

**Universidad del Sureste**

**Materia: Biología Molecular de la Clínica**

**Docente: QFB Hugo Nájera Mijangos**

---

**Ensayo: Transcripción genética y síntesis de proteínas**

**Alumno: José Alfredo Sánchez Álvarez**

**8° Semestre      Grupo “Único”**

## TRANSCRIPCIÓN GENÉTICA Y SÍNTESIS DE PROTEÍNAS

Para comenzar a hablar sobre este tema debemos entender en primera parte el concepto como tal en el cual entendemos a la Transcripción como el proceso por el cual se genera una copia de RNA a partir la secuencia de un gen. Esta copia, llamada una molécula de ARN mensajero (ARNm), deja el núcleo de la célula y entra en el citoplasma, donde dirige la síntesis de la proteína, que codifica.

Dado que encontramos distintos tipos de RNA polimerasa en eucariontes como procariontes, veremos pues una forma distinta del proceso de transcripción en cada uno que revisaremos a continuación

### Procariontes

#### Iniciación

En primer lugar, la polimerasa de RNA se une a las secuencias promotoras que incluyen la caja TATAAT y TTGACA. Para que exista una estabilización en la interacción entre la polimerasa de RNA y el DNA se lleva a cabo por varios tipos de enlaces débiles como interacciones iónicas, interacciones de van der Waals y enlaces de hidrógeno. La unión de polimerasas de RNA a DNA se llama complejo cerrado. El reconocimiento y búsqueda del promotor por la polimerasa de RNA es muy rápida, pero la formación de la burbuja de transcripción o abertura del DNA y la síntesis del RNA es muy lenta.

#### Crecimiento

En este momento la polimerasa de RNA cataliza el crecimiento de la cadena del RNA, en donde una cadena de RNA se va a unir por apareamiento de bases a la cadena de DNA, y para que se formen correctamente los enlaces de hidrógeno, el centro activo de esta polimerasa reconoce a los ribonucleótidos trifosfato entrantes. Al formarse los enlaces de hidrógeno, entonces la polimerasa cataliza la formación del enlace fosfodiéster que corresponde.

#### Terminación

En este paso la polimerasa de RNA se detiene a transcribir secuencias del DNA. Estas secuencias son ricas en guanina y citosina, situadas en el extremo 3' de los genes, seguidas de secuencias ricas en timina, 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, renaturalizándose la burbuja de transcripción.

En Eucariontes se debe dar la Formación del complejo de preiniciación ya que se requieren más de una proteína para reconocer el promotor y desdoblar la doble hélice del DNA. 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, el gen correspondiente cuenta con dos regiones en el DNA localizadas previo a inicio. La polimerasa de RNA II es encargada de transcribir la gran mayoría de los RNAm de genes tanto constitutivos como inducibles y algunos RNA pequeños nucleares y 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. El ensamblaje del complejo de preiniciación inicia con la unión del TFIID, que mediante el TBP reconoce y se une al promotor del DNA; una vez posicionado en el DNA, recluta a TFIIB y a TFIIA; en caso de estar presente, antes que la polimerasa de RNA II se una a este complejo, el TFIIF se unirá a ésta, dado que este factor reconocerá al TFIIB previamente unido al DNA. Por último, la polimerasa de RNA II recluta a los factores TFIIIE y TFIIH en este orden para formar el complejo de preiniciación.

### Iniciación

La unión de la polimerasa de RNA II genera un complejo cerrado que se convierte luego en un complejo abierto. Para que comience el movimiento de la enzima, están implicados los factores transcripcionales tipo TFIIIE y TFIIH con sus actividades de helicasa. La caja TATA va alinear a la polimerasa de RNA a través del factor TFIID y otros factores. Además, se necesitan otros factores que reconocen elementos en dirección 5' para que se realice la transcripción. Estos factores son los llamados factores 5' e interactúan con el aparato basal en diferentes etapas durante su ensamblaje.

### Factores y elementos 5'

Las secuencias que se encuentran más alejadas del sitio de iniciación hacia el extremo 5' (las cajas GC, CAAT y el octámero) se reconocen por los factores 5' para aumentar la eficiencia del suceso de iniciación. En cuanto a los Estimuladores, la actividad de un promotor se

aumenta por la presencia de otra secuencia conocida como exaltador o estimulador. Los estimuladores, entonces, actúan como reguladores de la expresión génica.

### Crecimiento

Este proceso es característico ya que va en el sentido de 5'→ 3', y el CTD (dominio carboxiloterminial) de la subunidad mayor de la polimerasa de RNA II se fosforila en los residuos de aminoácidos de prolina, serina y treonina, lo que permite mantener su actividad y movilidad a lo largo de la lectura de la cadena de molde del DNA.

### Terminación

Una vez que la enzima (ARN polimerasa) llega a la región terminadora del gen, finaliza la síntesis del ARN. Entonces, una poliA-polimerasa añade una serie de nucleótidos con adenina, la cola poliA, y el ARN, llamado ahora ARNm precursor, se libera.

### Maduración

El ARNm precursor contiene tanto exones como intrones. Se trata, por lo tanto, de un ARNm no apto para que la información que contiene sea traducida y se sintetice la correspondiente molécula proteica. En el proceso de maduración un sistema enzimático reconoce, corta y retira los intrones y las ARN-ligasas unen los exones, formándose el ARNm maduro.

Todo esto se ha producido en el núcleo celular. El ARNm maduro que, pues ya es el transcrito, pasará al hialoplasma donde su información servirá para la síntesis de una proteína. Esto es la información que se encuentra en forma de una cadena de nucleótidos que se traducirá a una cadena de aminoácidos. Consta de las siguientes fases:

1) Activación de los aminoácidos: Los aminoácidos activados se van a unir a una molécula de ARNt. Estos poseen en su estructura una secuencia de tres bases, el anticodón, complementaria de los correspondientes codones o tripletas del ARNm. Cada aminoácido se une, por lo tanto, a un ARNt específico, que será aquel que lleve el anticodón correspondiente.

2) Iniciación: La subunidad pequeña del ribosoma se une a la región líder del ARNm y el ARNm se desplaza hasta que al llegar al codón AUG, que codifica el principio de la proteína. Se les une el complejo formado por el ARNt-metionina. La unión se produce entre el codón del ARNm

y el anticodón del ARNt que pues transporta el aminoácido. Por último, se une la subunidad mayor a la menor completándose el ribosoma.

3) Elongación: El complejo ARNt-aminoácido 2 se sitúa enfrente del codón correspondiente. Se forma el enlace peptídico y la metionina se une al segundo aminoácido. El ARNm se traslada y el complejo ARNt2-aa2-met queda situado en la región peptidil del ribosoma y la posición aminoacil queda libre para la entrada del complejo ARNt-aa3. El ARNt de la metionina se libera.

4) Finalización: Cuando el ribosoma llega al codón de finalización, uno de los codones sin sentido: UAA, UAG, UGA, la proteína se libera y las subunidades del ribosoma se disocian y se separan del ARNm

## **REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

- Beas, C. (2009). *Biología Molecular. Fundamentos y Aplicaciones*. México, D.F.: McGrawHill.
- Guillén, J. L. (2016). Transcripción. *La información celular*, 1-11.
- Humano, I. N. (2020). *Transcripción*.