

Universidad del Sureste

Escuela de Medicina

Diagrama de Flujo de Transcripción

Biología Molecular Clínica

8° "A"

- Docente: Q.F.B. Hugo Nájera Mijangos
- Alumno: Víctor Manuel Jiménez Valdivieso

02 de Octubre de 2020

Comitán de Domínguez, Chiapas

TRANSCRIPCION

En las rutas de transmisión de la información genética, se denomina transcripción al proceso de trasvase de la información contenida en el ADN a la molécula de ARN

MADURACION DEL TRANSCRIPTO PRIMARIO

Enzima que participa en la síntesis de ARN

ARN polimerasa

ARN polimerasa reconoce el inicio de la síntesis. Zona Promotor. Se da el número +1 al par de bases de ADN donde comienza la síntesis de ARN hasta +n será el último par de bases.

Tal y como lo copia el ARN polimerasa este último par de bases estará situado hacia el extremo 3' de la cadena molde de ADN

Los promotores más frecuentes presentan una secuencia estándar o secuencia consenso en las que ciertos nucleótidos aparecen con mayor frecuencia. Las secuencias consenso más frecuentes son dos; la primera situada a -10, denominada secuencia TATA o caja de Pribnow es 5'TATAAT3', y la segunda situada a -35

migrando hasta los promotores, cuando llega a esa posición se produce el desenrollamiento del ADN en una sección de unos 17 nucleótidos (en la secuencia -10), formando lo que se denomina burbuja de transcripción

Fase de inicio

Fase de elongación

Durante esta fase se produce el crecimiento de la cadena por incorporación de ribonucleótidos con bases complementarias, que forman el híbrido ADN-ARN en una secuencia de unos 12 pares de bases.

A medida que la ARN polimerasa avanza por la cadena molde de ADN los dos componentes del híbrido se van separando, volviendo la cadena de ADN a su configuración primitiva de doble hélice.

Fase de terminación

La ARN polimerasa continúa la copia de ADN hasta la presencia de una secuencia concreta de terminación que provoca su disociación. La secuencia de terminación suele estar formada por una repetición de bases de adenina que se transcribe como una secuencia de uracilos en el ARN sintetizado.

Estas secuencias no codificantes se denominan intrones, y las secuencias codificantes, exones. Para obtener un ARNm funcional se han de eliminar los intrones a través de un proceso denominado de corte y empalme ("splicing")

1.- corte y empalme

Los ARN ribosómicos, tanto de procariontas como de eucariotas, son sintetizados como largos transcritos primarios

La mayoría tiene en su extremo 5' un casquete formado por un nucleótido metilado de guanosina unido a través de un enlace 5'-5'trifosfato.

2.-corte

3.-Modificación de adición

4.-Modificación de Bases

Modificaciones químicas realizadas sobre las bases, como metilaciones, desaminaciones o reducciones. Determinan su estructura espacial o conformación natural.

Bibliografía:

Jesús Merino Pérez. (2018). Transcripción. 2020, de Unoversidad de Cantabria Sitio web:
<https://ocw.unican.es/pluginfile.php/879/course/section/967/Tema%25207C- Bloque%2520I-Transcripcion.pdf>