



Universidad del Sureste

Escuela de Medicina

Materia:

Biología molecular en la clínica

Alumna:

Daniela del C. García Ramírez

Docente

QFB. Hugo Najera Mijangos

Lugar

Comitán de Domínguez Chiapas

Las proteínas se consideran una de las principales formas de comunicación e interacción de una célula en muchos aspectos, principalmente por la composición de cada una, ya que cuenta con una cadena de aminoácidos llamadas polipeptidos con secuencias exactas que se van formando mediante un patrón que se da directamente por el ADN, cualquier tipo de cambio o alteración de los aminoácidos, la composición o el orden puede generar una nueva proteína con funciones completamente diferente a la anterior.

Las proteínas como tal pueden depender de diferentes estructuras dependiendo la función que esta tendrá y en el ribosoma como será transcrito para hacer más proteínas o así mismo como será transportada y expresada posteriormente para realizar sus funciones, de las tres estructuras por las cuales debe de contar una proteína esta dependerá de la función que realizara y es responsable de el retorcimiento sobre si misma que produce que se formen puentes de hidrogeno entre aminoácidos, en las secuencias

Durante diferentes procesos se presenta el de polimerización, las subunidades son añadidas de una a una, el producto sintético primero es empleado como tal y poco a poco se modifica, mediante muchas enzimas que ayudara a las transformaciones de las proteínas y a un organillo principal

La síntesis de proteínas como tal es un proceso en el cual el ADN que se encuentra dentro de una célula describe un círculo, el propio ADN dirige al ARN para que este se sintetice y así mismo ayude a sintetizar las proteínas correspondiente, así como tal las proteínas sintetizan ADN y ARN

La transcripción es un proceso en el cual la información genética contenía en el ADN y este es copiado a un RNA en una cadena que se considera única llamado ERN mensaje, la otra proteína catalizador que ayuda a la transcripción de las proteínas es el ARN polimerasa

El inicio de este proceso es cuando se separa una una porción de las cadenas de ADN, una de ellas, se llama hebra sentido que se utiliza como un molde por las ARN polimerasa que se comento anteriormente que ayuda a incorporar nucleotidos con bases complementarias dispuestas en la misma secuencia que en la hebra anti sentido complementaria de la hebra de sentido inicial, la única diferencia consiste en que la Timina del ADN es sustituida por el uracilo en el ARN mensajero.

Además de las secuencia de nucleótidos que codifican proteínas, el RNA mensajero copia del DNA inicial unas regiones que no codifican proteínas y que reciben en nombre de intrones.

Las partes que codifican proteínas se llaman exones. Por lo tanto, el RNA inicialmente transcrito contiene tanto exones como intrones. Sin embargo, antes de que abandone el núcleo para dirigirse al citoplasma donde se encuentran los ribosomas, este RNA es procesado mediante operaciones de "corte y empalme", eliminándose los intrones y uniéndose entre sí los exones. Este RNA-m maduro es el que emigra al citoplasma. Un único gen puede codificar varias proteínas si el RNA-m inicial puede ser cortado y empalmado de diversas formas. Esto ocurre, por ejemplo, durante la diferenciación celular en donde las operaciones de corte y pegado permite producir diferentes proteínas.

Además de utilizarse como molde para la síntesis del RNA-m, el DNA también permite la obtención de otros dos tipos de RNA

El proceso de transcripción se define RNA mensajes que se encuentra maduro contiene la información para que los aminoácidos que constituyen una proteína en vayan añadiendo según la secuencia correcta. Para ello, cada triplete de nucleótidos consecutivos (codón) especifica un aminoácido. Dado que el RNA mensajero contiene 4 bases. De hecho, un aminoácido puede ser codificado por varios codones.

La síntesis de proteínas tiene lugar de la manera siguiente:

- **Iniciación:** Un factor de iniciación, GPT y metionil-tRNA forman un complejo que se une a la subunidad ribosómica grande. A su vez, el m-RNA y la subunidad ribosómica pequeña se unen al encontrar esta última el codón de iniciación que lleva el primero.
- **Elongación:** Un segundo aminoacil-tRNA (en el ejemplo Phe-tRNA[Phe]) se coloca en la posición A de la subunidad grande del ribosoma. Un complejo activado por GPT se ocupa de formar el enlace peptídico quedando el péptido en crecimiento unido al aminoacil-tRNA entrante. Al mismo tiempo, el primer t-RNA se separa del primer aminoácido y del punto P del ribosoma. Se separa el segundo t-RNA del segundo aminoácido y del punto P del ribosoma.
- **Terminación:** el m-RNA que se está traduciendo lleva un codón de terminación (UAG). Cuando el ribosoma llega a este codón, la proteína ensamblada es liberada y el ribosoma se fragmenta en sus subunidades quedando listo para un nuevo proceso.

En el proceso que acabamos de describir, el ribosoma se desplazaba a lo largo de una hebra de m-RNA leyendo los tripletes de uno en uno. Dada la longitud del ARN mensajero , varios ribosomas pueden ir leyendo codones y sintetizando proteínas.

A partir del anterior proceso se puede definir como gen un conjunto de nucleótidos de una molécula de DNA que sirve como molde para la producción de una proteína o una familia de proteínas si se producen operaciones de corte y empalme en el ARN.