

## Dogma Central

### Central dogma

Mario A. Ávila-Mendoza <sup>a</sup>

---

**Abstract:**

The evolution of our planet allows the appearing of different ways of life which coexist having natural resources balance to achieve the needed ecological successions of ecosystem. Every living organism and even the simplest organizations such as viruses possess an own genetic code which contain specific information of each kind of entity.

From the biological aspect, human being has been evolving to better adapt the environment we habit, the specie remains prevalent through replication process and translation of deoxyribonucleic acid (DNA) and ribonucleic acid (RNA). The human genomic is built from the combinations of deoxy nucleoside triphosphates (dNTP) which integrate the nucleotide chains (see scientific bulletin volume 4, No. 8, July 2017 and volume 7, No. 14, 2020) by dividing the genome into sections that will encode the development of certain characteristics of the individual called genes.

The understanding of all replication processes and genetic code transcription (Central Dogma) it is of an enormous importance to science. Initially are the bases of the study of our nature and contribute key information to the development of techniques that allow the attention and prevention of congenital disease and even the manipulation of sections with specific characteristics and achieve healthier generations.

**Keywords:**

*DNA, RNA, chromosomes, genome, gene, genotype, phenotype, dNTP*

---

**Resumen:**

La evolución de nuestro planeta permite el surgimiento de distintas formas de vida, las cuales, que deben coexistir permitiendo un balance en los recursos naturales para lograr las sucesiones ecológicas necesarias del ecosistema. Cada organismo vivo e incluso las organizaciones más simples como los virus, poseen un propio código genético que contiene la información específica del tipo de entidad.

Desde el aspecto biológico, el ser humano ha ido evolucionando para adaptarse mejor al medio que habita, la especie se mantiene imperante mediante sus procesos de replicación y traducción (Morre, Persaud, & Torchia, 2013) (Morre, Persaud, & Torchia, 2013) del ácido desoxirribonucleico (ADN) y ácido ribonucleico (ARN). El genoma humano se construye a partir de las combinaciones de deoxinucleosido trifosfatos (dNTP) que integran las cadenas de nucleótidos (se recomienda revisar boletín científico volumen 4, No. 8, julio 2017 y volumen 7, No. 14, 2020) dividiendo el genoma en secciones que codificarán el desarrollo de ciertas características del individuo llamadas genes.

El entendimiento de todos los procesos de replicación y transcripción del código genético (Dogma central) es de suma importancia para la ciencia. Inicialmente son las bases del estudio de nuestra naturaleza y aportan información clave para el desarrollo de técnicas que permitan la atención y prevención de enfermedades congénitas e incluso la manipulación de secciones con características específicas y lograr generaciones más saludables.

**Palabras Clave:**

*AND, ARN, cromosomas, genoma, gen, genotipo, fenotipo, dNTP*

---

<sup>a</sup> Autor de Correspondencia, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo, Email: mario\_avila9755@uaeh.edu.mx

## Reseña

El inicio del modelo estructural del ADN se lo debemos a los estudios realizados por Rosalind Elsie Franklin, quien a través de sus experimentos con difracción de rayos X logra la primera imagen de la molécula de ADN de tipo B, la famosa "fotografía 51" (Figura 1). Al parecer la filtración de las investigaciones de Franklin llegó a manos de Watson y Crick, quienes fueron galardonados con el Nobel por publicar la estructura

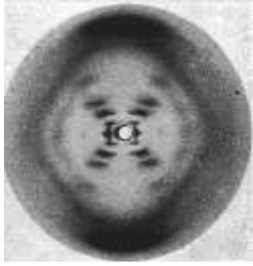
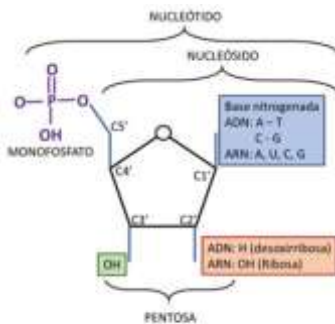


Figura 1

Fotografía 5 de ADN B

tridimensional del ADN como una doble cadena en hélice y antiparalela de polinucleótidos. Es así como Cervantes Parado y López López (2003) en el capítulo Bases moleculares de la herencia del libro "Genética clínica" explican el modelo del ADN, aclarando que los ácidos ribonucleicos contienen la información genética de todos los organismos vivos e incluso de los virus. Mencionan que dichas moléculas están constituidas por cadenas enlazadas de nucleótidos, los cuales, están integrados por un monosacárido de 5 carbonos, por ser de tipo aldosa, por un grupo fosfato y por 5 anillos aromáticos heterocíclicos conocidos como bases nitrogenadas clasificándolas como Adenina (A) y guanina (G) como purinas y citosina (C), timina (T), en el caso de ADN; y uracilo (U), para el ARN. Las bases nitrogenadas se unen a la ribosa formando un nucleósido. Existe una diferencia en los azúcares de los dos tipos básicos de ácidos nucleicos, para el ARN se trata de una ribosa pues en su estructura la posición 2' se encuentra un hidroxilo y se denomina ribosa, mientras que en el ADN en la misma posición se localiza un hidrógeno y se conoce como desoxirribosa (figura 2);



en consecuencia, si se trata del ARN dependiendo la base nitrogenada las posibilidades son: adenosina, guanosina, citidina o uridina; por otro lado, si es ADN las combinaciones se mencionan como deoxirribonucleósidos siendo: deoxiadenosina, deoxiguanosina, deoxicitidina y deoxitimidina. La suma del

grupo fosfato a este complejo molecular modifica la nomenclatura, en un mayor orden a los nucleósidos del ADN se les conoce como deoxinucleosido trifosfato (dNTP) y varían de acuerdo a su base nitrogenada siendo entonces reconocidos como deoxiadenosina trifosfato (dATP), deoxiguanosina trifosfato (dGTP), deoxicitidina trifosfato (dCTP) y deoxitimidina trifosfato (dTTP). Los nucleósidos se unen formando enlaces fosfodiéster entre el grupo 3' de uno y el 5' de otro formando así una cadena de polinucleótidos que tendrá dos polaridades que pueden ser de 5' a 3' o de 3' a 5' de acuerdo a las cadenas antiparalelas (figura 3).

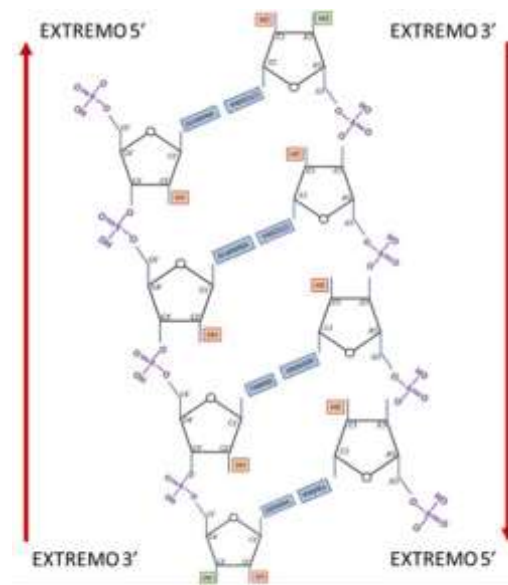


Figura 3

Doble cadena helicoidal antiparalela

Sin duda el estudio de las estructuras de los ácidos nucleicos y de los códigos que contienen es una rama de la biología muy interesante y de gran importancia para la ciencia. Se ha demostrado que el ADN puede tomar distintas formas dependiendo las condiciones fisicoquímicas en que se forman los cristales de la molécula, de acuerdo con Cervantes y López (2003). Las estructuras principales de ADN que se pueden formar son ADN-A, ADN-B y ADN-Z, siendo el ADN-B el tipo usual encontrado en las células eucariotas. En el Cuadro 1 podremos identificar las características principales de esos tipos. (Genética Clínica, pag. 9, 2003).

Características	ADN B	ADN A	ADN Z
Giro de la hélice	Derecha	Derecha	Izquierda
Diámetro hélice (nm)	2.37	2.55	1.84
Pares bases por giro completo	10	11	12
Distancia/vuelta (nm)	3.4	3.2	4.5
Surco mayor	Ancho y profundo	Ancho y estrecho	Plano
Surco menor	Estrecho y poco profundo	Muy ancho y poco profundo	Muy estrecho y muy profundo
Morfología	Larga y muy delgada	Corta y ancha	Alargada y delgada

En el año de 1956, Francis Crick propone el “dogma” central de la biología, refiriéndose al flujo de información genética unidireccional del ADN hacia las proteínas; sin embargo, hoy se sabe que los códigos genéticos pueden fluir entre ácidos nucleicos a través de enzimas de transcripción inversa. El planteamiento de Crick fue inapropiado para muchos científicos, quienes no aceptaban que la aseveración fuera de tipo dogmática, tal como se menciona:

Por ese entonces, muchos investigadores estaban obsesionados con la pregunta: ¿Cuál es el traductor de la información genética de DNA a una secuencia de aminoácidos? Un buen candidato para desempeñar este papel era el ácido ribonucleico (RNA) un pariente químico cercano al DNA, pero su papel no era muy claro en la época que Crick dio su conferencia (Curtis, 2008, p.193).

Con el tiempo los investigadores lograron identificar lo que hoy conocemos como orgánulos no membranosos ribosomas y de adaptadores capaces de fijar aminoácidos e interactuar con secuencias de nucleótidos en grupos de tres (codones) llamados ARN mensajero, ARN ribosomal y ARN transferencia. Los codones pueden formar 64 combinaciones distintas que serán identificadas e interpretadas para la formación de la cadena lineal de una proteína simple, 61 de esas combinaciones codifican para 20 aminoácidos respectivamente y 3 combinaciones señala las zonas de término de la traducción.

Procurando ser simples en la descripción del proceso “dogmático” renombrado por su autor como “hipótesis central”, todo inicia en el núcleo de las células donde se almacena el código genético en forma de cromatina, son secuencias de ADN lineal de tipo fibrilar, en ellas se llevarán a cabo los procesos de replicación del ADN para la reproducción celular, sea el caso mitosis o meiosis activada por ciclo celular y la transcripción del ARN para la síntesis de proteínas a causa del metabolismo celular.

La doble cadena de ADN helicoidal deberá desenrollarse por acción de una topoisomerasa y otra enzima llamada helicasa rompe los puentes de hidrogeno que une las dos cadenas de ADN separándolas y formando una horquilla de replicación o transcripción, aquí el ADN polimerasa o ARN polimerasa leen las bases nitrogenadas para formar nuevos enlaces con sus pares correspondientes A-T y C-G o en el caso de Transcripción del ARN A-U.

Durante de replicación se estarán formando dos cadenas simultáneamente una cadena conocida como adelantada y otra retrasada, esto por la polaridad de 5´-3´y 3´- 5´ siendo que los dNTP solo pueden ser añadidos al extremo 5´ de la cadena en formación; por consecuencia la cadena retrasada o rezagada solo puede formarse por partes pequeñas conocidas como fragmentos de Okazaki,

durante la replicación eucarionte y a diferencia de las bacterias no existe un replisoma, sino que las enzimas y proteínas implicadas forman fibras de replicación dentro del núcleo constituidas por cientos o miles de complejos de replicación independientes llamados sintesomas. una vez terminada la replicación del ADN se continua con la revisión y reparación de las cadenas, en este proceso se identifican posibles errores de replicación de base nitrogenada o de codón y se corrigen, cabe destacar que las posibles diferencias no siempre significan que exista una alteración mayor fenotípica en el organismo o incluso que repercuta en un enfermedad genética, se debe recordar que la base de la mutación es precisamente una alteración en la secuencia genética, pero también es lo que permite la adaptación y evolución de las especies. Algunos procesos de reparación de la secuencia de nucleótidos es la reparación directa; por escisión de bases, BER; escisión de nucleótidos, NER; posreplicativa y reparación de bases mal apareadas, MMR. No debe olvidarse que durante le reproducción celular eucarionte, no solo se replica el ADN nuclear, sino también el ADN mitocondrial presentando procesos semejantes.

Por otra parte, una vez terminada la copia de la cadena 3´-5´ durante la transcripción del ARNm, este deberá pasar por un proceso de maduración que le permita salir del núcleo y viajar a los ribosomas donde se lleva a cabo el proceso de traducción de codones. La maduración del ARNm se logra mediante 3 procesos: el primero llamado ARN splicing, donde ocurre la remoción de secuencias internas y reunión de segmentos restantes de nucleótidos (exones e intrones), el resultado forma una cadena de secuencias codificantes de exones; otro procesamiento es la Adición de Cap, un nucleósido metilado 7 metilguanosina (m7G) trifosfato se unirá al extremo 5´ formando un enlace 5´-5´fosforiéster, de esta forma el extremo quedará bloqueado y protegido contra las exonucleasas que podrían degradarlo en su trayecto al ribosoma; un tercer proceso reconocido como La Poliadenización en el extremo 3´ la enzima pila A polimerasa agrega de 200 a 250 residuos de adenilato para formar una cola de pila A madurando el extremo y permitiendo así la salida del núcleo al citoplasma del ARNm ahora maduro. Los ribosomas son orgánulos no membranosos que se localizan de forma libre en el citoplasma, en grupos formando polirribosomas o adheridos a la cara externa de la membrana del retículo endoplásmico rugoso, estos son complejos de ARN con proteínas y aminoácidos libres que se agrupan en dos subunidades: una menor, que recibe la cadena de ARNm y donde se interpretan los codones para la selección del tipo de aminoácido correspondiente; y una subunidad mayor donde se realizan los enlaces peptídicos de los aminoácidos para la cadena de proteína.

## Conclusión

El mal llamado “dogma central de la biología” sin duda es un tema indispensable de estudiar para aquellos que tenemos el gusto por los saberes de la naturaleza, la información nueva que se adquiere produce constructos mentales innovadores que cautivan nuestra curiosidad y alimentan nuestros aprendizajes. Entender los procesos que permiten el almacenamiento del código genético de cada una de las especies, aporta a la ciencia las huellas a seguir necesarias para lograr una mejor taxonomía. Algunos descubrimientos nos han llevado, por ejemplo: a la identificación de distintos tipos celulares y dominios como procariotas, arqueas y eucariotas; o a nuevas clasificaciones de reinos y superreinos como procaria-eucaria y sus reinos bacteria, arquea, protozoa, chromista, fungí, plantae y animal. Incluso nos permite identificar con mayor aproximación a nuestros ancestros y la relación genética, anatómica, fisiológica y psicológica que guardamos con ellos. Es un tema muy amplio de abordar para una reseña, pero espero que la información aquí expuesta sea de su ayuda.

## Referencias

- [1] Guizar-Vazquez, J. (2001). *Genética Clínica: Diagnóstico y manejo de las enfermedades hereditarias* (tercera ed.). México: Manual Moderno.
- [2] Curtis, E., Barner, N. S., Schnek, A., & Massarini, A. (2008). *Biología* (Séptima ed.). Chile: Panamericana.
- [3] Leslie, G. (s.f.). *Texto Atlas de Histología* (segunda ed.). McGraw Hill.
- [4] Morre, K. L., Persaud, T., & Torchia, M. G. (2013). *Embriología Clínica* (Novena ed.). Barcelona, España: ELSEVIER.
- [5] William D. Stansfield, P. (s.f.). *Teoría y problemas de genética* (tercera ed.). McGRAW-HILL.