



**Universidad del Sureste
Escuela de Medicina**



Materia: biología molecular en la clínica

Tema: ensayo transcripción genética y síntesis de proteínas

Presenta:

Karen Alejandra Morales Moreno

Q.F.B. Nájera Mijangos Hugo

Transcripción genética y síntesis de proteínas

La transcripción consiste en la síntesis de ARN tomando como molde ADN y significa el paso de la información contenida en el ADN hacia el ARN. La transferencia de la información del ADN hacia el ARN se realiza siguiendo las reglas de complementaridad de las bases nitrogenadas y es semejante al proceso de transcripción de textos, motivo por el que ha recibido este nombre.

Proceso de transcripción en procariontes:

Iniciación: inicia cuando la polimerasa de RNA se une a la cadena molde de DNA y reconoce la primera base para copiarse. En tal polimerasa se produce un cambio conformacional, el cual permite la lectura de la siguiente base expuesta sobre la cadena molde del DNA, la cual es una adenina; así, la presencia de adenina en esta segunda posición induce a que la enzima seleccione a un UTP y la formación de un enlace fosfodiéster en el carbón de la posición 3'-terminal del primer nucleótido.

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 y se sintetice el nuevo RNA.

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. La polimerasa de RNA se une a las secuencias promotoras que incluyen la caja TATAAT y TTGACA. La polimerasa de RNA se une a una de las caras del DNA bicatenario y este se enrolla en la enzima de forma similar a como lo hace con el nucleosoma

El reconocimiento del promotor por la polimerasa de RNA corre a cargo de la subunidad σ . Aunque la búsqueda del promotor por esta polimerasa es muy rápida, la formación de la burbuja de transcripción o abertura del DNA y la síntesis del

RNA es muy lenta y en la burbuja de transcripción donde empieza a sintetizarse el RNA a partir del nucleótido número 10 del molde de DNA en la burbuja de transcripción

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, el centro activo de esta polimerasa reconoce a los ribonucleotidos trifosfato entrantes. Cuando el nucleótido entrante forma los enlaces de hidrogeno idoneos, entonces la polimerasa cataliza la formación del enlace fosfodiester que corresponde. A esto se le llama crecimiento, la segunda etapa de la transcripción del RNA

Terminación: Al finalizar la síntesis de RNA, esta molécula ya se ha separado por completo del DNA 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.

Transcripción en eucariontes:

Iniciación: 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.

La unión de TBP a TATA es el hallazgo predominante en el reconocimiento del promotor; también intervienen dos TAF (TAFII250 y TAFII150), que contactan con el DNA. En los promotores TATA, se requieren los mismos factores generales de transcripción, incluyendo TFIID. Aquí, el sitio Inr proporciona el elemento de posicionamiento, y TFIID se une a través de uno o mas TAF que reconocen el Inr de manera directa.

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

Crecimiento:

Después de la formación del complejo de preiniciación, la abertura del DNA por el factor TFIIF, el DNA se abre en la posición -10 pb antes del inicio. Entonces, la polimerasa de RNA II utiliza los ribonucleotidos trifosfato (NTP) para la síntesis y crecimiento del transcrito hasta la señal de terminación. Resulta ser importante para este proceso del crecimiento del transcrito, ya que en la fase de iniciación de este segmento no está fosforilado, pero durante el crecimiento del transcrito este 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: Este punto parece estar relacionado con una secuencia TTATTT. En el caso del RNAm, se corta y se le añade un segmento de adeninas (poli A) por una polimerasa de poliadenilato. Este RNA sintetizado es el RNA heterogéneo nuclear (RNAhn) o transcrito primario, el cual debe modificarse antes de salir del núcleo.

Síntesis de proteínas

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. 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 este y el anticodon del RNA de transferencia, por complementariedad de bases, y de esta manera se sitúan en la posición que les corresponde.

Iniciación de síntesis de proteínas

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.

El RNAt iniciador que reconoce el AUG (en ocasiones GUG y rara vez UUG) es especial, ya que porta una formil-Met; presenta modificaciones postranscripcionales específicas; solo puede usarse en iniciación, y es el único capaz de entrar en el sitio P (no el A) sin la subunidad mayor del ribosoma.

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 Dalgarno.

Terminación:

Procariontes: Al llegar un codón de terminación al sitio A, este es reconocido por alguno de los factores de liberación; RF1 reconoce los codones UAA y UAG, y RF2 reconoce UAA y UGA. Estos factores ocupan el sitio A; su estructura recuerda a la del RNAt, y en la parte de la molécula que se sitúa sobre el sitio peptidiltransferasa del ribosoma contiene el motivo Gly-Gly-Gln (GGQ) que lleva coordinada una molécula de agua. La reacción de fin de traducción consiste en la transferencia del péptido desde el sitio P a dicha molécula de agua. Para sacar los RF1 o RF2 del ribosoma, es necesario que intervenga RF3 (otra proteína de la familia de las GTPasas) e hidrolice una molécula de GTP. RF3 se parece estructuralmente a EF-G.

Eucariontes: El RNAt esta en el sitio P del ribosoma y el eRF1 en el sitio A. Para disociar este complejo y regenerar el ribosoma útil, entra en funcionamiento el factor eRF3 (otra proteína G que se parece a eEF-1 α) que ha estado en todo momento físicamente asociado a eRF1 (por eso, antes se creía que solo había un factor, el eRF). eRF3 lleva una molécula de GTP que se hidroliza para permitir esta liberación.

Fuentes de información:

Salazar Montes, A. M., Sandoval Rodríguez, A. S., & Armendáriz Borunda, J. S. (2013). Biología molecular: Fundamentos y aplicaciones en las ciencias de la salud / Adriana María Salazar Montes, Ana Soledad Sandoval Rodríguez y Juan Socorro Armendáriz Borunda (1a. ed.--.). México D.F.: McGraw Hill.

Procesos genéticos de la síntesis de proteínas: la transcripción,

<https://www.ucm.es/data/cont/media/www/pag-56185/09-Procesos%20gen%C3%A9ticos%20de%20la%20s%C3%ADntesis%20de%20prote%C3%ADnas-la%20transcripci%C3%B3n.pdf>