

CONSTRUCCION DE UNA MOLECULA DE INSULINA HUMANA¹

JORGE ADOLFO NIETO DIAZ²

RESUMEN

El presente laboratorio permite reconstruir el proceso de síntesis de proteínas, tomando como modelo la molécula de insulina humana, que se construye a partir del gen que codifica su producción; con la subsecuente elaboración de ácido ribonucleico mensajero (RNAm), la lectura hecha por un ribosoma, la articulación de los diferentes aminoácidos a su correspondiente molécula de ácido ribonucleico de transferencia (RNA_t), la polimerización de estos para la formación de la molécula completa, el plegamiento de ella y la hidrólisis en ciertos puntos estratégicos que dan origen a la molécula definitiva con las dos cadenas (A y B) y los enlaces disulfuro que las conectan.

PALABRAS CLAVES: Síntesis de proteínas, RNAm, Ribosomas, RNA_t, enlaces peptídicos, polimerización.

1. Taller didáctico.
2. Profesor de Fisiología Comparada e Higiene. Departamento de Química y Biología de la Universidad de la Salle y Colegio Distrital Atanasio Girardot. Santa Fe de Bogotá D.C.
A.A. 876 Bogotá, Colombia.

ABSTRACT

The present laboratory permits rebuilt the synthesis of proteins process, taking as model the human Insuline molecule that build from gen that codify its production with the subsequent elaboration of messenger ribonucleic acid (RNAm), the lecture that a ribosome has done, the articulation of different aminoacid with its transfer ribonucleic acid (RNAt) for its correspond molecule, the polymeritation of them for the formation of the complete molecule, the backward on itself, and the hydrolisys of some strategies points, that give the origin to the definitive molecule with the two chains (A y B) and disulfide cross links that connect them.

KEY WORDS: Synthesis of proteins, RNAm, Ribosomes, RNAt, peptide bond, polymeritation.

INTRODUCCION

En los organismos se encuentran cuatro tipos de moléculas orgánicas en gran cantidad. Estos cuatro tipos son los carbohidratos (compuestos de azúcares), lípidos (moléculas no polares, muchas de las cuales contienen ácidos grasos), proteínas (compuestas de aminoácidos) y nucleótidos (moléculas complejas que desempeñan papeles centrales en los intercambios energéticos y que también pueden combinarse para formar moléculas muy grandes, conocidas como ácidos nucleicos). Todas estas moléculas: carbohidratos, lípidos, proteínas y nucleótidos, contienen carbono, hidrógeno y oxígeno; además las proteínas contienen nitrógeno y azufre, y los nucleótidos, así como algunos lípidos, contienen nitrógeno y fósforo (Curtis, 1993).

Cada una de las diferentes moléculas orgánicas tiene un proceso básico para su elaboración, y de todos, tal vez el más complejo de estudiar y de entender, es el de la síntesis de proteínas, por la cantidad de eventos que se dan antes del proceso final, en donde se elabora el péptido; por tal razón

se fabricó el presente modelo en donde se reconstruye paso a paso el proceso para la elaboración de una proteína (la insulina humana).

La utilización de un modelo permite vivenciar los pasos generales de un proceso. Según Martiland (1986) "para el dominio de la realidad natural, técnica, económica o social contemporánea, el uso de los modelos reviste una importancia fundamental. Son en efecto, medios de aprehensión de una realidad".

Un modelo es una esquematización precisa que construimos sobre la base de una multiplicidad de datos de la experiencia (lo que llamamos a veces datos de la realidad), que da lugar a una abstracción satisfactoria de cómo "funcionan" las cosas (Arcá, 1989). Hasta donde ha sido posible, el modelo aquí trabajado se ha ajustado a lo que realmente ocurre al interior de una célula. La molécula de insulina tomada como base es la que reporta Stryer (1988) en su libro de Bioquímica.

1. LA QUIMICA DE LA HERENCIA

Los cromosomas al igual que todas las otras partes de una célula viva, están compuestos por átomos ordenados en moléculas; algunos científicos, pensaron que resultaba imposible comprender las complejidades de la herencia en función de la estructura de compuestos químicos "sin vida". Otros pensaban que si se comprendiera la estructura química de los cromosomas, entonces podría llegarse a comprender el funcionamiento de los cromosomas como los portadores

de la información genética. Esta línea de pensamiento marcó el comienzo de la vasta gama de investigaciones que conocemos como "genética molecular". Los primeros análisis químicos del material genético mostraron que el cromosoma está formado por ácido desoxirribonucleico (DNA) y proteína, en cantidades aproximadamente iguales. Por consiguiente, ambos eran candidatos para desempeñar el papel de material genético. Las proteínas parecían ser la elección más probable por su mayor complejidad química. Los biólogos teóricos se apresuraron a señ

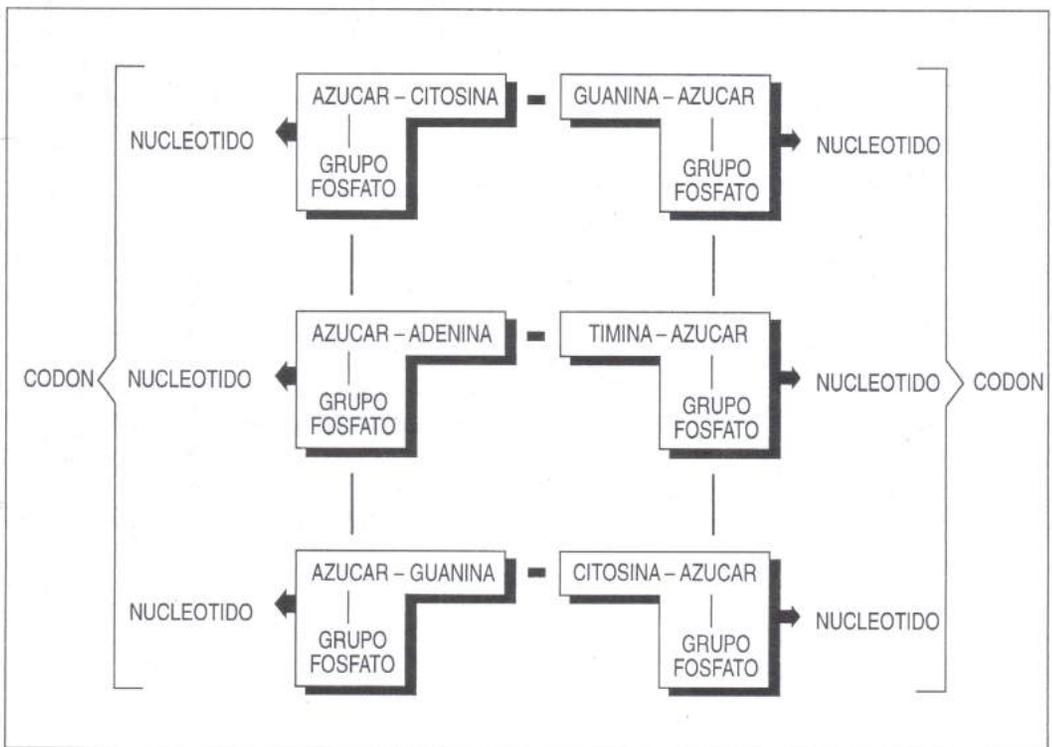


Fig. 1. La unión de una desoxirribosa, un ácido fosfórico y una base nitrogenada forma un nucleótido; la unión de tres nucleótidos forman un codón, la unión de más o menos mil codones forma un gen y la unión de miles de genes forman un cromosoma.

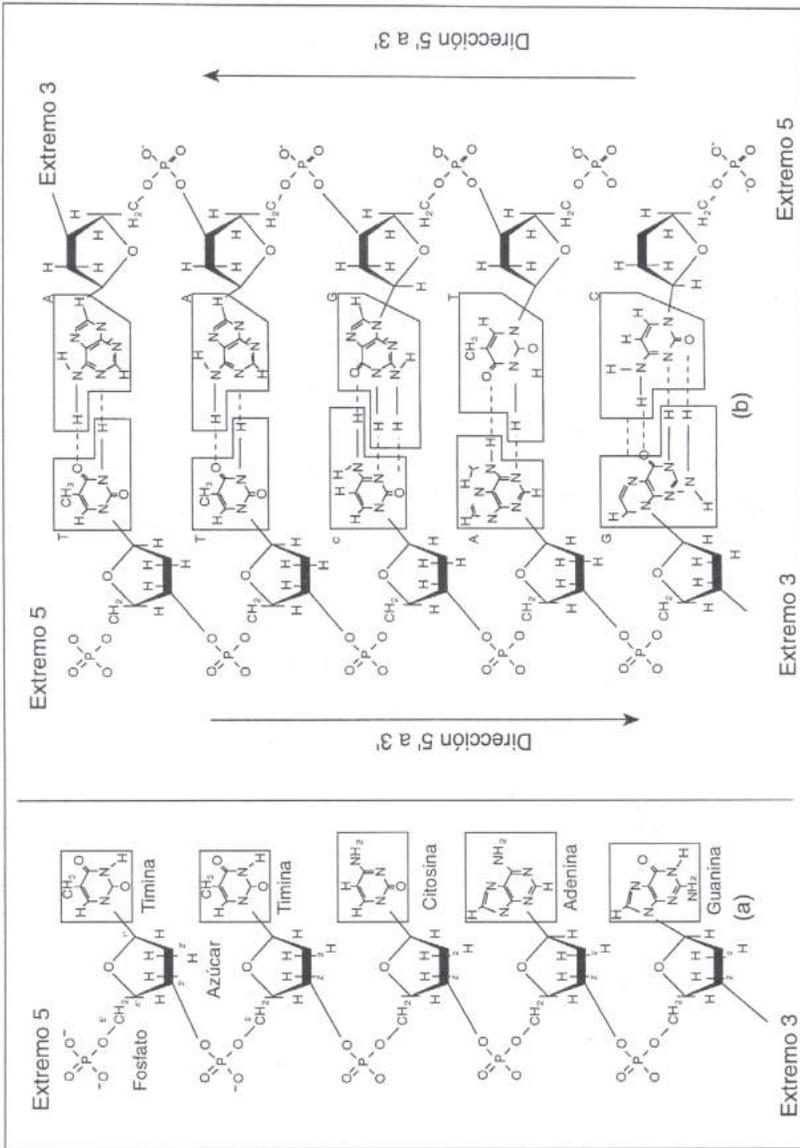


Fig. 2. a) La estructura de una parte de una cadena de una molécula de DNA. Cada nucleótido consiste en un azúcar-desoxirribosa, un grupo fosfato y una base purica o pirimidica. Nótese la secuencia repetida azúcar-fosfato-azúcar-fosfato que forma el esqueleto de la molécula. Cada grupo fosfato está unido al carbono 5' de una subunidad de azúcar y el carbono 3' de la subunidad de azúcar del nucleótido contiguo. Así, la cadena de DNA tiene un extremo 5' y un extremo 3' determinados por estos átomos 5' y 3'. La secuencia de bases varía de una molécula de DNA a otra. Aquí, el orden de los nucleótidos, que por convención se escribe en las direcciones 5' a 3', es TTCAG. b) La estructura de doble cadena de una porción de una molécula de DNA. Las cadenas se mantienen unidas por puentes de hidrógeno (representados aquí por guiones) entre las bases. Nótese que la adenina y la timina pueden formar dos puentes de hidrógeno, mientras que la guanina y la citosina pueden formar tres. Dado estos requerimientos de enlace, la adenina puede aparearse sólo con la timina y la guanina sólo con la citosina. Así, el orden de las bases en una cadena determina el orden de las bases en la otra. Las cadenas son antiparalelas, o sea, la dirección desde el extremo 5' a 3' de una es opuesta al de la otra (Curtis, 1993).

lar que los aminoácidos, cuyo número era tan llamativamente cercano al número de letras de nuestro alfabeto, podían disponerse en una variedad de formas distintas. Los aminoácidos se veían como constituyendo un lenguaje, "el lenguaje de la vida", que deletreaba las instrucciones para todas las numerosas actividades de la célula (Curtis, 1993).

Investigaciones posteriores determinaron que el material básico para la herencia es el DNA, el cual fue aislado por primera vez por el alemán Friedrich Miescher; era una sustancia blanca, azucarada, ligeramente ácida y contenía fósforo; como la encontró en el núcleo, la llamó "nucleína"; posteriormente se transformó en ácido nucleico y mucho después en ácido desoxirribonucleico, para distinguirlo de otro compuesto químico que también está en la célula, el ácido ribonucleico. (RNA).

2. ESTRUCTURA DEL DNA

Según el modelo de James Watson y Francis Crick, el DNA está formado por una doble cadena; en cada una de ella se localizan los llamados nucleótidos que contienen a su vez tres tipos de moléculas: un azúcar, la desoxirribosa, un grupo fosfato, el ácido fosfórico y una base nitrogenada, que puede ser Adenina, Guanina (bases nitrogenadas púricas), Citosina o Timina (bases nitrogenadas pirimídicas). Varios nucleótidos forman un codón y varios codones forman un gen, que es la estructura responsable de la expresión de una característica determinada en un individuo (Fig. 1). Las dos cadenas están unidas por las bases nitrogenadas y siempre se unirá una Adenina con una Timina y una Guanina con una Citosina y para ello utilizan enlaces de hidrógeno, (véase la Figura 2).

		SEGUNDA LETRA					
		U	C	A	G		
Primera letra (Extremo 5')	U	UUU } phe UUC }	UCU } ser UCC } UCA } UCG }	UAU } tyr UAC }	UGU } cys UGC }	Tercera letra (Extremo 3')	U C A G
	C	CUU } leu CUC } CUA } CUG }	CCU } pro CCC } CCA } CCG }	CAU } his CAC }	CGU } arg CGC } CGA } CGG }		U C A G
	A	AUU } ile AUC } AUA }	ACU } thr ACC } ACA } ACG }	AAU } asn AAC }	AGU } ser AGC }		U C A G
	G	GUU } val GUC } GUA } GUG }	GCU } ala GCC } GCA } GCG }	GAU } asp GAC }	GGU } gly GGC } GGA } GGG }		U C A G

Fig. 3 CODIGO GENETICO. Los codones que se muestran aquí son los que aparecerán en la molécula de ácido ribonucleico mensajero (RNAm).

El DNA es un código para la estructura y la función biológica. Cada tripleta de nucleótidos (o tripleta de bases nitrogenadas), codifican un determinado aminoácido; esta información codificada es transcrita a una molécula de ácido ribonucleico mensajero (RNAm), en donde una Adenina se cambia por un Uracilo, una Citosina por una Guanina, una Guanina por una Citosina y una Timina por una Adenina. Los experimentos de Marshall Nirenberg y Heinrich Matthaei fueron cruciales para descifrar el código y permitieron descubrir los codones del RNAm para todos los aminoácidos (Ver Figura 3). De las 64 posibles tripletas, 61 especifican aminoácidos particulares y 3 son codones de terminación. Dado que 61 combinaciones determinan 20 aminoácidos, puede verse que debe haber más de un codón para la mayoría de los aminoácidos; así, se dice que el código genético es degenerado (Curtis, 1993).

3. SINTESIS DE PROTEINAS

Las instrucciones para la síntesis de proteínas están codificadas en secuencias de nucleótidos en la molécula de DNA. La replicación semiconservadora del DNA transmite estas instrucciones de las células madres a las células hijas y de generación en generación. Así, cada célula nueva y cada organismo nuevo hereda la información necesaria para sintetizar las proteínas específicas que determinan su estructura y funciones particulares (Oliver, 1977).

La síntesis de proteínas requiere de tres tipos de Acido ribonucleico, el mensajero (RNAm), el ribosomal (RNAr) y el de Transferencia (RNAt), estas moléculas difieren estructural y funcionalmente (De Robertis, 1978). El RNAm porta la información de los aminoácidos que formarán la molécula; el

RNAr forma el ribosoma con dos subunidades, la pequeña (40S) y la grande (60S); y el RNAt que son varias y cada una porta un aminoácido en particular y el anticodón.

El proceso completo es como se reseña a continuación (Tomado de Curtis, 1993).

- a. El DNA forma el RNAm y le transcribe la información para la formación de la proteína.
- b. La primera etapa, la iniciación, comienza cuando la subunidad ribosómica más pequeña se acopla a una cadena de RNAm cerca de su extremo 5', exponiendo su primer codón o codón iniciador.

A continuación, el primer RNAt se coloca en su lugar para aparearse con el codón iniciador del RNAm. Este codón iniciador que habitualmente es (5') -AUG- (3'), se aparea en forma antiparalela con el anticodón del RNAt (3') -UAC- (5'). El RNAt iniciador entrante que se une al codón AUG, lleva como su aminoácido una forma modificada del aminoácido metionina, N, formilmetionina o fMet. Esta fMet será el primer aminoácido de la cadena polipeptídica recién sintetizada, pero luego puede ser removido. La combinación de la subunidad ribosómica pequeña, el RNAm y el RNAt iniciador se conoce como el complejo de iniciación. Luego, la subunidad ribosómica más grande se une a la subunidad más pequeña, y el RNAt iniciador se encaja en el sitio P (peptidil) de la subunidad mayor, uno de los dos sitios de unión de las moléculas de RNAt. La energía para este paso la suministra la hidrólisis de la guanosina trifosfato (GTP).

- c. Al comienzo de la etapa de alargamiento, el segundo codón del RNAm se coloca en

al cual ahora se encuentran acoplados la fMet se transfiere de la posición A a la posición P. Un tercer RNAt- aminoácido se mueve a la posición A opuesta al tercer codón del RNAm y se repite el paso, la posición P acepta el RNAt que carga con la cadena polipeptídica creciente; la posición A acepta al RNAt que soporta al nuevo aminoácido que será añadido a la cadena. Esta operación la pueden realizar varios ribosomas al tiempo, dando como resultado la formación de varias moléculas de proteína.

- d. Hacia el final de la secuencia de codificación de la molécula de RNAm, hay un codón que sirve como señal de terminación. Se conocen tres codones de termi-

nación (UAG, UAA y UGA). No existe ningún RNAt con anticodones que se "emparejen" con estos codones, de manera que no entrará ningún RNAt al sitio A en respuesta a ellos. Cuando se alcanza un codón de terminación se detiene la traducción, la cadena polipeptídica se desprende y las dos subunidades ribosómicas se separan. Una síntesis del proceso puede verse en la Figura 4.

4. ESTRUCTURA DE LAS PROTEINAS

Las proteínas están formadas por 20 aminoácidos diferentes. Los aminoácidos comunes se definen como aquellos para los

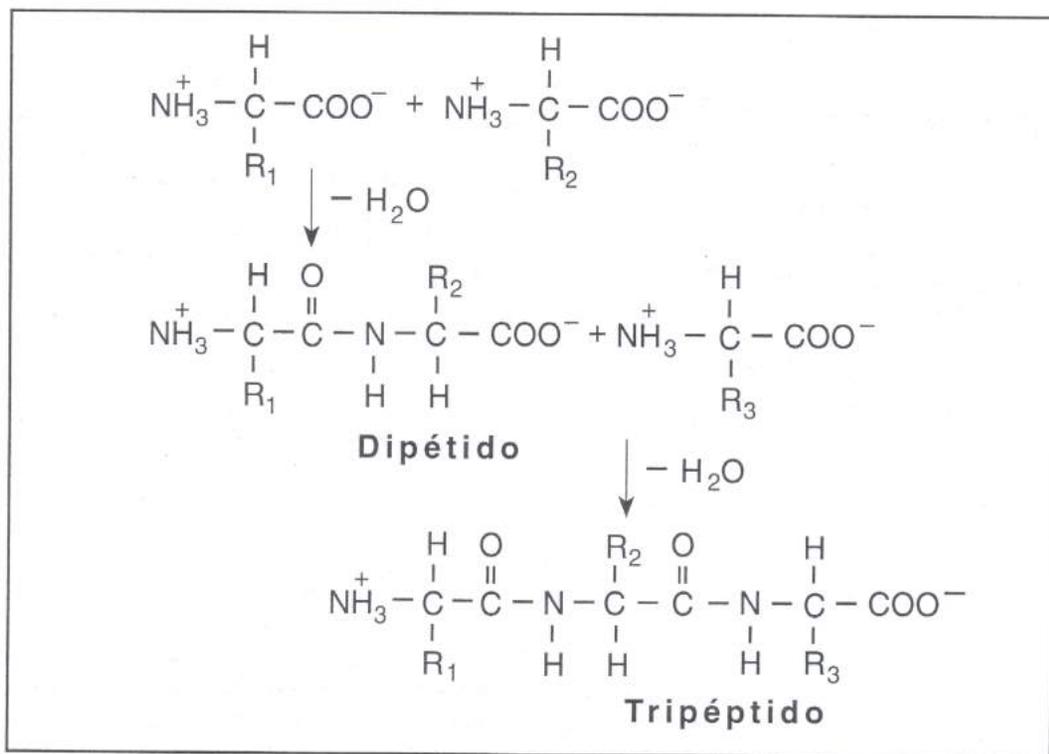


Fig. 5 Formación de los enlaces peptídicos.

que existe un codón específico en el código genético. Los aminoácidos derivados se forman a partir de los aminoácidos comunes, normalmente mediante una reacción facilitada por una enzima, después de que el aminoácido común se ha incorporado a la estructura proteica (Devlin, 1989).

El orden de aminoácidos de una proteína siempre es el mismo y el proceso de polimerización se inicia con la unión de dos de ellos mediante una reacción de hidrólisis, para formar el llamado dipéptido, gracias a la formación de un enlace peptídico; posteriormente, se une a otro aminoácido y se forma un tripéptido (Ver Figura 5) y así sucesivamente hasta la formación de la proteína completa.

METODOLOGIA

Para este taller didáctico se escogió la molécula de Insulina Humana por ser una de las más conocidas e importantes del cuerpo; se pudo haber trabajado con una proteína que tuviese un menor número de aminoácidos, pero son menos conocidas y en consecuencia el proceso pierde relevancia.

El taller se elaboró de la siguiente manera: Se tomó la secuencia de aminoácidos que presenta Stryer (1988) para esta proteína; con ella se elaboró la secuencia de bases nitrogenadas del RNAm consultando el cuadro del Código genético; teniendo ya esta molécula se armaron las dos cadenas del DNA y a su vez los anticodones de las moléculas de RNAt, para poder saber de qué manera se iban a unir los aminoácidos con su respectiva molécula.

Una vez fabricadas las partes básicas: DNA, RNAm, RNAt y los aminoácidos, se consultó la estructura de los ribosomas y se elaboró el modelo con las dos subunidades,

la pequeña (40S) y la grande (60S); para la pequeña se hizo un modelo que permitiera el desplazamiento de la molécula de RNAm en dirección 5', 3', y para la grande los dos sitios estratégicos (peptidil y aminoacil). Como el procedimiento general permite que se vayan uniendo unos aminoácidos con otros, a cada modelo se le dejó una pestaña al lado izquierdo para permitir que se realizara este evento. En cuanto a la unión del RNAt con el RNAm se utiliza cinta debido a que en este proceso las moléculas se unen y luego se separan en forma sucesiva.

Al final del proceso se obtiene una tira larga de la secuencia de aminoácidos de la molécula; se pudo haber trabajado con las siglas de cada aminoácido; sin embargo, para una mejor comprensión de lo que pasa, se utilizan los nombres.

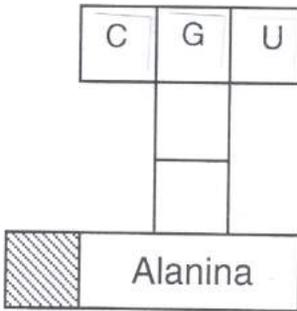
Una primera versión de este modelo se trabajó con los estudiantes del primer semestre del Departamento de Química y Biología en 1993; se recogieron las sugerencias, los logros, las dificultades y las inconsistencias para ajustar el modelo y obtener una segunda versión la cual fue revisada y evaluada por algunos licenciados en Química y Biología de la Universidad de La Salle y algunos profesores del Departamento, entre los cuales se destacan la Doctora Deisy Maestre (profesora de Genética) y el Doctor Fabio Wilches (profesor de Bioquímica), quienes contribuyeron de manera fundamental a obtener la tercera versión que es la que se publica en esta oportunidad.

Se espera que este taller contribuya a la comprensión de este tema básico de la fisiología celular y a su vez sirva de base para la elaboración de futuros modelos de otras proteínas, en donde se puedan poner en práctica conceptos básicos aprendidos en asignaturas como Biología general, genética, bioquímica y fisiología animal; es en últimas, un taller de refuerzo.

PROCEDIMIENTO

1. Recorte y arme la figura número 7 que corresponde a la molécula de DNA que contiene las bases nitrogenadas del gen que codifica la producción de insulina humana. El modelo presenta 14 porciones que formarán una sola tira y se organiza de la siguiente manera: la porción número 2 se pega a la parte rayada que está al final de la porción 1; la porción 3 se pega a la parte rayada que está al final de la porción 2 y así sucesivamente.
2. Recorte y arme la figura número 8, que corresponde a la molécula de RNAm, para lo cual se seguirá el mismo procedimiento del punto anterior.
3. Divida la molécula de DNA en dos mitades A y B; cada una corresponde a las cadenas de esta molécula, deje a un lado la cadena B y trabaje con la cadena A; cuando haya terminado todo el proceso las podrá volver a unir con cinta pegante al respaldo. El proceso se puede realizar sin cortar las dos cadenas, sin embargo, hágalo para verificar así el proceso de separación de las cadenas del DNA que se da al momento de formarse el RNAm.
4. Haga coincidir la molécula de RNAm con la cadena A del gen de la insulina y realice la transcripción de bases nitrogenadas, recuerde que una Adenina (A), se cambia por un Uracilo (U), que una Timina (T) se cambia por una Adenina (A), que una Citosina (C) se cambia por una Guanina (G) y que una Guanina se cambia por una Citosina.
5. Vuelva a unir las dos cadenas de DNA y guárdelas para la fabricación de una nueva molécula de insulina, donde se repetirá este mismo proceso. De aquí en adelante trabaje con la cadena de RNAm que se ha formado.
6. Recorte los 87 modelos de aminoácidos que aparecen en la figura número 9 y colóquele a cada uno su nombre, de acuerdo a la siguiente distribución: Hay,

1 metionina	3 asparaginas
11 glicinas	3 fenilalaninas
2 isoleucinas	2 histidinas
6 valinas	4 argininas
8 ácidos glutámicos	3 treoninas
6 cisteinas	3 prolinas
4 alaninas	2 lisinas
5 serinas	7 glutaminas
12 leucinas	1 ácido aspártico
4 tirosinas	
7. Recorte cada una de las moléculas de Acido Ribonucleico de transferencia (RNAt) que aparecen en la figura número 10; observe que cada uno posee en su parte superior 3 bases nitrogenadas que forman el llamado anticodón que servirá de clave para unirse con el RNAm. Cada molécula de RNAt debe portar un aminoácido en especial y para saber cuál le corresponde a cada molécula consulte la figura número 3 en donde aparece el código genético, búsquelo y pégueselo para reconstruir lo que en realidad sucede al interior de la célula; por ejemplo, si el RNAt posee el anticodón CGU se sabrá que el codón es GCA (las bases nitrogenadas contrarias) y al buscarlo en el código genético vemos que este codón corresponde al aminoácido alanina; busque este aminoácido entre los modelos que recortó y marcó en el punto 6 y pégueselo en la parte rayada que tiene en RNAt para tal fin, se formará la siguiente figura:



Repita el mismo procedimiento para cada uno de los 87 aminoácidos.

8. Una vez que haya pegado cada aminoácido a su respectiva molécula de RNAt recorte las dos subunidades del ribosoma. (fig. 11). Tome la subunidad pequeña y con una cuchilla corte por las partes punteadas para pasar por allí la molécula de RNAm (fig. 6,a), allí aparecerán 6 bases nitrogenadas AUGUUC; la primera tripleta es AUG y se buscará una molécula de RNAt (con su aminoácido ya pegado) que posea el anticodón UAC que son las bases nitrogenadas contrarias que portará el aminoácido metionina, una vez lo haya encontrado colóquelo al frente de la tripleta correspondiente (fig 6,b). Para ello utilice un pedazo de cinta que se pueda volver a reutilizar.

Una la subunidad ribosómica grande a la pequeña (sobre la parte rayada de ésta) y como el RNAm se debe desplazar hacia su izquierda entonces es conveniente que las dos subunidades ribosómicas vayan pegadas a una tabla o una cartulina, para evitar el estarlo teniendo; observe que el RNAt con el aminoácido metionina quedó sobre el sitio P (peptidil) de la subunidad grande (fig. 6,c) y el segundo codón del RNAm quedó sobre el sitio A (aminoacil).

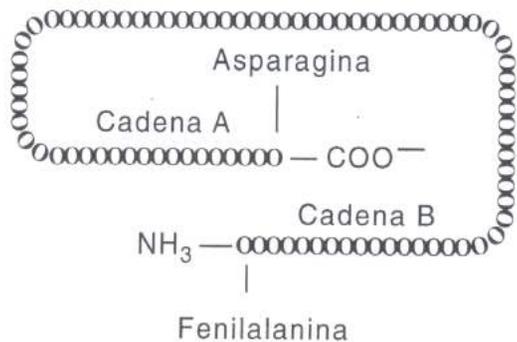
Busque la molécula de RNAt para el segundo codón del RNAm y acomódalo ahí.

Para este ejemplo será el que porte el anticodón AAG que corresponde a la fenilalanina (fig. 6,d), como la fenilalanina tiene una pestaña rayada en la parte izquierda, esta se utiliza para unirse con la metionina.

Desprenda la molécula de RNAt que porta la metionina y deséchela. Hale la molécula de RNAm hacia la izquierda y observe que sobre el sitio A (aminoacil) aparece otra tripleta; busque la molécula de RNAt que porte el anticodón y únala al RNAm, una el nuevo aminoácido y desprenda la molécula de RNAt que quedó en el sitio P (peptidil) (fig. 6,e).

9. Cuando llegue al último codón que es UGA, comprobará que no existe ya más moléculas de RNAt, en este momento se liberará el último RNAt que está en la posición P y quedará armada toda la molécula con una secuencia de 86 aminoácidos, ya que el primero que era la metionina se recorta y se desecha pues sólo sirvió para iniciar el proceso de traducción; la molécula con los 86 aminoácidos se denomina preproinsulina; si todo ha estado correctamente el primer aminoácido será la fenilalanina y el último la asparagina.

10. Doble la molécula de la siguiente manera:



Recorte los puentes de azufre que están en la Figura 11 y utilícelos así: un puente entre el aminoácido 7 y el 72; otro entre el aminoácido 19 y el 85 y el último entre el aminoácido 71 y 76. De esta forma, tenemos ya la molécula de preinsulina.

11. Realice dos cortes, uno en el aminoácido 30 y otro en el aminoácido 65; de esta manera quedará formada la molécula de insulina humana con sus dos cadenas, la cadena A con 21 aminoácidos y la cadena B con 30; en este caso el corte se hace con tijeras pero en la realidad esto lo realizan las proteasas; en total la molécula de Insulina Humana posee 51 aminoácidos.
12. Una vez construida la molécula de insulina humana, péguela en hojas blancas para evidenciar bien su estructura y poderla confrontar con el libro de Stryer.

LITERATURA CITADA

ARCÁ, M. Y GUIDONI, P. 1989. Modelos infantiles y modelos científicos sobre la morfología de los seres vivos. Enseñanza de las ciencias 7(2), 162-167.

EVERS, Charlotte. 1981. Biología Celular. 2a. ed. México. Grupo Editorial Iberoamericano.

CURTIS, Helena y BARNES, Sue. 1993. Biología, 5a. ed. Buenos Aires. Editorial Médica Panamericana.

DE ROBERTIS, E.D.P; SAENS, Francisco y DE ROBERTIS, E.M.F. 1978. Biología Celular. 10a. ed. Buenos Aires, Ateneo.

DEVLIN, Thomas. 1989. Bioquímica. 2a. ed. Barcelona, Reverté S.A.

GUYTON, Arthur. 1984. Fisiología Humana. 5a. ed. México, Interamericana.

HOAGLAND, Mahlon. 1985. Las raíces de la vida. 1a. ed. Barcelona. Salvat Editores.

KIMBALL, John. 1986. Biología. 4a. ed. México. Grupo Editorial Iberoamericana.

MARTINAND, J.L. 1986. Enseñanza y Aprendizaje de la modelización. Enseñanza de las ciencias. 4(1), 45-50.

McELROY, William y SWANSON, Carl. 1968. Foundations of Biology. 1a. ed. New York. Prentice-Hall.

OLIVER, Fernando. 1977. Fundamentos de Genética. 1a. ed. Cali. McGraw Hill Latinoamericana.

STRYER, Lubert. 1988. Bioquímica. 3a. ed. Tomos I y II. Barcelona. Reverté S.A.

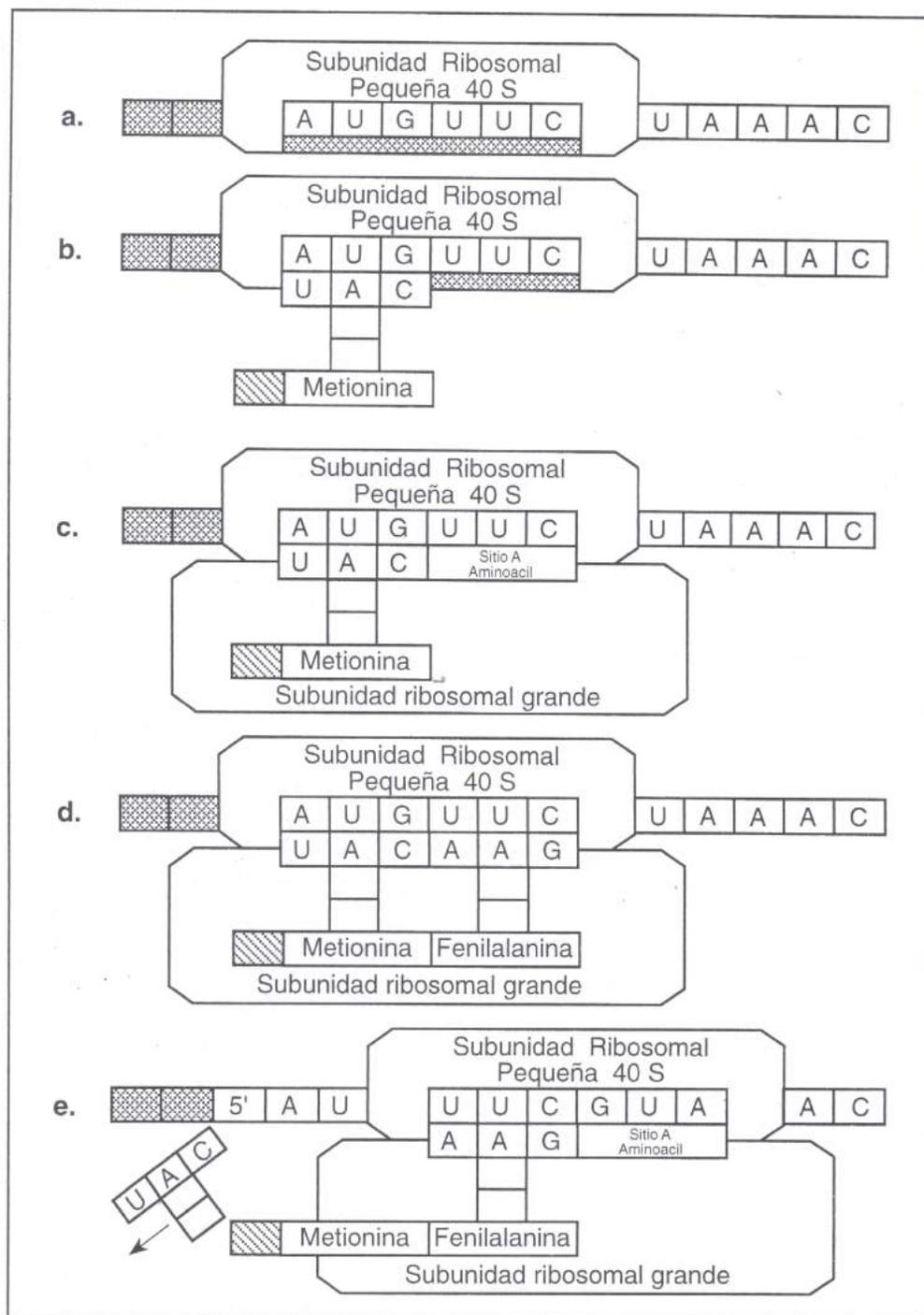


Figura 6.

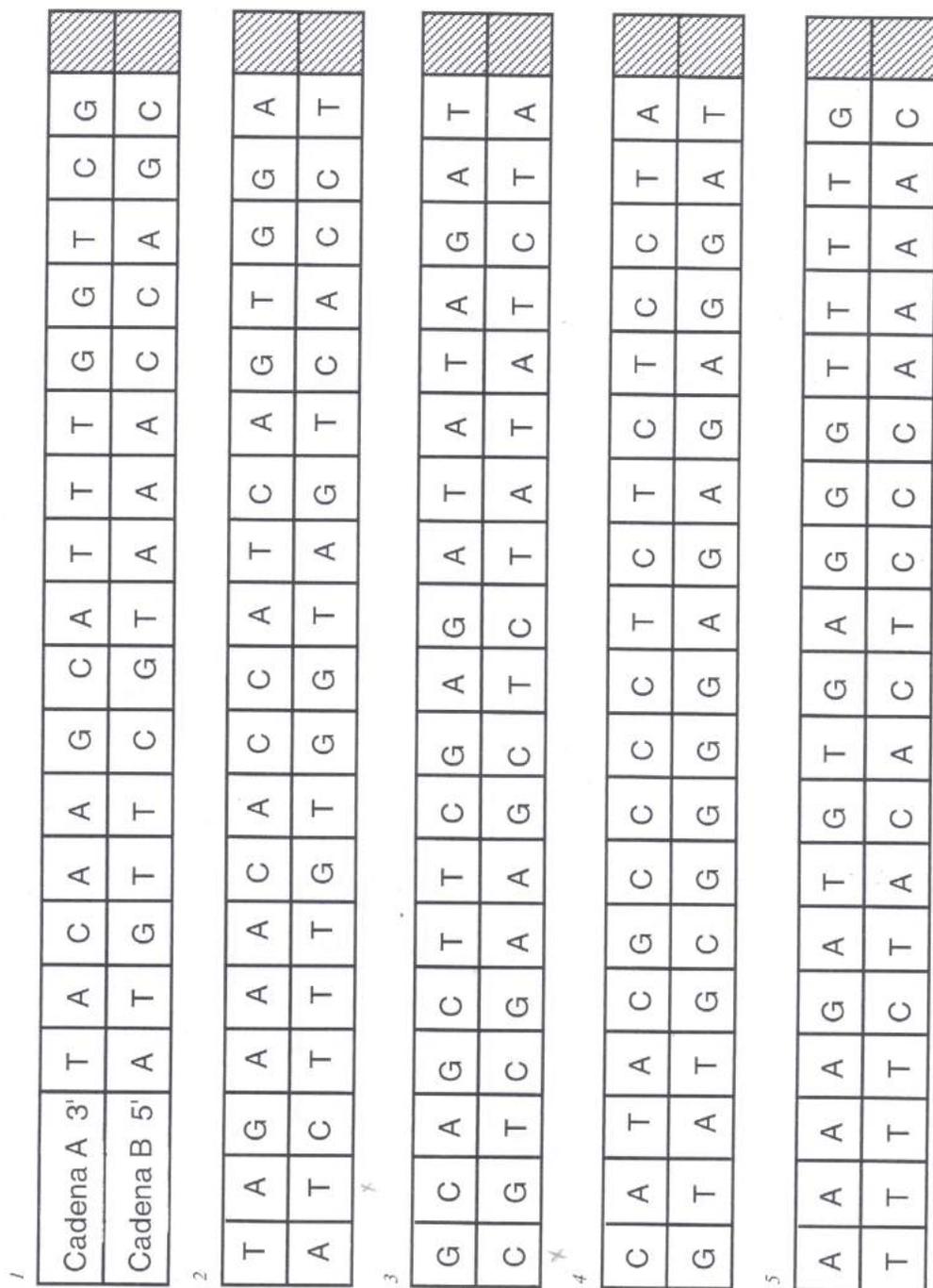


Figura 7. Modelo de DNA

6	G	G	C	A	T	C	C	C	T	T	C	G	T	C	C	T	C	G	G	C
	C	C	G	T	A	G	G	G	A	A	G	C	A	G	G	A	G	A		
7	G	A	C	G	T	C	C	A	C	C	C	T	G	T	C	A	G	C	G	C
	C	T	G	C	A	G	G	T	G	G	G	A	C	A	A	G	T	C		
8	T	C	G	A	C	C	C	A	C	C	G	C	C	T	G	G	C	C	G	C
	A	G	C	T	G	G	G	T	G	G	C	G	A	C	C	G	C	G		
9	T	C	G	T	C	C	C	T	C	G	G	A	C	G	T	T	G	G	G	C
	A	G	C	A	G	G	G	A	G	C	C	T	G	C	A	A	C	C		
10	G	A	T	C	G	A	G	A	G	C	T	C	C	C	T	T	C	G	G	C
	C	T	A	G	C	T	C	T	C	G	A	G	A	G	A	A	G	C		

Figura 7. Modelo de DNA

11

A	C	G	T	C	T	T	T	G	C	C	C	G	T	A	A	C	A
T	G	C	A	G	A	A	A	C	G	G	G	C	A	T	T	G	T

12

C	C	T	C	G	T	C	A	C	G	A	C	A	T	G	G	T	C	G
G	G	A	G	C	A	G	T	G	C	T	G	T	A	C	C	A	G	C

13

T	A	T	A	C	A	T	C	G	G	A	A	A	T	A	G	T	C	G
A	T	A	T	G	T	A	G	C	C	T	T	T	A	T	C	A	G	C

14

A	C	C	T	C	T	T	G	A	T	G	A	C	G	T	T	A	A	C	T
T	G	G	A	G	A	A	C	T	A	C	T	G	C	A	A	T	T	G	A

5'
3'

Figura 7. Modelo de DNA

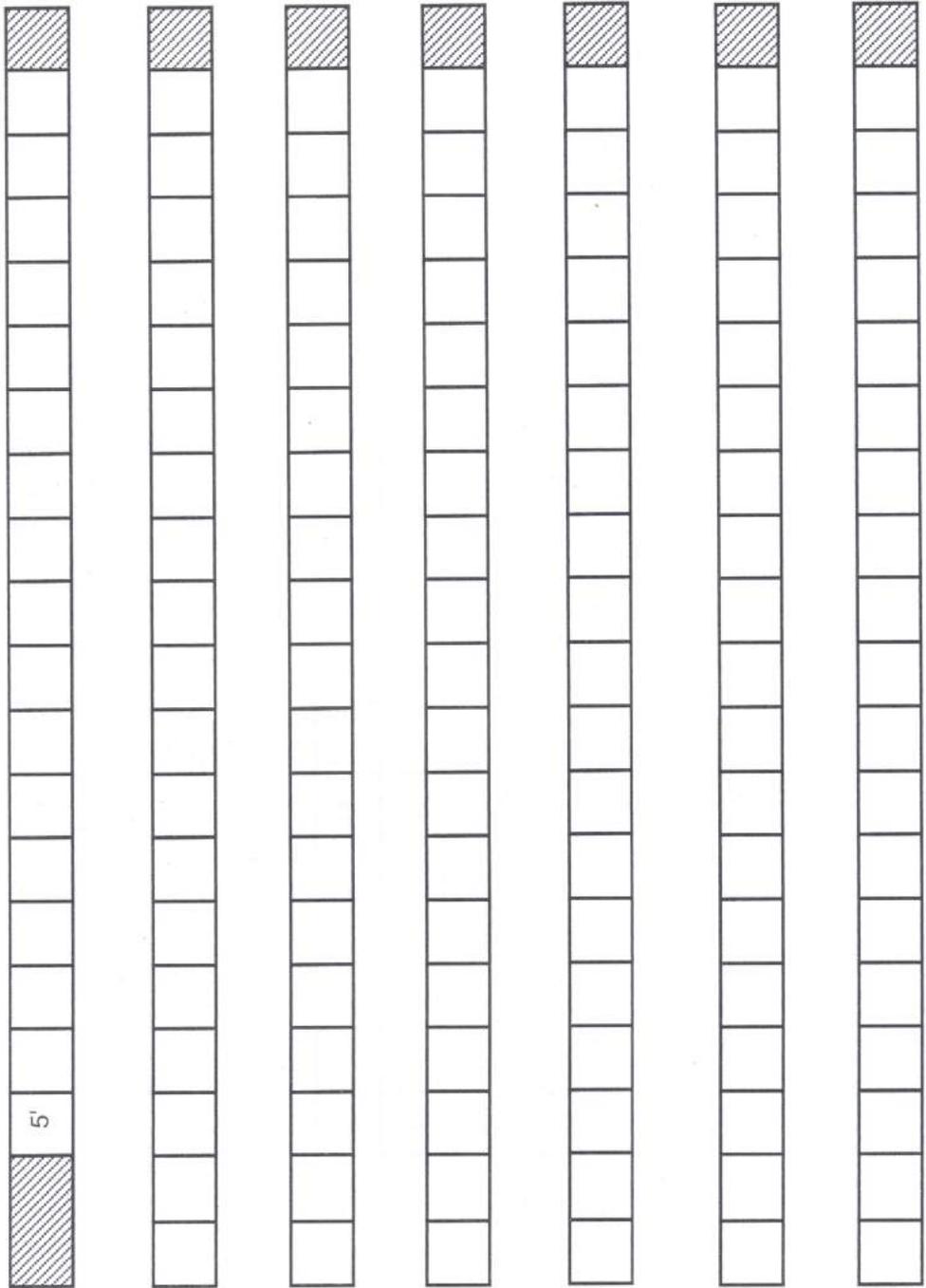


Figura 8. Modelo de RNA m

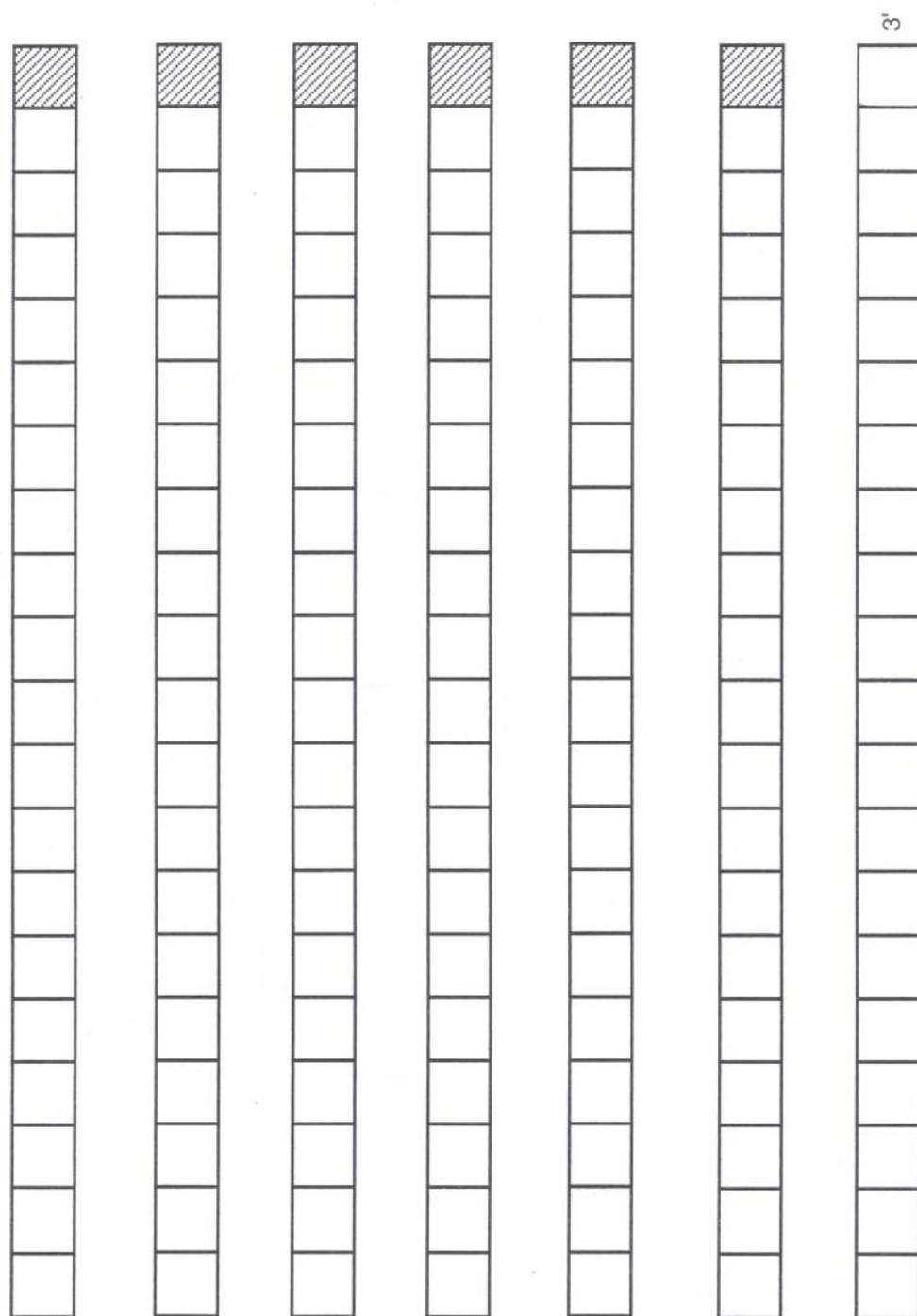


Figura 8. Modelo de RNA m

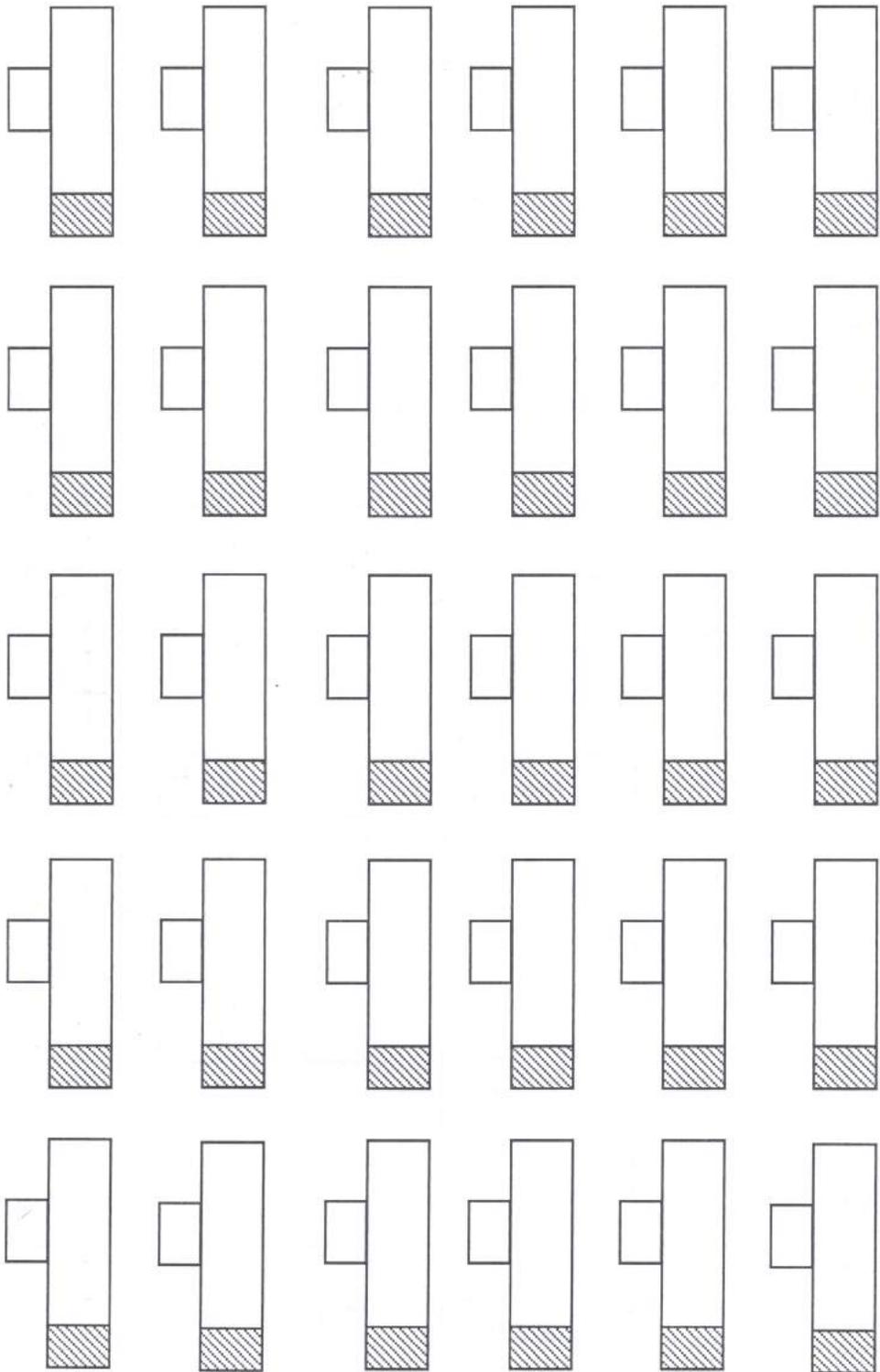


Figura 9. Modelos de aminoácidos

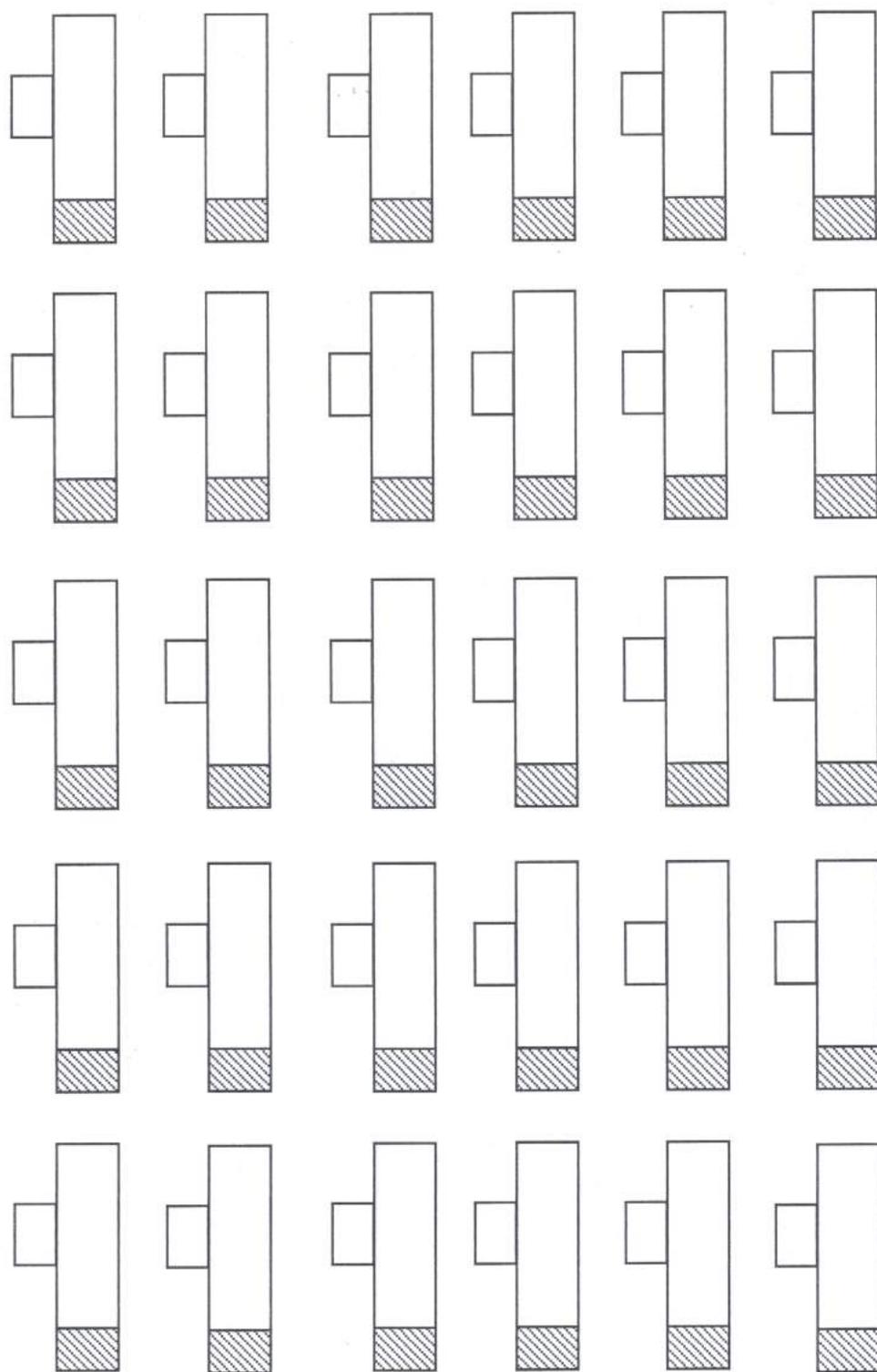


Figura 9. Modelos de aminoácidos

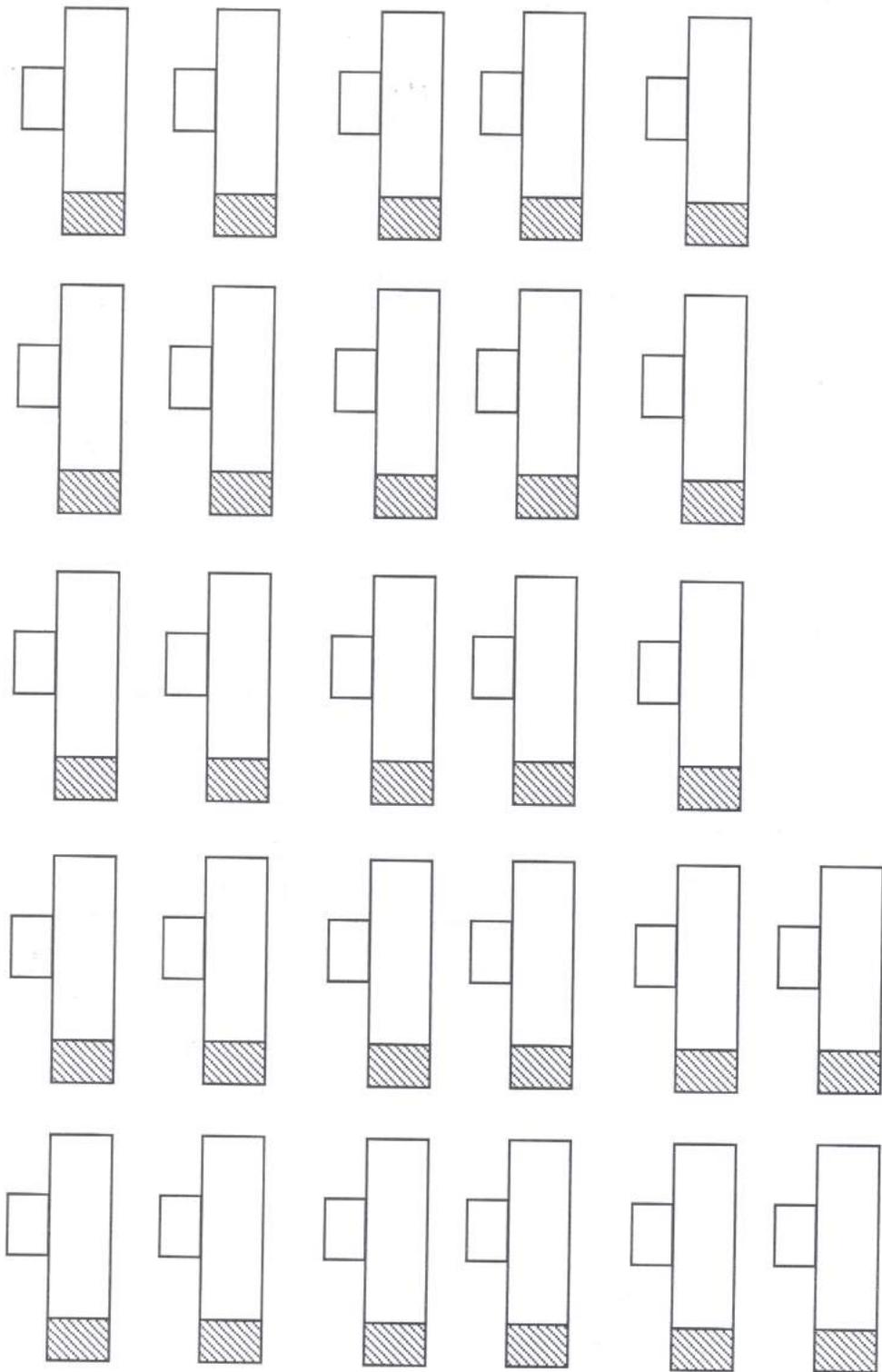


Figura 9. Modelos de aminoácidos

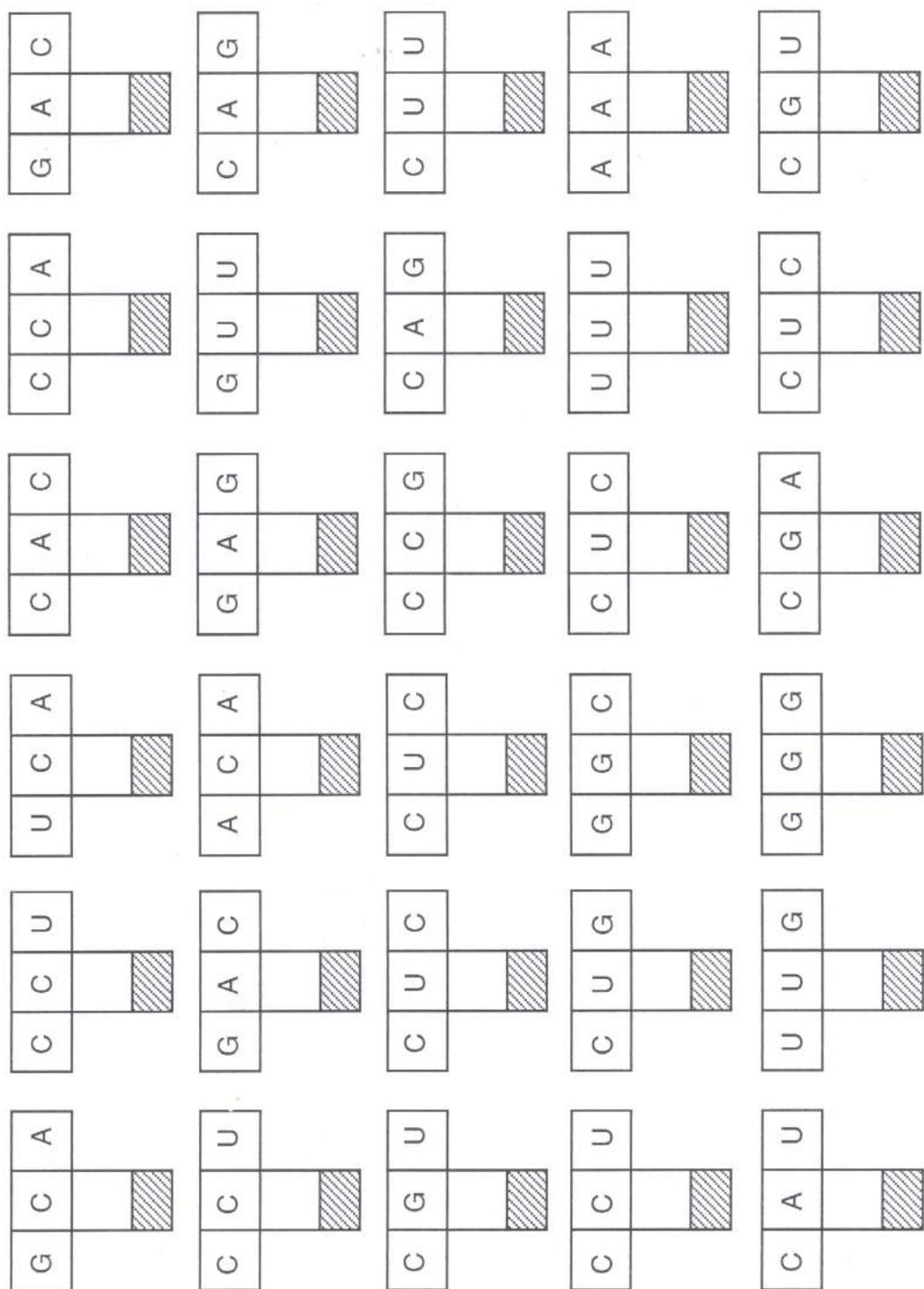


Figura 10. Modelos de RNAI

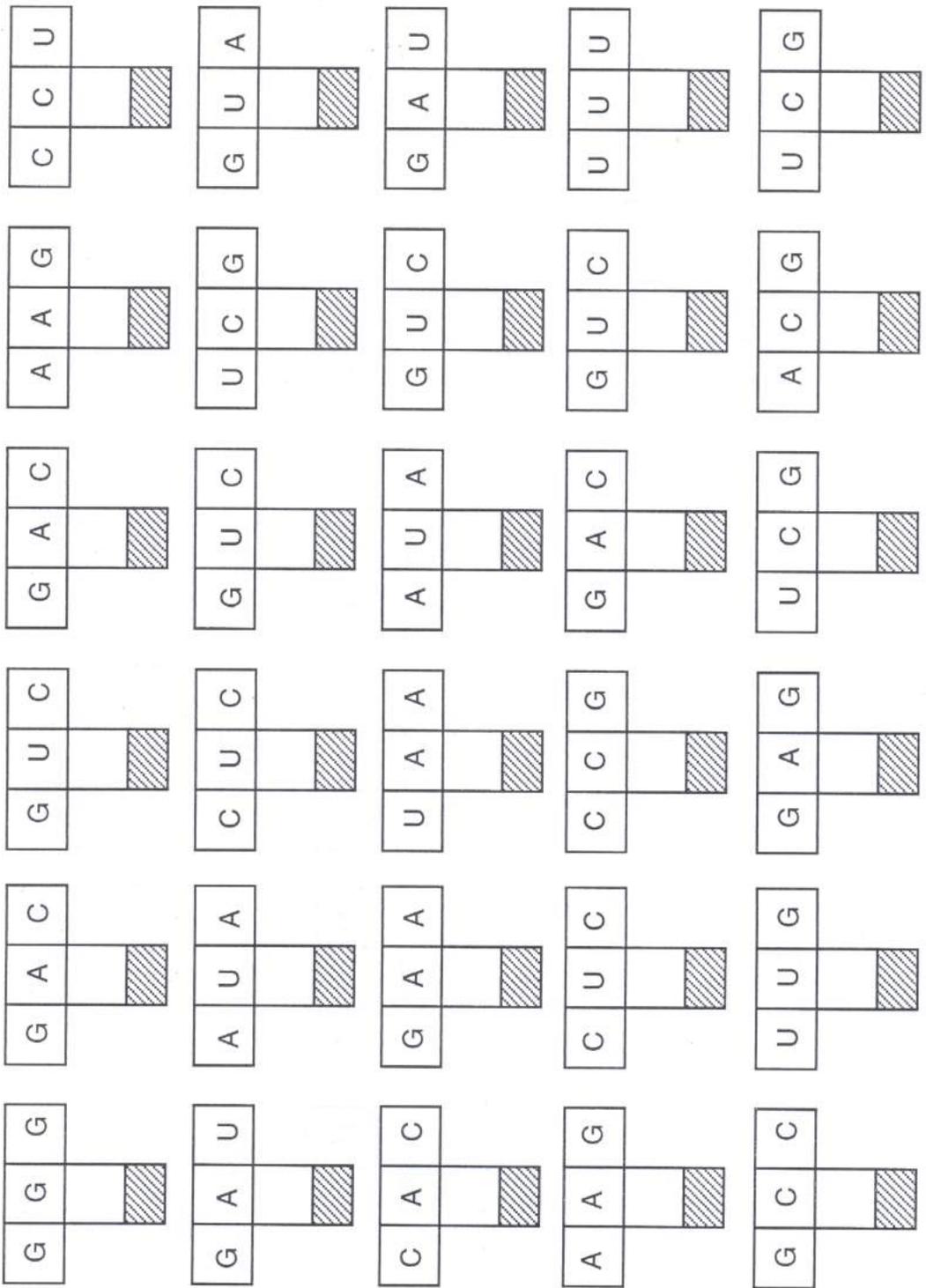


Figura 10. Modelos de RNAI

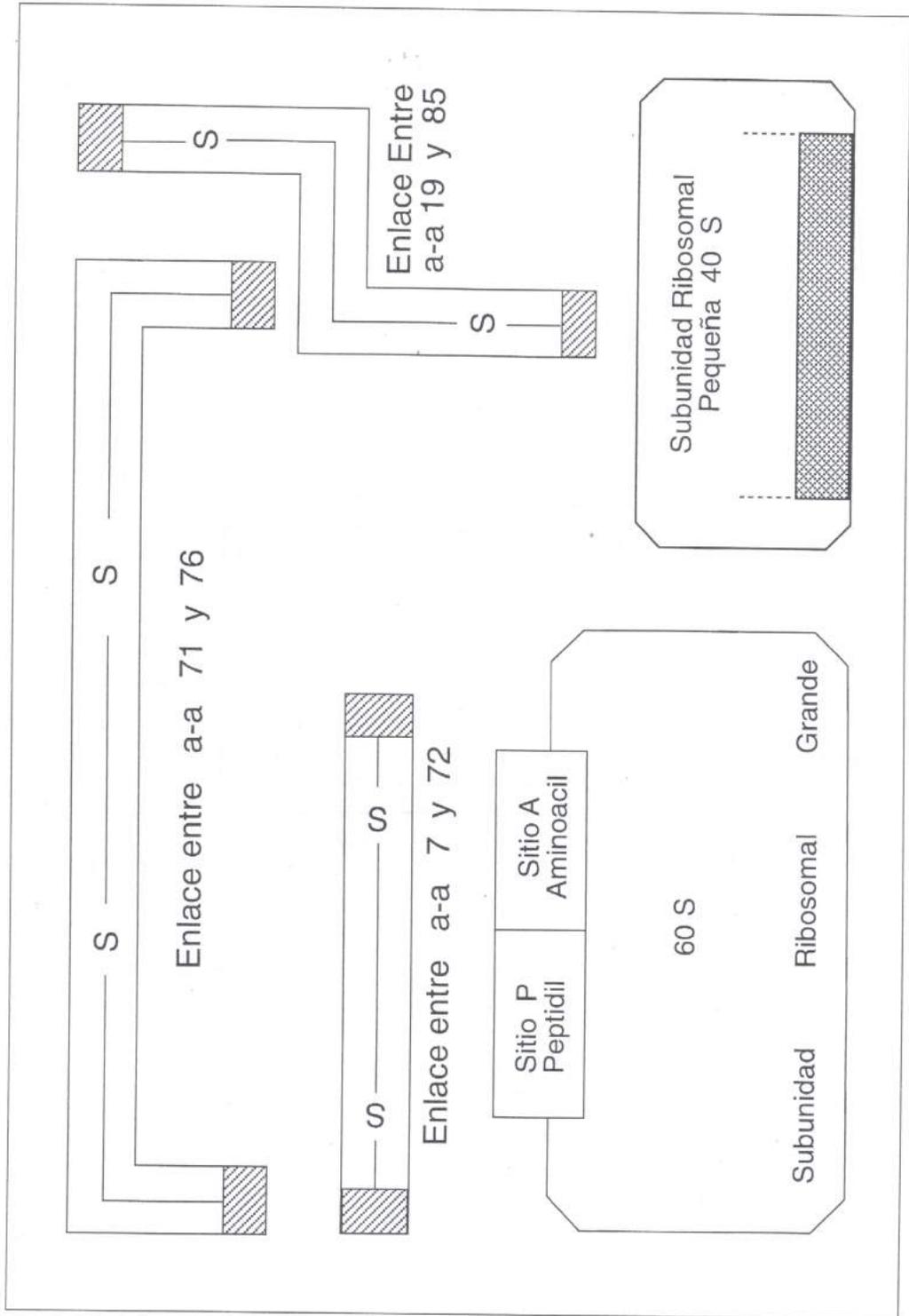


Figura 11. Modelos de enlaces y de ribosoma