famoso modelo de la doble hélice del ADN. Fueron los primeros en cruzar la línea de meta en esta "carrera" científica, en la que otros como Linus Pauling (quien descubrió la estructura secundaria de las proteínas) también trataban de encontrar el modelo correcto.

En lugar de realizar nuevos experimentos en el laboratorio, Watson y Crick principalmente recolectaron y analizaron fragmentos de información existente y los juntaron de formas novedosas y reveladoras. Algunas de sus pistas más importantes sobre la estructura del ADN fueron producto del trabajo de Rosalind Franklin, una química que trabaja en el laboratorio del físico Maurice Wilkins.

Franklin era experta en una poderosa técnica para la determinación de la estructura de moléculas, conocida como **cristalografía de rayos X**. Cuando la forma cristalizada de una molécula, como el ADN, se expone a rayos X, los átomos en el cristal desvían algunos de los rayos y forman un **patrón de difracción** que da pistas sobre la estructura de la molécula.

Imagen de difracción de rayos X del ADN. El patrón de difracción tiene una forma de X representativa de la estructura helicoidal de doble cadena del ADN.

Imagen modificada de "La estructura y secuencia del ADN: Figura 2", de OpenStax College, Biología (CC BY 3.0)

La cristalografía de Franklin dio a Watson y Crick importantes pistas sobre la estructura del ADN. Algunas de estas provenían de la famosa "imagen 51," una imagen de difracción de rayos X del ADN sorprendente y extraordinariamente clara que produjeron Franklin y su estudiante de posgrado. (Arriba se muestra un ejemplo moderno del patrón de difracción que produce el ADN). El patrón de difracción en forma de X de la imagen de Franklin inmediatamente le sugirió a Watson una estructura helicoidal de dos cadenas para el ADN .

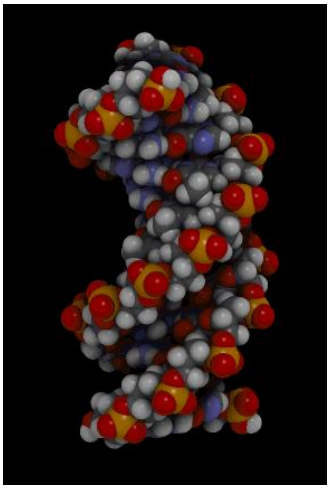
[¿Watson y Crick robaron los datos de Franklin?]

Watson y Crick reunieron datos de varios investigadores (entre ellos Franklin, Wilkins, Chargaff y otros) para ensamblar su célebre modelo de la estructura 3D del ADN. En 1962, James Watson, Francis Crick y Maurice Wilkins recibieron el Premio Nobel de medicina. Desafortunadamente, para entonces Franklin había muerto y los premios Nobel no se otorgan póstumamente.

El modelo del ADN de Watson y Crick

La estructura del ADN, representada según el modelo de Watson y Crick, es una hélice dextrógira de doble cadena antiparalela. El esqueleto de azúcar-fosfato de las cadenas de ADN constituye la parte exterior de la hélice, mientras que las bases nitrogenadas se encuentran en el interior y forma pares unidos por puentes de hidrógeno que mantienen juntas a las cadenas del ADN.

En el modelo siguiente, los átomos naranjas y rojos indican los fosfatos del esqueleto de azúcar-fosfato, mientras que los átomos azules en el interior de la hélice pertenecen a las bases nitrogenadas.



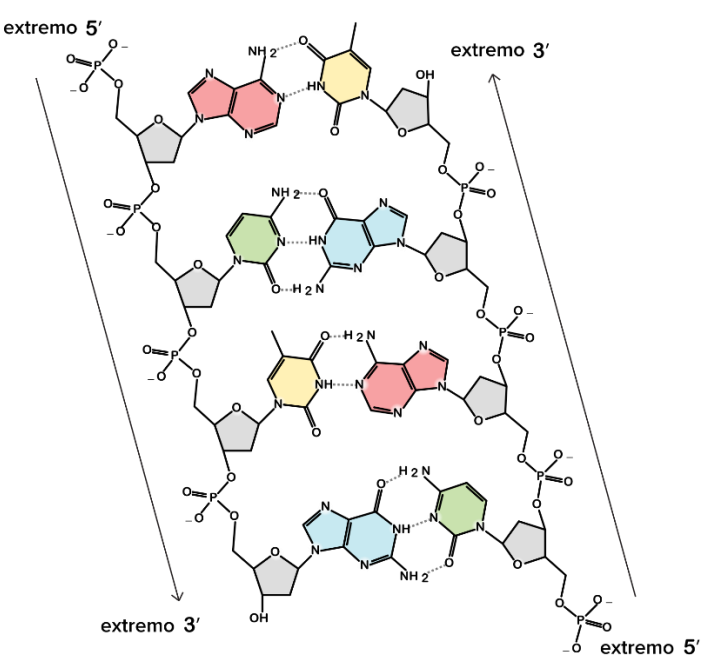
Animación de la estructura molecular 3D de la doble hélice de ADN.

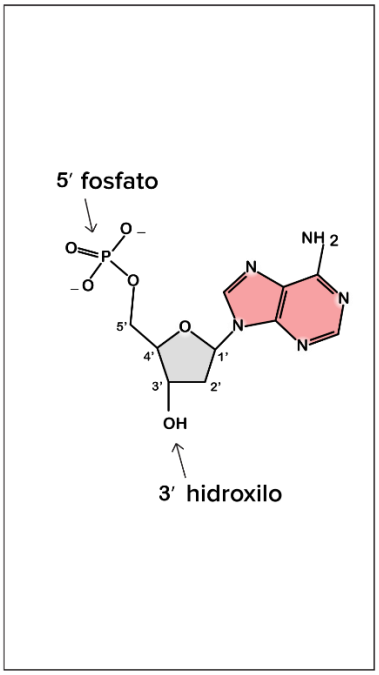
Crédito de la imagen: "Corte de ADN-B," por Jahobr, dominio público.

Orientación antiparalela

El ADN de doble cadena es una molécula **antiparalela**, lo que significa que se compone de dos cadenas que corren una junto a la otra pero en direcciones opuestas. En una molécula de ADN de doble cadena, el extremo 5' (el que termina con un grupo fosfato) de una cadena se alinea con el extremo 3' (el que termina con un grupo hidroxilo) de su pareja y viceversa.

[¿Para qué sirven los símbolos prima en 3' y 5'?]





Panel de la izquierda: ilustración de la estructura antiparalela del ADN. Se muestra un segmento corto de ADN de doble hélice, compuesto de dos cadenas de ADN que se mantienen juntas por puentes de hidrógeno entre las bases. La cadena de la izquierda tiene un grupo fosfato expuesto en la parte superior (extremo 5') y un grupo hidroxilo en la parte inferior (extremo 3'). La cadena de la derecha tiene la orientación opuesta, con un grupo fosfato expuesto en la parte inferior (extremo 5') y un hidroxilo en la parte superior (extremo 3'). De esta forma, el extremo 5' de una cadena termina junto al extremo 3' del otro y viceversa.
Panel derecho: estructura de un nucleótido donde se ilustra el grupo de 5' fosfato y el grupo 3’ hidroxilo. Estos grupos reciben su nombre por las posiciones que ocupan en el anillo del azúcar desoxirribosa. Los carbonos del anillo del azúcar se numeran de 1' (el carbono al que se une la base nitrogenada) a 5' (el carbono que tiene el grupo fosfato). El carbono 3' en el centro sostiene el grupo hidroxilo.
Imagen modificada de "Estructura química del ADN", de Madeleine Price Ball (CC0/public domain).

La hélice dextrógira

En el modelo de Watson y Crick, las dos cadenas de ADN giran una alrededor de la otra para formar una **hélice dextrógira**. Todas las hélices tienen direccionalidad, que es una propiedad que describe cómo se orientan los surcos en el espacio.

[¿Cómo puedo saber que el ADN es una hélice dextrógira?]

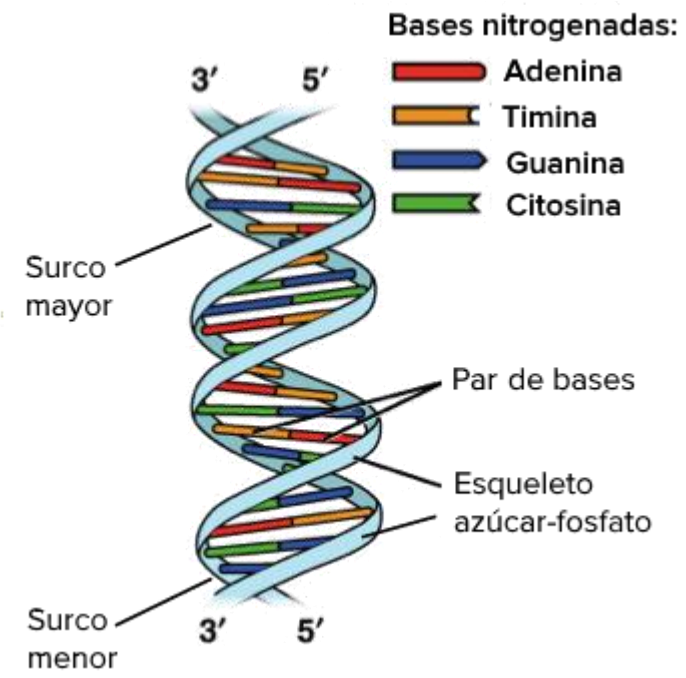


Imagen de una doble hélice de ADN que ilustra su estructura dextrógira. El surco mayor es un espacio más amplio que sube en espiral por lo largo de la molécula, mientras que el surco menor es un espacio más pequeño que corre paralelo al surco mayor. Los pares de bases se encuentran en el centro de la hélice, mientras que los esqueletos azúcar-fosfato corren por el exterior.

Imagen modificada de "La estructura y secuencia del ADN: Figura 3", de OpenStax College, Biología (CC BY 3.0).

[¿Las hélices de ADN siempre son dextrógiras?]

La torsión de la doble hélice del ADN y la geometría de las bases crea un hueco más amplio (llamado **surco mayor**) y un hueco más estrecho (llamado **surco menor**) que corren a lo largo de la molécula, como se muestra en la figura anterior. Estos surcos son importantes sitios de unión para las proteínas que mantienen el ADN y regulan la actividad de los genes.

Apareamiento de bases

En el modelo de Watson y Crick, las dos cadenas de la doble hélice del ADN se mantienen unidas por puentes de hidrógeno entre las bases nitrogenadas en cadenas opuestas. Cada par de bases forma un "peldaño" en la escalera de la molécula de ADN.

Los pares de bases no se forman por cualquier combinación de bases. Por el contrario, si hay una A en una cadena, deben estar emparejada con una T en la otra (y viceversa). Del mismo modo, una G en una cadena siempre debe tener una C como compañera en la cadena opuesta. Estas correspondencias entre A-T y G-C se conocen como **pares de bases complementarias**.

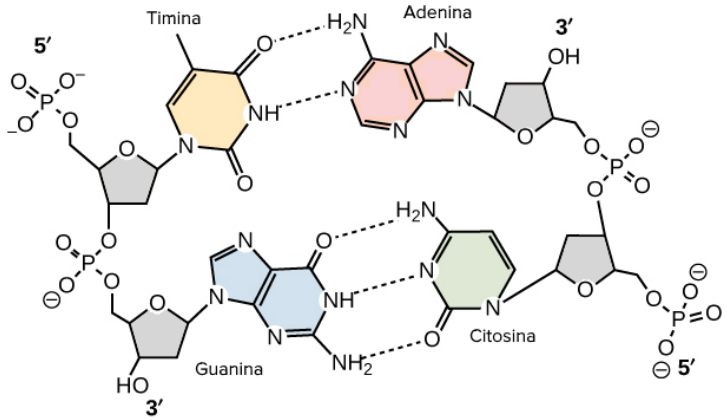


Diagrama que ilustra el apareamiento de bases entre las bases A-T y G-C. A y T se encuentran frente a frente en las dos cadenas opuestas de la hélice y sus grupos funcionales forman dos puentes de hidrógeno que mantienen las cadenas juntas. De manera similar, G y C se encuentran frente a frente en las dos cadenas opuestas y sus grupos funcionales forman tres puentes de hidrógeno que mantienen las cadenas juntas.

Imagen modificada de "La estructura y secuencia del ADN: Figura 3", de OpenStax College, Biología (CC BY 3.0).

El emparejamiento de bases explica las reglas de Chargaff, es decir, por qué la composición de A siempre es igual a la de T y la composición de C es igual a la de G . Donde hay una A en una cadena, debe haber una T en la otra, y lo mismo es cierto para G y C. Puesto que una purina grande (A o G) se empareja siempre con una pirimidina pequeña (T o C), el diámetro de la hélice es uniforme, de aproximadamente nanómetros.

Aunque el modelo original de Watson y Crick propuso que existían dos puentes de hidrógeno entre las bases de cada par, hoy sabemos que G y C forman un puente adicional (tal que los pares de A-T forman dos puentes de hidrógeno en total, mientras que los pares de G-C forman tres) .

El impacto de la doble hélice

La estructura del ADN abrió la puerta para entender muchos aspectos sobre la función del ADN, como la forma en que se copia y la forma en que la célula utiliza la información que contiene para hacer proteínas.

Como veremos en próximos artículos y videos, el modelo de Watson y Crick marcó el comienzo de una nueva era de descubrimientos en la biología molecular. El modelo y los descubrimientos que permitió forman los cimientos de una gran parte de la investigación de vanguardia actual en biología y biomedicina.

ACTIVIDAD 3 (APLICACIÓN Y EVALUACIÓN)

1. A partir de la lectura del texto “Rolalind franklind y la estructura del ADN” https://cdn.educ.ar/dinamico/UnidadHtml__get__cc72f146-c851-11e0-825f-e7f760fda940/anexo1.htm, respondan las siguientes preguntas:

   ¿Cuál fue la importancia del trabajo de Rosalind Franklin en el descubrimiento de la estructura molecular del ADN?
   ¿A qué atribuyen el hecho de que Rosalind Franklin no haya sido reconocida como una investigadora clave en el descubrimiento de la estructura molecular del ADN? ¿Consideran que la condición de género influye en la actividad científica? Discutan sobre este tema en clase.

2. **Actividad práctica: Modelo, cadena ADN**

   Materiales:

- 30 bolas de icopor del tamaño más pequeño
- 15 palos de paleta
- 1 palo de chuzo
- Vinilos de color verde, amarillo, rojo, azul, blanco, negro
- pinceles
- Silicona
- Pistola para silicona
- Una base de icopor 30cm x 20cm
- Una hoja de block
- Marcador negro

Después de ver el video, construye el modelo de ADN
https://youtu.be/YfU5taHsHhA?si=GmV6r-kkLKELPyYK

FUENTES DE CONSULTA:

Dibujo Real [@dibujoreal]. (Noviembre 3 de 2020). COMO HACER UNA MAQUETA ADN [Video]. https://youtu.be/YfU5taHsHhA?si=GmV6r-kkLKELPyYK

ÍNDIGO, ESTRÍN, D., MARCECA, E., DOCTOROVICH, F, SOLER-ILLIA, G. J. A. A. , ARAMENDÍA, P. F. y ALDABE-BILMES, S. (2007). *Construyendo con átomos y moléculas*. Buenos Aires: Eudeba.

VÁZQUEZ, M. (2007). *La intimidad de las moléculas de la vida. De los genes a las proteínas*. Buenos Aires: Eudeba.

Educ.Ar. Sociedad del estado – Argentina. https://cdn.educ.ar/dinamico/UnidadHtml__get__4d6b6ac9-a385-4905-a03e-762dbccdcd3e/15004-edi/data/9c4505ef-c850-11e0-8194-e7f760fda940/index.htm

A TENER EN CUENTA

- ✓ Presentar las actividades en los tiempos acordados con cada docente.
- ✓ En orden.
- ✓ Excelente presentación y ortografía.