

UNIVERSIDAD DEL SURESTE

Licenciatura en Medicina Humana

Materia:

Biología Molecular

Ensayo

Transcripción genética (Eucariota y Procariota)

Docente:

QFB. Hugo Nájera Mijangos

Alumno:

Víctor Eduardo Concha Recinos

Semestre y Grupo:

4° "A"

Comitán de Domínguez, Chiapas a; 23 de Septiembre/ 2020.

“TRANSCRIPCIÓN”

La transcripción del ADN es el primer proceso de la expresión genética, mediante el cual se transfiere la información contenida en la secuencia del ADN hacia la secuencia de proteína utilizando diversos ARN, la iniciación nos menciona la literatura que es un proceso importante para poder determinar los genes que se pueden expresar en tiempo y forma, por medio de polimerasas de RNA a través de una identificación del sitio inicial para la transcripción se puede descifrar este proceso. La transcripción puede dividirse para su estudio en 2 grupos; la transcripción de eucariontes y de procariontes.

En eucariontes, se dice que la regulación del inicio de este proceso se va a propiciar por distintos niveles (Nivel promotor, estimulador, dinámica del nucleosoma y condensación del cromosoma) a diferencia de la transcripción por procariontes que se solo utilizará los primeros 2 niveles.

Tipos y estructuras de las polimerasas del RNA:

- Procariontes:

Tanto las polimerasas del DNA como las del RNA agregan nucleótidos trifosfatados sobre una cadena de ácidos nucleicos persistentes. Sin embargo una diferencia muy importante es que la polimerasa de RNA si es capaz de iniciar la síntesis de una cadena nueva sobre la ya existente, en tanto que la del DNA no. (Carlos Beas, 2009) La velocidad de reacción en bacterias es del orden de 40 nucleótidos; adicionados por segundo a 37°C es la misma velocidad de traducción (15 aminoácidos/s).

- Eucariontes:

Para comenzar a hablar sobre la transcripción en eucariontes, es fundamental saber que existen 3 distintos tipos de polimerasas de RNA (I, II y III) además de esto, se encuentran unidas de 12 a 15 proteínas plasmáticas pequeñas adicionales. “Estas polimerasas carecen de proteínas equivalentes al factor gamma de procariontes, por lo que la iniciación de la transcripción la debe de realizar otro tipo de proteínas.” (Carlos Beas, 2009)

Proceso de Transcripción en procariontes:

- Iniciación:

Inicia cuando una polimerasa del RNA se va a unir a una cadena molde del DNA, reconociendo la primera base en la que puede copiarse. “Según la regla de apareamiento de bases la presencia de guanina en este sitio produce que dicha polimerasa seleccione un CTP de la

mezcla de los cuatro diferentes tipos de nucleótidos de trifosfato existentes.” (Carlos Beas, 2009) Una vez que se llega a producir el cambio conformacional en la polimerasa se podrá dar la lectura a la siguiente base expuesta de la cadena molde del DNA siendo esta una Adenina. Y la presencia de esta en una segunda posición puede inducir a que una enzima seleccione un ATP y a la formación de un enlace fosfodiéster en 3´ terminal del primer nucleótido, permitiendo eliminar así a un pirofosfato del UTP con la liberación de grandes cantidades energéticas.

Los promotores, son secuencias de DNA en las que se ensamblan complejos de transcripción, tienen secuencias de nucleótidos definidas, la más conocida es la caja TATA y la TTGACA, estos se localizan en los extremos 5´- terminales de los genes. “La secuencia promotora está formada por unos 70 pares de bases nitrogenadas, que concuerda con el tamaño de la Holoenzima polimerasa de RNA que es una esfera de unos 20nm de diámetro. (Carlos Beas, 2009)

- Crecimiento:

Para que pueda catalizarse el crecimiento de la cadena de RNA, es necesaria la intervención de la polimerasa RNA, uniéndose una cadena de RNA a la cadena de DNA por apareamiento de bases, formándose así los correctos enlaces de hidrógeno para determinar al nucleótido del molde de DNA, se dice que el centro activo de esta polimerasa reconoce a los ribonucleotidos trifosfatos entrantes, y cuando este entra en forma de enlaces de hidrogeno idóneos, la polimerasa catalizará a la formación del enlace fosfodiéster al que corresponde.

- Terminación:

Cuando ha finalizado la síntesis de RNA, esta molécula ya se ha separado por completo del DNA, la cual recuperará su forma original y la polimerasa de RNA terminando la transcripción. La terminación es otra etapa distinta de esta última, porque justo cuando el complejo de transcripción se ha ensamblado activamente, debe desensamblarse una vez que el crecimiento se ha completado. El proceso de terminación se encuentra señalizada por la información contenida en los sitios de secuencia del DNA que se está transcribiendo, por lo que la polimerasa de RNA se detiene al transcribir algunas secuencias especiales de DNA. Estas secuencias son ricas en timina, formando secuencias palindrómicas, que cuando se transcriben en el RNA recién sintetizado, adoptan una estructura en horquilla que desestabiliza el complejo RNA-DNA, obligando a separarse de la polimerasa de RNA llevando a cabo la renaturalización de la burbuja de transcripción.

Proceso de Transcripción en eucariontes:

- Formación del complejo de reiniciación:

Uno de los pasos más importantes para la expresión genética, es la iniciación de la transcripción del RNA en eucariontes. Las polimerasas del RNA eucarionte, a diferencia de las procariontes estas “requieren más de una proteína para reconocer el promotor y desdoblarse la doble hélice del DNA, de modo que conformen un complejo de preiniciación a manera de preparación para la iniciación transcripcional”. (Carlos Beas, 2009) la polimerasa I para la transcripción del precursor de RNAr, que contiene la información correspondiente del RNAr 28s, 5.8s, 18s y pequeños RNA, el gen correspondiente cuenta con 2 regiones en el DNA que se localizan previamente al inicio, se dice que un elemento de origen central más cercano a la iniciación y que otro elemento de control a-100 pb, son reconocidas por factores proteínicos de unión DNA necesarios para que puedan comenzar la formación de un complejo de pre iniciación, ambos factores crean un desdoblamiento del DNA que subsecuentemente permiten el reclutamiento de proteínas de unión a la caja TATA, así como los factores asociados, como requisito de que la polimerasa de RNA I pueda unirse y formar dicho complejo de pre iniciación. Para el caso de la polimerasa RNA III que sintetiza el RNAr 5s, los RNAt y el U6 RNAnp contienen una región reguladora en su interior, la cual transcribe a la caja A y a la caja B por un factor de transcripción III tipo c que luego traerá consigo a otro factor denominada III tipo b, los cuales van a incluir la proteína TBP para que se una polimerasa III.

Para la transcripción del gen RNAr y 5s, este posee una región reguladora conocida como caja C, reconocida por el factor de transcripción III tipo A, que permite el reclutamiento inmediato del factor TFIIIA, seguido del reclutamiento de TFIIIC y de TFIIIB para que la polimerasa RNAIII se una a este complejo multinómico de preiniciación. “Por último, la polimerasa de RNA II encargada de transcribir la gran mayoría de los RNAm de genes tanto constitutivos como inducibles y algunos RNA pequeños nucleares, a diferencia de las polimerasas I y III, requiere un mayor número de factores de transcripción para formar el complejo de preiniciación”. (Carlos Beas, 2009)

- Iniciación:

Cuando se presenta la unión de la polimerasa en RNA II, se genera a su vez, un complejo cerrado que se convierte luego en un complejo abierto, para que comience el movimiento de la enzima, se necesita además un desplegamiento adicional a las cadenas, en este paso, se ven implicados los factores transcripciones TFIIIE y TFIIH con algunas actividades

correspondientes a Helicasa. Se dice que la caja TATA alinea a la polimerasa de RNA a través del factor TFIID y de algunos otros factores. Garantizando así el inicio en el punto correcto, esto explica por qué la localización desde esta secuencia se vuelve fija con respecto a su punto de inicio. EN LOS PROMOTORES TATA: se requieren de los mismos factores generales de transcripción, incluso de TFIID.

- Factores y elementos 5´:

Los factores 5´ reconocen a las secuencias que se encuentran más alejadas del sitio de iniciación hacia el extremo 5´ con la finalidad de aumentar la eficiencia del suceso de iniciación. La caja GC se reconoce por el factor SP1. La caja GC más cercana suele estar entre 40 y 70 pb en dirección 5´ del punto de inicio pero el contexto es distinto en cada promotor, Una secuencia reconocida por un determinado factor es el modo más común del uso del elemento promotor. La caja CAAT puede ser reconocida en promotores diferentes por factores diferentes actuando como diana o blanco específico para la regulación.

- Estimuladores:

Entre las características más importantes de estos estimuladores, se encuentra; que generalmente incluyen secuencias repetidas, se encuentran formados por cientos de bases, pueden actuar a distancia miles de pares de bases del promotor y estos son activos en cualquier orientación respecto al promotor, incluso suele encontrárselos dentro del mismo gen.

- Crecimiento:

Después del complejo de pre iniciación, la abertura del DNA por factor FTIIH se abre en posición -10pb antes del inicio, utilizando la polimerasa del RNA II los NTP para la síntesis y crecimiento del transcrito hasta la señal de terminación en sentido de 5´ a 3´. Siendo el CTD muy importante para completar este proceso, ya que esta fase no se encuentra desfosforilada.

- Terminación:

Se añade un segmento de adeninas por una polimerasa de poliadenilato, en caso de ser RNAm y una vez sintetizado es RNA heterogéneo nuclear o bien, un transcrito primario, el cual se modifica antes de salir del núcleo.

Bibliografía

Carlos Beas, D. A. (2009). *Biología molecular "Fundamentos y aplicaciones"*. México, D.F : Mc Graw-Hill.