



**UNIVERSIDAD DEL SURESTE**

**ESCUELA DE MEDICINA**

**BIOLOGÍA MOLECULAR EN LA CLÍNICA**

**CATEDRÁTICO: QUÍMICO NAJERA MIJANGOS HUGO**

**ALUMNO: MARTÍN PÉREZ DURÁN**

**GRADO: 8**

**GRUPO: A**

**COMITÁN DE DOMÍNGUEZ, CHIAPAS, 25/09/2020**

## TRANSCRIPCIÓN GENÉTICA Y SÍNTESIS DE PROTEÍNAS

La iniciación de la transcripción es crucial para determinar qué genes se pueden expresar, cuándo y dónde. En 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.

### Proceso De Transcripción

La transcripción es el primer paso de la expresión génica, el proceso por el cual la información de un gen se utiliza para generar un producto funcional, como una proteína. El objetivo de la transcripción es producir una copia de ARN de la secuencia de ADN de un gen. En el caso de los genes codificantes, la copia de ARN, o transcrito, contiene la información necesaria para generar un polipéptido (una proteína o la subunidad de una proteína). Los transcritos eucariontes necesitan someterse a algunos pasos de procesamiento antes de traducirse en proteínas. Sin embargo, la transcripción presenta una serie de características que la diferencian de la replicación, como son:

- 1) El proceso se limita a una porción de ADN, se dice que es un proceso selectivo, ya que ha de reconocerse un punto de inicio y uno de terminación en la molécula de ADN.
- 2) El proceso puede repetirse infinidad de veces a lo largo de la vida de la célula, a diferencia de la replicación que es un proceso que marca la división celular, se dice que es reiterativo. Una región concreta de ADN puede ser copiada multitud de veces dando lugar a la formación de múltiples moléculas iguales de ARN.
- 3) El proceso no afecta a la estructura del ADN, es un proceso conservador de la molécula de ADN, el gen o genes copiados permanecen iguales.
- 4) El proceso es monocatenario, afecta a una sola de las cadenas del ADN, y la copia resultante, o ARN es una molécula de una única cadena o monocatenaria.

### Fases de la transcripción:

1. Fase de inicio: La ARN polimerasa debe reconocer el punto de inicio de la síntesis. Esta zona del ADN, descrita como promotor, consiste en dos secuencias cortas de

bases situadas 10 y 35 pares de bases del punto inicial de la síntesis. La ARN polimerasa se une al ADN migrando hasta los promotores, cuando llega a esa posición se produce el desenrollamiento del ADN formando lo que se denomina burbuja de transcripción.

2. 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.
3. 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. Uno de los procedimientos para terminar la transcripción depende de la presencia de un factor proteico denominado factor  $\rho$  (Rho). Esta proteína funciona como una helicasa respecto al híbrido ADN-ARN, y con gasto energético provoca la rotura de los enlaces que mantienen al ARN recién sintetizado unido al ADN y causa la separación de la ARN polimerasa de la cadena de ADN.

La mayor parte de las moléculas de ARN procariotas y la totalidad de las eucariotas recién sintetizadas, los denominados transcritos primarios, han de pasar por una serie de modificaciones o cambios que se conocen con el nombre de maduración del ARN o procesos postranscripcionales. Una de las características más sorprendentes que se producen en este proceso, es la participación de moléculas de ARN que tienen actividad catalítica o enzimática.

Los transcritos primarios de los ARNm y ARNt son los que experimentan más modificaciones. Dentro de todos los posibles sistemas de maduración se analizarán tres tipos fundamentales.

- 1) Corte y empalme.
- 2) Corte.
- 3) Modificaciones de adición.

## Síntesis de proteínas

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.

El m-RNA maduro contiene la información para que los aminoácidos que constituyen una proteína en vayan añadiendo según la secuencia correcta. Para ello, cada triplete de nucleótidos consecutivos (codón) especifica un aminoácido. Dado que el m-RNA contiene 4 bases, el número de combinaciones posibles de grupos de 3 es de 64, número más que suficiente para codificar los 20 aminoácidos. De hecho, un aminoácido puede ser codificado por varios codones.

La síntesis de proteínas tiene lugar de la manera siguiente:

- **Iniciación:** Un factor de iniciación, GPT y metionil-tRNA forman un complejo que se une a la subunidad ribosómica grande. A su vez, el m-RNA y la subunidad ribosómica pequeña se unen al encontrar esta última el codón de iniciación que lleva el primero. A continuación ambas subunidades ribosómicas se unen. El metionil-tRNA está posicionado enfrente del codón de iniciación (AUG). El GPT y los factores de iniciación se desprenden quedando el tRNA unido al ribosoma.
- **Elongación:** Un segundo aminoacil-tRNA (en el ejemplo Phe-tRNA se coloca en la posición A de la subunidad grande del ribosoma. Un complejo activado por GPT se ocupa de formar el enlace peptídico quedando el péptido en crecimiento unido al aminoacil-tRNA entrante. Al mismo tiempo, el primer t-RNA se separa del primer aminoácido y del punto P del ribosoma. El ribosoma se mueva un triplete hacia la derecha, con lo que el peptidil-tRNA queda unido al punto P que había quedado libre. Se separa el segundo t-RNA del segundo aminoácido y del punto P del ribosoma.
- **Terminación:** el m-RNA que se está traduciendo lleva un codón de terminación (UAG). Cuando el ribosoma llega a este codón, la proteína ensamblada es liberada y el ribosoma se fragmenta en sus subunidades quedando listo para un nuevo proceso.

Una vez finalizada la síntesis de la proteína, el ARN mensajero queda libre y puede ser leído de nuevo. De hecho, es muy frecuente que antes de que finalice la síntesis de una proteína ya está comenzando otra, con lo cual, una misma molécula de ARN mensajero, está siendo

utilizada por varios ribosomas simultáneamente. A este complejo de ARNm con múltiples ribosomas y sus respectivas cadenas polipeptídicas en crecimiento se lo denomina polisoma y es frecuente observarlo en las células activas.

# Referencia Bibliográfica

- Merino. J & Noriega. M. "Transcripción". Universidad de Cantabria.  
<https://ocw.unican.es/pluginfile.php/879/course/section/967/Tema%25207C-Bloque%2520I-Transcripcion>
- [https://www.iqb.es/cbasicas/fisio/cap04/cap4\\_2.htm](https://www.iqb.es/cbasicas/fisio/cap04/cap4_2.htm).
- Hernández. R (2002). "Fundamentos de biología celular y molecular" Editorial El Ateneo (2004).
- [https://www.porquebiotecnologia.com.ar/Cuadernos/El\\_Cuaderno\\_123.pdf](https://www.porquebiotecnologia.com.ar/Cuadernos/El_Cuaderno_123.pdf).