



UNIVERSIDAD DEL SURESTE



MEDICINA HUMANA

BIOLOGIA MOLECULAR.

QFB: Hugo Nájera Mijangos.

TEMA:

Ensayo: transcripción genética y síntesis de proteínas



PRESENTA:

LÓPEZ HERNANDEZ SANDIBEL

OCTAVO SEMESTRE, GRUPO UNICO.

Comitán de Domínguez Chiapas a 22 De septiembre del 2020

Para poder hablar de un proceso genético es importante tener en cuenta algunas bases fundamentales como saber en este caso que la transcripción es crucial para determinar qué genes se pueden expresar, cuándo y dónde. Es importante descifrar la iniciación de la transcripción por todas las polimerasas de RNA a través de la identificación del sitio de inicio para la transcripción..

Ahora bien hablando de la síntesis de proteínas es importante saber lo siguiente: La síntesis de proteínas o traducción tiene lugar en los ribosomas del citoplasma celular. “Los aminoácidos son transportados por el RNA de transferencia (RNAt), específico para cada uno de ellos, y llevados hasta el RNA mensajero (RNAm), donde se aparean el codón de éste y el anticodón del RNA de transferencia, por complementariedad de bases, y de esta manera se sitúan en la posición que les corresponde” (Dra. Verónica Chaparro Huerta, Dr. Carlos Beas Zárate, 2009).

La transcripción para eucariontes, la regulación del inicio de la transcripción ocurre a diferentes niveles: Nivel promotor, Nivel estimulador, Nivel de la dinámica del nucleosoma, Nivel de condensación del cromosoma,

Para el nivel Promotor se sabe que son señales del DNA que le indican al aparato de transcripción cómo debe iniciar una transcripción en un sitio específico cerca del promotor, el cual es regulado por factores auxiliares en sitios disponibles, esto hace que la cromatina no se condense y así evita la inhibición de la transcripción, los promotores que inician la transcripción se llaman fuertes, ya que raramente los débiles comienzan la transcripción.

Para la transcripción entre eucariontes y procariontes, para la transcripción en procariontes existe el factor sigma, durante la transcripción participa la ARN pol, la polimerasa de RNA sí es capaz de iniciar la síntesis de una cadena nueva sobre una ya existente, en tanto que la de DNA no, factor  $\sigma$  del cual existen varios tipos que varían en su peso molecular desde 28 a 70 kD. Este factor es determinante en el reconocimiento del sitio de iniciación en la transcripción; además, posee actividad de helicasa que permite la abertura del DNA. La síntesis de nucleótidos la realizan las otras cuatro proteínas que en su conjunto se conoce como núcleo, en tanto que el conjunto de las cinco proteínas se denomina holoenzima.

Para los eucariontes participan tres tipos de ARN polimerasa, estas polimerasas carecen de las proteínas equivalentes al factor  $\sigma$  de procariontes, por lo que la iniciación de la transcripción la debe realizar otro tipo de proteínas.

Dentro de los tipos de ARN polimerasa encontramos que una de las más importantes es la ARN II, es la encargada de transcribir los genes que originan las proteínas y algunos RNAnp, en tanto que las otras dos polimerasas transcriben sólo genes de RNA, mientras que la polimerasa I se localiza en el nucléolo y transcribe genes de RNAr excepto RNA 5S, la III también se localiza en el nucléolo y transcribe RNA 5S, RNAt, U6 RNAnp y algunos pequeños genes de RNA.

Ahora bien hablemos sobre el proceso de transcripción, este mecanismo de transcripción inicia cuando la polimerasa de RNA se une a la cadena molde de DNA y reconoce la primera base para copiarse, 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, "El complejo de transcripción del que forma parte la polimerasa de RNA necesita factores de iniciación que se unen a secuencias específicas del DNA para reconocer el sitio donde la transcripción ha de iniciar, Los promotores tienen secuencias de nucleótidos definidas, donde las más conocidas son la caja TATAAT y la caja TTGACA. Los promotores se localizan en los extremos 5'-terminales de los genes, es decir, por lo general en posiciones antes de iniciar la transcripción." (Dra. Verónica Chaparro Huerta, Dr. Carlos Beas Zárate, 2009).

**Crecimiento:** La polimerasa de RNA cataliza el crecimiento de la cadena del RNA. Una cadena de RNA se une por apareamiento de bases a la cadena de DNA, y para que se formen correctamente los enlaces de hidrógeno que determina el siguiente nucleótido del molde de DNA.

**Terminación:** Al finalizar la síntesis de RNA, esta molécula ya se ha separado por completo del DNA (que recupera su forma original) y también de 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.

Para el proceso de transcripción en eucariontes nos referimos a la participación de las tres ARN polimerasas, para el complejo de preiniciación a manera de preparación para la iniciación transcripcional. Así, en la polimerasa tipo I para transcribir el precursor del RNAr que contiene la información correspondiente a RNAr 28S, 18S, 5.8S y pequeños RNA.

Para el caso de la polimerasa de RNA III que sintetiza el RNAr 5S, los RNAt y el U6 RNAnp, contiene en el gen correspondiente para el RNAt una región reguladora en el interior de la región que se transcribe conocida como caja A y caja B, regiones reconocidas al mismo tiempo por el factor de transcripción III tipo C (TFIIIC); luego se recluta otro factor de transcripción III tipo B (TFIIB) donde se incluye la proteína TBP para por último permitir la unión de la polimerasa III, Esta región se reconoce por el factor de transcripción III tipo A (TFIIIA) que permite el reclutamiento inmediato del factor TFIIIC seguido del TFIIB para que finalmente la polimerasa de RNA III se una a este complejo multimérico de preiniciación. 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. Todos estos factores se denominan TFII (donde TF se refiere a transcription factor y II por la polimerasa II) tipos A, B, D, E, F y H.

Por ultimo hablaremos de la síntesis de proteínas mencionadas al principio del escrito, Este proceso es de fundamental importancia, ya que básicamente todas las características que presenta la célula (fenotipo) se regulan por la suma de sus actividades enzimáticas. En pocas palabras, todo lo que la célula es y puede realizar depende de la acción enzimática específica. Como casi todas las enzimas son proteínas, la morfología y funcionamiento celular depende del tipo de proteína que la célula debe armar. La síntesis del RNAt se realiza a través de la catálisis de la polimerasa del RNA III, Todos los RNAt tienen pG en el extremo 5' y pCpCpA en el extremo 3'. El extremo 3' se conoce como brazo del aminoácido o también brazo de unión al aminoácido o "ceptor", Cada tipo de RNAt lleva antepuesto el nombre del aminoácido que transporta, Por ejemplo, leucinil-RNAt para la leucina, lisinil-RNAt para la lisina.

**AMINOACILSINTETASA:** Es la enzima que cataliza la activación y la unión del aminoácido correcto al RNAt correcto, Existen 20 aminoacilsintetasas de RNAt diferentes, cada una específica para reconocer a un aminoácido y al RNAt compatible con él.

Es importante poder entender cada procedimiento el cual nos ayudara al final de la formación de nuevos aminoácidos, cada uno con una formación diferente." Los aminoácidos se activan por medio de las aminoacilsintetasas específicas y de ATP, antes de unir los aminoácidos a su RNAt específico" (Dra. Verónica Chaparro Huerta, Dr. Carlos Beas Zárate, 2009)

Para concluir es importante mencionar que en, Procariontes; Se comienza con la subunidad menor sola. IF-1 se une a la base del sitio A para forzar que el primer fMet-RNAt entre en el sitio P. IF-3 tiene una doble función, ya que se le necesita para estabilizar la subunidad 30S y para que el RNAm interaccione con dicha subunidad. IF-2 (como otros muchos factores de traducción) es del tipo de proteínas G que sirve para depositar el aminoacil-RNAt (fMet-RNAt en este caso) en el ribosoma. La hidrólisis de GTP y la interacción con la subunidad 50S permiten la liberación de los tres factores de iniciación.

Para los Eucariontes; El mecanismo de eucariontes es básicamente el mismo que el de procariontes, con la mayor parte de las diferencias acumuladas en la iniciación. Las principales son: "El ribosoma y sus subunidades son más grandes (40S + 60S → 80S). Los RNAr son mayores y hay más proteínas por subunidad ribosómica. La subunidad mayor contiene los RNAr 28S y 5S, pero además una 5.8S adicional que no existe en procariontes. El ribosoma no tiene sitio E. El RNAm es diferente y sus elementos distintivos son importantes. Durante el viaje al citoplasma, el RNAm puede adquirir una estructura secundaria que el ribosoma tiene que eliminar antes de traducirlo. El codón de iniciación es siempre AUG y no hay secuencias "(Dra. Verónica Chaparro Huerta, Dr. Carlos Beas Zárate, 2009).

## BIBLIOGRAFIA.

- Dra. Verónica Chaparro Huerta, Dr. Carlos Beas Zárate, 2009, BIOLOGÍA MOLECULAR FUNDAMENTOS Y APLICACIONES, MCGRAW-HILL INTERAMERICANA EDITORES, S.A. de C.V. PAG. 46 A 70. México, D. F.