



UNIVERSIDAD DEL SURESTE

ESCUELA DE MEDICINA

MATERIA:

BIOLOGÍA MOLECULAR

PROYECTO:

TRANSCRIPCIÓN GENÉTICA Y SÍNTESIS DE PROTEÍNAS

Alumno:

RUSSELL MANUEL ALEJANDRO VILLARREAL (4B)

Docente:

HUGO NAJERA MIJANGOS

LUGAR Y FECHA

Comitán de Domínguez, Chiapas a 27/03/2021

Trascricpción genética y síntesis de proteínas

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.

La ARN polimerasa es fundamental porque lleva a cabo la transcripción, el proceso de copiar el ADN (ácido desoxirribonucleico, el material genético) en ARN (ácido ribonucleico, una molécula similar pero que dura menos). La transcripción es un paso esencial en el uso de la información de los genes en nuestro ADN para fabricar proteínas. Las proteínas son las moléculas clave que le dan estructura a las células y las mantienen activas. El bloquear la transcripción con la toxina del hongo causa insuficiencia hepática y la muerte porque ya no se pueden hacer nuevos ARNs, y por lo tanto tampoco nuevas proteínas.

Antes de que pueda darse la transcripción, la doble hélice del ADN se debe desenrollar cerca del gen que se va a transcribir. La región de ADN que se abre se llama una burbuja de transcripción. La transcripción utiliza una de las dos hebras expuestas de ADN como plantilla; esta hebra se conoce como la hebra molde. El producto de ARN es complementario a la hebra molde y es casi idéntico a la otra hebra de ADN, llamada hebra no molde (o codificante). Sin embargo, hay una diferencia importante: en el ARN recién hecho, todos los nucleótidos T han sido sustituidos por nucleótidos U.

El sitio en el ADN del que se transcribe el primer nucleótido se conoce como sitio de iniciación. Los nucleótidos que están antes del sitio de iniciación reciben números negativos y se dice que están aguas arriba. Los nucleótidos que se ubican después del sitio de iniciación se marcan con números positivos y se dice que están aguas abajo. Si el gen que se transcribe codifica una proteína (que es lo que muchos genes hacen), la molécula de ARN se leerá para hacer una proteína en un proceso llamado traducción.

Las ARN polimerasas son enzimas que transcriben el ADN en ARN. Mediante un molde de ADN, la ARN polimerasa construye una nueva molécula de ARN a través del apareamiento de bases. Por ejemplo, si hay una G en el molde de ADN, la ARN polimerasa agregará una C a la nueva cadena creciente de ARN. La ARN polimerasa siempre construye una nueva cadena de ARN en la dirección 5' a 3'. Es decir, solo puede agregar nucleótidos (A, U, G, o C) al extremo 3' de la cadena.

Para comenzar la transcripción de un gen, la ARN polimerasa se une al ADN del gen en una región llamada el promotor. Básicamente, el promotor le dice a la polimerasa donde "sentarse" sobre el ADN y comenzar a transcribir. Un promotor contiene secuencias de ADN que le permiten a la ARN polimerasa o a sus proteínas auxiliares unirse al ADN. Una

vez formada la burbuja de transcripción, la polimerasa puede comenzar a transcribir.

En eucariontes, como los seres humanos, la principal ARN polimerasa en las células no se une directamente a los promotores como la ARN polimerasa de bacterias, sino que proteínas auxiliares llamadas factores basales (generales) de la transcripción se unen primero al promotor y ayudan a la ARN polimerasa de las células a sujetarse del ADN. Muchos promotores eucariontes tienen una secuencia llamada una caja TATA. La reconoce uno de los factores generales de transcripción, y esto permite que se unan otros factores de transcripción y finalmente la ARN polimerasa. Contiene además muchas As y Ts, lo que facilita la separación de las hebras de ADN.

Una vez colocada la ARN polimerasa en su posición sobre el promotor, puede comenzar el siguiente paso de la transcripción: la elongación. La elongación básicamente es la etapa donde la hebra de ARN se alarga al agregar nuevos nucleótidos. Durante la elongación, la ARN polimerasa "camina" sobre una hebra del ADN, conocida como la hebra molde, en la dirección 3' a 5'. Por cada nucleótido en el molde, la ARN polimerasa agrega un nucleótido de ARN correspondiente (complementario) al extremo 3' de la hebra de ARN.

La ARN polimerasa seguirá transcribiendo hasta que reciba la señal para parar. El proceso de finalizar la transcripción se conoce como terminación, y sucede una vez que la polimerasa transcribe una secuencia de ADN llamada terminador. Después de la terminación, la transcripción ha concluido. Un transcrito de ARN que está listo para su uso en la traducción se conoce como ARN mensajero (ARNm).

En eucariontes, el transcrito de un gen codificante se llama pre-ARNm y debe experimentar un procesamiento adicional antes de que pueda dirigir la traducción, estos son:

- Los pre-ARNm eucariontes deben tener sus extremos modificados por la adición de un cap 5' (al inicio) y una cola de poli-A 3' (al final).

- Muchos pre-ARNm eucariontes sufren empalme. En este proceso, partes del pre-ARNm (llamadas intrones) se cortan y se eliminan, y las piezas restantes (llamadas exones) se vuelven a unir.

Las modificaciones en los extremos aumentan la estabilidad del ARNm, mientras que el empalme otorga al ARNm su secuencia correcta.

El primer paso en la decodificación de los mensajes genéticos es la traducción, durante la cual se copia una secuencia de nucleótidos del ADN al ARN. El siguiente paso es unir los aminoácidos para formar una proteína.

El orden en el que se unen los aminoácidos determina la forma, propiedades y función de una proteína. Las cuatro bases del ARN forman un lenguaje con solo cuatro bases de nucleótidos: adenina (A), citosina (C), guanina (G) y uracilo (U). El código genético se lee en palabras de tres bases llamadas codones. Cada codón corresponde a un solo aminoácido (o a las señales de inicio y final de una secuencia).

En la transcripción, una secuencia de ADN se vuelve a escribir o se transcribe, en un

"alfabeto" similar de ARN. En eucariontes, la molécula de ARN debe ser procesada para convertirse en un ARN mensajero (ARNm) maduro. En la traducción, la secuencia de ARNm se decodifica para especificar la secuencia de aminoácidos de un polipéptido. El nombre "traducción" refleja que la secuencia de nucleótidos del ARNm se debe traducir al "idioma", completamente diferente, de los aminoácidos.

A veces las células cometen errores al copiar su información genética, lo que provoca mutaciones. Estas pueden ser irrelevantes, o pueden afectar la forma como se hacen las proteínas y se expresan los genes. Hay tres tipos de mutaciones por sustitución: Las mutaciones silenciosas no afectan la secuencia de aminoácidos durante la traducción. Las mutaciones sin sentido dan como resultado un codón de terminación donde debería haber un aminoácido, lo que causa que la traducción termine prematuramente y las mutaciones de sentido erróneo cambian el aminoácido que especifica un codón.

Las mutaciones no siempre tienen efectos drásticos o negativos. Frecuentemente, las personas oyen el término "mutación" en los medios y entienden que esto significa que la persona tiene una enfermedad o están desfiguradas. Las mutaciones son una fuente de variedad genética, de manera que algunas mutaciones son dañinas, la mayoría no se notan, e incluso algunas ¡son buenas!

Bibliografía:

- 1.- Carlos Beas. BIOLOGIA MOLECULAR, FUNDAMENTOS Y APLICACIONES. Mcgraw-hill
- 2.-<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>
- 3.- "Biología Celular y Molecular". Lodish y col. 7ma. Edición. Editorial Médica Panamericana (2016).