



Universidad Del Sureste Campus Comitán

Licenciatura: medicina humana

Tarea: ensayo

Materia: biología molecular

Docente: Nájera Mijangos Hugo

Grado: 4° semestre

Alumnos: rojas torres Viviana Edith

SINTESIS DE PROTEINAS

La síntesis de proteínas o la fabricación de ellas es un tema de suma importancia en la biología molecular, sin embargo es un mecanismo complejo en entender pero no difícil de aprender debido a que es un proceso demasiado complejo donde se codifican en los ácidos nucleicos traduciéndose a 20 aminoácidos donde al menos 100 moléculas diferentes participan en la síntesis de proteínas. Y una de las más importantes es el ribosoma que es el encargado de la traducción de genes. “Actúa como una estación de acoplamiento para la transferencia de ARN que contiene el aminoácido que pasará a formar parte de la cadena polipeptídica en crecimiento, que a la larga se convierte en una proteína.” (*Ribosoma | NHGRI*, 2021) Básicamente el ribosoma recibe al ARN mensajero y dentro del ribosoma se lleva la traducción de las proteínas y su síntesis llevado por los siguientes procesos o etapas:

Transcripción:

Proceso donde la información genética contenida en el DNA es copiado a un RNA de una cadena única llamado RNA-mensajero. La transcripción es catalizada por una enzima llamada RNA-polimerasa. El proceso se inicia separándose una porción de las cadenas de DNA: una de ellas, llamada hebra sentido es utilizada como molde por la RNA-polimerasa para incorporar nucleótidos con bases complementarias dispuestas en la misma secuencia que en la hebra anti-sentido, complementaria de la hebra sentido inicial. La única diferencia consiste en que la timina del DNA inicial es sustituida por uracilo en el RNA mensajero. Así, por ejemplo, una secuencia ATGCAT de la hebra sentido del DNA inicial producirá una secuencia UACGUA.

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 permiten 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 RNA de transferencia (t-RNA) que se une específicamente a cada uno de los 20 aminoácidos y los transporta al ribosoma para incorporarlos a la cadena polipeptídica en crecimiento. El RNA ribosómico (r-RNA) que conjuntamente con las proteínas ribosómicas constituye el ribosoma.

TRADUCCION:

El m-RNA maduro contiene la información para que los aminoácidos que constituyen una proteína vayan añadiendo según la secuencia correcta. Para ello, cada triplete de nucleótidos consecutivos (codón) especifica un aminoácido. Dado que el m-RNA contiene 4 bases, el número de combinaciones posibles de grupos de 3 es de 64, número más que suficiente para codificar los 20 aminoácidos. 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. A continuación ambas subunidades ribosómicas se unen. El metionil-tRNA está posicionado enfrente del codón de iniciación (AUG). El GPT y los factores de iniciación se desprenden quedando el tRNA unido al ribosoma.

Elongación: Un segundo aminoacil-tRNA (en el ejemplo Phe-tRNA 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. El ribosoma se mueva un triplete hacia la derecha, con lo que el peptidil-tRNA queda unido al punto P que había quedado libre. Un tercer aminoacil-tRNA (en el ejemplo Leu-tRNA [Leu]) se coloca en la posición A y se repite el proceso de formación del enlace peptídico, quedando el péptido en crecimiento unido al Leu-tRNA entrante. 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.