



Universidad del Sureste
Licenciatura en Medicina Humana

Nombre del alumno: Emanuel de Jesús Andrade Morales

Nombre del profesor: Hugo Nájera Mijangos

Nombre del trabajo: Ensayo sobre la transcripción genética y la síntesis de proteínas

PASIÓN POR EDUCAR

Materia: Biología molecular

Grado: 4°

Grupo: "A"

Comitán de Domínguez Chiapas a 27 de marzo del 2021.

Transcripción genética

Existen tres tipos principales de ARN que participan en el proceso de síntesis de proteínas: ARN ribosómico (ARNr), ARN de transferencia (ARNt) y ARN mensajero (ARNm). Son polímeros de nucleótidos no ramificados, pero difieren del ADN en que contienen ribosa en lugar de desoxirribosa y uracilo en lugar de timina. El ARNr es un componente de las ribosomas.

El ARNt sirve de molécula «adaptadora» que transporta un aminoácido específico al lugar de síntesis de proteínas. El ARNm transporta la información genética del ADN para su uso en la síntesis de proteínas. El proceso de síntesis de ARN se denomina transcripción, y los sustratos son trifosfatos de ribonucleósido. La enzima que sintetiza el ARN es la ARN polimerasa (ARN pol). En las células procariotas, la enzima central presenta cinco subunidades (2α , 1β , $1\beta'$ y 1Ω), y posee una actividad polimerasa $5' \rightarrow 3'$ que alarga la hebra de ARN en crecimiento. Esta enzima requiere una subunidad adicional, el factor sigma (σ) que reconoce la secuencia de nucleótidos (región promotora) al principio de un segmento de ADN que se ha de transcribir.

Esta región contiene secuencias consenso que están muy conservadas: la caja TATA (Pribnow) y la secuencia -35 . Se necesita otra proteína, el factor rho (ρ), para la terminación de la transcripción de algunos genes. Existen tres clases diferentes de ARN pol en el núcleo de las células eucariotas. La ARN pol I sintetiza el precursor de los ARNr en el nucléolo. En el nucleoplasma, la ARN pol II sintetiza los precursores de los ARNm y algunos ARN no codificantes, y la ARN pol III produce los precursores de los ARNt. Ni en las procariotas ni en las eucariotas la ARN pol requiere cebador, y carece de actividad exonucleasa $3' \rightarrow 5'$ (correctora).

Los promotores nucleares para los genes transcritos por la ARN pol II contienen secuencias consenso de acción cis, como la caja de Hogness tipo TATA, que actúa como sitio de unión para los factores de transcripción general de acción trans. Por delante de estos hay elementos reguladores proximales, tales como las cajas CAAT y GC, así como elementos reguladores distales tales como los potenciadores. Los activadores transcripcionales (factores de transcripción específicos) se unen a estos elementos y regulan la frecuencia de inicio de la transcripción, la respuesta a señales tales como las hormonales y qué genes se expresan en un punto determinado en el tiempo.

La transcripción eucariota requiere que la cromatina sea accesible. Un transcrito primario es una copia lineal de una unidad transcripcional, el segmento de ADN que se encuentra entre las secuencias de iniciación y de terminación específicas. Los transcritos primarios de los ARNt y los ARNr procariotas y eucariotas experimentan una modificación postranscripcional por digestión de los transcritos originales por la acción de ribonucleasas. El ARNr de células procariotas y eucariotas se sintetiza a partir de largas moléculas precursoras denominadas pre-ARNr.

Estos precursores se digieren y recortan mediante ribonucleasas, generando los 3 ARNr más grandes, y se modifican bases y azúcares. El ARNr 5S eucariota se sintetiza mediante la ARN pol III y se modifica por separado. El ARNm procariota es generalmente idéntico a su transcrito primario, mientras que el ARNm eucariota sufre una amplia modificación cotranscripcional y postranscripcional.

Así, por ejemplo, una “caperuza” de 7-metilguanosa se une al extremo 5'-terminal del ARNm a través de un enlace 5'→5'. Una larga cola de poli-A, no transcrita a partir del ADN, se une al extremo 3' de la mayor parte de los ARNm. La mayoría de los ARNm eucariotas también contienen secuencias intermedias (intrones) que deben eliminarse para que el ARNm sea funcional. Su eliminación, así como la unión de secuencias expresadas (exones), requiere un espliceosoma formado por partículas ribonucleoproteicas nucleares pequeñas (PNRnp) que median el proceso de corte y empalme.

El ARNm eucariota es monocistrónico, y contiene información de un solo gen. Los ARNt procariotas y eucariotas también se obtienen a partir de moléculas precursoras más largas. Si está presente, un intrón es eliminado por nucleasas, y los extremos de la molécula han de cortarse por la acción de ribonucleasas. Se añade una secuencia 3'-CCA y se modifican las bases de posiciones específicas, generando bases “inusuales”.

Traducción (síntesis de proteínas)

Los codones están compuestos por tres bases de nucleótidos presentadas en el lenguaje del ARN mensajero (ARNm): adenina (A), guanina (G), citosina (C) y uracilo (U). Siempre se escriben en la dirección 5'→3'. De las 64 combinaciones posibles de tres bases, 61 codifican los 20 aminoácidos comunes y 3 señalan la terminación de la síntesis de proteínas (traducción).

Las características del código genético son la especificidad, la universalidad y la degeneración; además, no presenta superposición ni puntuación. Los requisitos para la síntesis de las proteínas son la presencia de todos los aminoácidos que aparecerán finalmente en la proteína terminada, al menos un tipo específico de ARN de transferencia (ARNt) para cada aminoácido, una aminoacil-ARNt sintetasa para cada aminoácido, el ARNm que codifica la proteína que se va a sintetizar, los ribosomas completamente competentes, los factores proteicos necesarios para la iniciación, la elongación y la terminación de la síntesis de la proteína y ATP y GTP como fuentes de energía.

El ARNt tiene un sitio de unión para un aminoácido específico en su extremo 3' y una región de anticodón que puede reconocer el codón que especifica el aminoácido transportado por el ARNt. Los ribosomas son grandes complejos de proteínas y ARN ribosómico (ARNr). Están constituidos por dos subunidades. Cada ribosoma tiene tres sitios de unión para las moléculas de ARNt: los sitios A, P y E, que cubren tres codones vecinos.

El codón del sitio A se une a un aminoacil-ARNt entrante, el codón del sitio P está ocupado por el peptidil-ARNt y el sitio E está ocupado por el ARNt vacío que está a punto de salir del ribosoma. El reconocimiento de un codón del ARNm se consigue por medio del anticodón del ARNt. El anticodón se une al codón siguiendo las reglas de unión complementaria y antiparalela.

La hipótesis del "bamboleo" establece que la primera base (5') del anticodón no está tan definida espacialmente como las otras dos bases. El movimiento de esa primera base permite el apareamiento no tradicional de bases con la última base (3') del codón y permite de esta manera que un único ARNt reconozca más de un codón para un aminoácido específico.

Para la iniciación de la síntesis de proteínas se unen los componentes del sistema de traducción y se asocia el ARNm con la subunidad ribosómica pequeña. El proceso requiere factores de iniciación. En los procariotas, una región rica en purinas del ARNm (la secuencia de Shine-Dalgarno) aparea sus bases con una secuencia complementaria en el ARNr de 16S y da como resultado la colocación de la subunidad pequeña en el ARNm, de manera que puede comenzar la traducción. La caperuza 5' en el ARNm eucariota se utiliza para colocar la subunidad pequeña en el ARNm. El codón de iniciación es AUG y la N-formilmetionina es el aminoácido de iniciación en procariotas, mientras que la metionina lo es en eucariotas.

La cadena polipeptídica se alarga por la adición de aminoácidos al extremo carboxilo de su cadena en crecimiento. El proceso requiere factores de elongación que facilitan la unión del aminoacil-ARNt al sitio A, así como el movimiento del ribosoma a lo largo del ARNm.

La formación del enlace peptídico está catalizada por la peptidiltransferasa, que es una actividad intrínseca del ARNr de la subunidad grande y, por lo tanto, es una ribozima. Tras la formación del enlace peptídico, el ribosoma avanza a lo largo del ARNm en la dirección 5'→3' hacia el codón siguiente (translocación). Dada la longitud de la mayoría de los ARNm, un mensaje puede ser traducido a la vez por más de un ribosoma, formando un polisoma.

La terminación comienza cuando uno de los tres codones de terminación se mueve hacia el sitio A. Estos codones son reconocidos por los factores de liberación. La nueva proteína sintetizada se libera del complejo ribosómico y el ribosoma se disocia del ARNm. La iniciación, la elongación y la terminación son impulsadas por la hidrólisis del GTP.

En los eucariotas, la iniciación requiere además ATP para el barrido. Numerosos antibióticos interfieren en el proceso de la síntesis de proteínas. Muchas cadenas polipeptídicas sufren modificaciones covalentes durante la traducción o después de ella. Tales modificaciones incluyen la eliminación de aminoácidos, la fosforilación, que puede activar o inactivar la proteína, la glucosilación, que desempeña una función en la dirección de las proteínas a su destino, o la hidroxilación, como se observa en el colágeno.

Las proteínas deben plegarse para adquirir su forma funcional. El plegamiento puede ser espontáneo o facilitado por chaperonas. Las proteínas defectuosas (p. ej. mal plegadas) o que están destinadas a un recambio rápido se marcan mediante la unión de cadenas de una pequeña proteína, la llamada ubiquitina, para ser destruidas. Las proteínas ubiquitinadas son degradadas rápidamente por un complejo citosólico conocido como proteasoma.

Bibliografías

dspace.espol.edu.ec. (2016). Obtenido de

<https://www.dspace.espol.edu.ec/bitstream/123456789/6299/1/4.2%20C%C3%B3digo%20gen%C3%A9tico%20y%20s%C3%ADntesis%20de%20prote%C3%ADnas%20PRISCILA.pdf>

Merino Pérez, J., & Noriega Borge, M. J. (2017). *ocw.unican.es.* Obtenido de

<https://ocw.unican.es/pluginfile.php/879/course/section/967/Tema%25207D-Bloque%2520I-Traduccion.pdf>

R. Ferrier, D. (2013). *Bioquímica.* Wolters Kluwer.

Sánchez De Abajo. (2007). *seqc.* Obtenido de

https://www.seqc.es/download/revista/150/393/1468549563/1024/cms/QC_2007_265-271.pdf/

ucm.es. (2016). Obtenido de [https://www.ucm.es/data/cont/media/www/pag-](https://www.ucm.es/data/cont/media/www/pag-56185/10-)

56185/10-

[Procesos%20gen%C3%A9ticos%20de%20la%20s%C3%ADntesis%20de%20prote%C3%ADnas-la%20traducci%C3%B3n.pdf](https://www.ucm.es/data/cont/media/www/pag-56185/10-Procesos%20gen%C3%A9ticos%20de%20la%20s%C3%ADntesis%20de%20prote%C3%ADnas-la%20traducci%C3%B3n.pdf)