



UNIVERSIDAD DEL SURESTE

ESCUELA DE MEDICINA

**“TRANSCRIPCION GENETICA Y SINTESIS DE
PROTEINAS”**

Materia: BIOLOGIA MOLECULAR DE LA CLINICA

Presenta: Melanny Guadalupe Román Salazar

Dr. Hugo Nájera Mijangos

Semestre: 8°

Grupo: “A”

Comitán de Domínguez, Chiapas a 27 de marzo del 2021

TRANSCRIPCIÓN GENÉTICA Y SÍNTESIS DE PROTEÍNAS

Transcripción de eucariotas

Las iniciaciones de la transcripción del ARN en células eucariotas constituyen uno de los pasos más importantes para la expresión génica. Por eso las polimerasas de ARN de eucariotas, a diferencia de los procariontes necesitan una proteína para reconocer el promotor y como tal, desdoblarse la doble hélice del ADN, de forma que conforme un complejo de preiniciación a manera de preparación para la iniciación transcripcional. Así en la polimerasa tipo 1 para transcribir el precursor del ARNr que contiene la información correspondiente a ARNr 28s, 18s, 5.8S y pequeños ARN, el gen correspondiente cuenta con dos regiones en el ADN se reconocen por dos factores proteínicos de unión al ADN necesarios para comenzar la formación del complejo de preiniciación, ambos factores forman un doblamiento del ADN que subsecuentemente permite el reclutamiento de la proteína de unión a la caja TATA, así como los factores asociados, como requisito para que la polimerasa de ARN 1 pueda unirse y formar dicho complejo de preiniciación. (Beas, 2009)

Para el caso de la polimerasa de ARN III que sintetiza el ARNr 5S, los ARNt y el U6 ARNnp, contiene en el gen correspondiente para el ARNt una región reguladora en el interior de la región que se transcribe conocida como caja A y caja B, regiones reconocidas al mismo tiempo por el factor de transcripción III tipo C (TFIIIC); luego se recluta otro factor de transcripción III tipo B (TFIIB) donde se incluye la proteína TBP para por último permitir la unión de la polimerasa III. Para la transcripción del gen de rRNA y 5S, éste posee una región reguladora que se conoce como caja C localizada en la región después del inicio. Esta región se reconoce por el factor de transcripción III tipo A (TFIIA) que permite el reclutamiento inmediato del factor TFIIIC seguido del TFIIB para que finalmente la polimerasa de RNA III se una a este complejo multimérico de preiniciación.

Por último, la polimerasa de RNA II encargada de transcribir la gran mayoría de los rRNAs de genes tanto constitutivos como inducibles y algunos RNA pequeños nucleares, a diferencia de las polimerasas I y III, 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. (Beas, 2009)

SINTESIS DE PROTEINAS

La síntesis de proteínas, paso a paso Denominamos, entonces, síntesis proteica al mecanismo por el cual la información contenida en el ADN (ver cuadernos nº 3 y 32), se traduce en proteínas. Es un proceso complejo, que se realiza en distintos compartimientos celulares, en el que intervienen variadas moléculas y que se produce básicamente en dos pasos: (Ortuño, 2009)

La transcripción ocurre dentro del núcleo celular (en las células eucariotas), y en el citoplasma en las procariotas. En esta primera etapa los genes, que serían “palabras” escritas en el ADN mediante la combinación de cuatro “letras” o nucleótidos A, T, C y G, se copian o transcriben a otro lenguaje, el del ARN denominado ARN mensajero (ARNm). En este proceso, denominado transcripción, la síntesis de una molécula de ARNm es catalizada por una enzima llamada ARN polimerasa (ARNpol). El proceso se inicia cuando dicha enzima reconoce un lugar específico del ADN llamado promotor. Luego de unirse al promotor, la ARNpol desenrolla aproximadamente una vuelta completa de la hélice del ADN poniendo al descubierto un fragmento de una sola hebra. Esta hebra de ADN, llamada hebra codificante, sirve de molde para que la ARNpol vaya agregando nucleótidos complementarios uno tras otro, a medida que se desplaza en una dirección específica sobre el ADN.

Una vez finalizada la transcripción, el ARNm está casi listo para la siguiente etapa. Pero aún está “inmaduro” y para madurar debe ser protegido de manera de evitar que pueda degradarse en su viaje al citoplasma. Para ello, unas enzimas específicas se encargan de ponerle una “caperuza” o CAP en uno de sus extremos y una cadena corta de adeninas (colita de poliA) en el otro. Una vez completada la maduración (que involucra otros procesos que aquí no mencionamos), el ARNm parte hacia el citoplasma a través de los poros de la membrana nuclear en las células eucariotas. (Ortuño, 2009)

La traducción: Una vez en el citoplasma, la secuencia del ARNm debe ser decodificada a proteína. Este es el proceso de traducción y puede dividirse en tres fases: iniciación, elongación y terminación.

-Iniciación: en este punto es importante destacar que la forma en que el ARNm es leído es diferente a lo sucedido en la transcripción, ya que en la traducción los nucleótidos del ARNm son leídos de a tres, es decir que un triplete de nucleótidos, también llamado codón, codifica para un aminoácido determinado. Es decir que cada codón determina qué aminoácido se

agregará a la futura proteína. La traducción se inicia cuando el ARNm se une a una organela celular compleja denominada ribosoma. Los ribosomas están formados por dos subunidades, una mayor y otra menor, y es esta última la que reconoce y se une en primer lugar al ARN mensajero (ver figura 3). Los codones de ARNm no reconocen directamente a los aminoácidos, sino que la traducción utiliza moléculas “adaptadoras” que unen el aminoácido con su correspondiente triplete o codón. Estos adaptadores son un grupo de pequeñas moléculas de ARN, conocidas como ARN de transferencia (ARNt), cada una de las cuales tiene solo entre 70 y 90 nucleótidos de longitud. Esta molécula tiene una conformación tridimensional característica, denominada “hoja de trébol”, que le permite llevar a cabo su función de adaptado. (Ortuño, 2009)

En la estructura del ARNt existen dos zonas de gran importancia para el proceso de síntesis proteica: un triplete de secuencia variable llamado anticodón, cuyas bases son complementarias al codón de la molécula de ARNm; el otro triplete está ubicado al otro extremo, y unido covalentemente a un aminoácido específico. Esta unión del aminoácido específico con el ARNt la cataliza una enzima llamada aminoacil-tRNA sintetasa. Una vez que la subunidad pequeña del ribosoma se encuentra en posición, un ARNt llamado iniciador (que porta el aminoácido metionina), reconoce el primer codón (AUG) en el ARNm y se carga sobre la subunidad pequeña, para luego unirse la subunidad mayor del ribosoma. De esta manera se forma un ribosoma funcional completo, que así ensamblado posee dos sitios de unión diferentes para moléculas de ARNt: el sitio P y el sitio A.

Para la elongación de la cadena de polipeptídica, el extremo carboxilo del aminoácido del sitio P se une mediante un enlace covalente al extremo amino del aminoácido ubicado en el sitio A. Este enlace entre aminoácidos se denomina unión peptídica y es catalizado por la peptidiltransferasa, una enzima firmemente unida al ribosoma. El ARNt del sitio A, ahora sin su aminoácido, es liberado al citoplasma; seguidamente, el ribosoma se desplaza exactamente 3 nucleótidos a lo largo de la molécula de ARNm -translocación ribosomal- y de esta manera quedará el sitio P ocupado por el ARNt que tiene unida la cadena de aminoácidos en formación, quedando el sitio A libre para recibir al siguiente ARNt con su correspondiente aminoácido. Este proceso se repetirá casi tantas veces como número de aminoácidos intervengan en la síntesis de la cadena polipeptídica.

-Terminación: de los 64 diferentes codones que existen ($4 \times 4 \times 4 = 64$), hay 3 que no codifican para ningún aminoácido, sino que son codones que indican la finalización de la cadena polipeptídica. Son los llamados codones stop (UAA, UAG,

UGA) y a ellos se unen directamente factores de terminación o de liberación en el sitio A. Esta unión perturba la acción de la enzima peptidil-transferasa, haciendo que la traducción termine y liberando el ribosoma y el polipéptido completo. (Ortuño, 2009)

Referencias bibliográficas

Beas, C. (2009). Biología molecular, fundamentos y aplicaciones. Mc Graw Hill.

Ortuño, D. (2009). Biología, las bases moleculares de la vida . Mc Graw Hill.