



Jacqueline Domínguez Arellano

Quím. Hugo Nájera Mijangos

Ensayo “Transcripción génica”

Biología molecular

PASIÓN POR EDUCAR

4° Semestre

Comitán de Domínguez Chiapas a 9 de octubre de 2021

Introducción

La transcripción incluye la síntesis de ARN utilizando ADN como plantilla, que se refiere a la transferencia de información contenida en el ADN al ARN. La transferencia de información del ADN al ARN se realiza de acuerdo con las reglas complementarias de las bases nitrogenadas, similar al proceso de transcripción del texto, de ahí su nombre. El ARN producto de la transcripción recibe el nombre de transcrito.

En las bacterias, la transcripción y la traducción ocurren en el citoplasma bacteriano y, al mismo tiempo, ocurren simultáneamente. Sin embargo, en eucariotas, la transcripción ocurre en el núcleo y la traducción ocurre en el citoplasma. El ARN generalmente tiene una sola hélice o cadena de nucleótidos, que puede formar una variedad de diferentes estructuras tridimensionales. El ARN contiene ribosa como azúcar y sus principales bases que contienen nitrógeno son adenina (A), guanina (G), citosina (C) y uracilo (U). Por tanto, el uracilo (U) es una característica del ARN.

Existen diferentes tipos de ARN en las células. Por un lado, está el ARN funcional, o ARN que tiene función o actividad en la célula y no se traduce en proteína. La categoría es el ARN ribosómico (r-ARN), que forma parte del ribosoma involucrado en la traducción, y el ARN de transferencia (t-ARN), cuya función es transportar aminoácidos.

Durante la traducción, el ARN nuclear pequeño (np-ARN) interactúa con las proteínas para formar complejos de ribonucleoproteínas, que son necesarios para procesar las transcripciones en el núcleo, y el ARN citoplasmático pequeño (ARNc) que interfiere con el transporte de polipéptidos en las células eucariotas.

Por otro lado, el ARN informativo se traducirá en proteína. Este ARN mensaje es ARN mensajero (m-ARN). En las bacterias, la transcripción primaria sintetizada es ARN-m maduro, que se traduce en proteína. En eucariontes, el ARN recién transcrito se denomina ARN heterogéneo nuclear (ARN-hn) y es un pre-ARN-m que es procesado antes de convertirse en el ARN-m maduro que posteriormente se traducirá a proteína.

En bacterias, existe solamente una ARN polimerasa que es capaz de sintetizar todos los tipos de ARN, el ribosómico, el transferente y los mensajeros.

Desarrollo

En las bacterias, el m-ARN suele ser poligénico o policistrónico, por lo que un solo m-ARN contiene información para la síntesis de varios péptidos diferentes. Estos genes suelen compartir un sistema común para controlar su expresión (operones). Sin embargo, en eucariotas, diferentes polimerasas son responsables de la síntesis de diferentes tipos de ARN:

La ARN polimerasa I sintetiza precursores de ARN ribosómico (r-ARN).

La ARN polimerasa II produce ARN nuclear heterogéneo (hn-ARN), que después del procesamiento produce ARN mensajero (m-ARN) que se traduce en proteína.

La ARN polimerasa III transcribe genes que transfieren ARN precursor (t-ARN), ARN nuclear y citoplasmático pequeño y ARN 5S que forma parte de la subunidad ribosómica grande.

El inicio de la transcripción requiere que el factor σ se una al núcleo central de la ARN polimerasa. Existen secuencias de ADN específicas y necesarias para que las holoenzimas reconozcan la posición de inicio de la transcripción, y estas secuencias específicas se denominan secuencias promotoras. Pribnow (1975) aisló y secuenció la región de ADN protegida por la ARN polimerasa después de la digestión con ADNasa pancreática. Según este método, se secuencian los primeros promotores de fagos, tales como T7 e I, y el promotor del operón de lactosa. Pribnow observó una secuencia de aproximadamente 7 pares de bases, 10 bases antes de la primera transcripción, que aparece en la mayoría de los fragmentos protegidos por la ARN polimerasa. Esta secuencia se llama Caja de Pribnow y es: 5'TATPuATPu 3'.

El factor sigma es responsable de permitir que la ARN polimerasa reconozca y se una a estas secuencias. La holoenzima atraviesa el ADN hasta que encuentra y se une a las regiones -10 y -35 (secuencias promotoras), y luego comienza a separar las dos hélices a través de la región -10 (pares ricos en at).

La elongación de la transcripción no requiere factor sigma. Una vez que comienza la transcripción, se libera el factor sigma, y el núcleo central de la ARN polimerasa comienza a sintetizar ARN a partir de ribonucleósido trifosfato libre a lo largo de la dirección 5'P \rightarrow 3'OH. Como sustrato de enzimas. Parece que el ADN de la región que se transcribe está parcialmente desenrollado y la velocidad de transcripción.

La terminación depende de la acción del factor proteico rho (ρ), que es un hexámero compuesto por 6 subunidades. Los ARN con señales de terminación dependientes de rho (ρ) generalmente no tienen bucles en horquilla seguidos de uracilo. Para detener la transcripción, el factor rho (ρ) reconocerá secuencias de ARN específicas llamadas sitios de celo y se unirá a ellos para posteriormente extraer el ARN y liberarlo de la ARN polimerasa. La secuencia de celo suele preceder (corriente arriba) a la posición en la que la ARN polimerasa detiene la transcripción.

En eucariontes la terminación de la transcripción es más compleja.

El ARN recién sintetizado generalmente se somete a un procesamiento adicional. Por ejemplo, en las bacterias, el ARN precursor del ARN ribosómico (ARN-r) es más grande, que es similar al ARN precursor del ARN de transferencia (ARN-t). Sin embargo, el ARN que se va a traducir en proteína no sufre ningún procesamiento en las bacterias, porque se sintetiza y comienza a traducirse. De hecho, la transcripción y la traducción están sincronizadas (simultáneamente) en las bacterias, es más, aún no ha terminado de transcribirse un ARN mensajero y ya se le han unido ribosomas que están traduciéndolo.

Conclusión

A diferencia de la replicación del ADN, en este caso, durante el inicio de la transcripción, no se requiere la presencia de un cebador para la síntesis de una nueva cadena de ARN. Antes de que comience la transcripción, se necesitan una serie de factores de transcripción (proteínas), y estos factores de transcripción son utilizados por los factores de iniciación. Se unen a secuencias de ADN específicas para identificar el sitio donde comienza la transcripción. La secuencia de ADN en la que se ensambla el complejo de transcripción se llama promotor. El promotor se encuentra en el extremo 5' del gen. Antes de que el gen se inicie, los factores de transcripción se le unen a través de las fuerzas de van der Waals y los enlaces de hidrógeno. Los promotores definen secuencias reguladoras altamente conservadas en cada especie, la más famosa de las cuales es la caja TATA (ubicada en la región -25 en el caso de eucariotas).

La formación del complejo de transcripción se realiza sobre el promotor TATA, donde se forma el núcleo del complejo de iniciación. Una proteína de unión (TBP) se inmoviliza en la caja TATA, que es parte del factor de transcripción TFII D (TF del inglés: factor de transcripción). Luego se unen a otros factores de transcripción específicos: TFII B se une a TBP, TFII A (opcional), estabilizando así el complejo TFII B-TBP; luego el complejo TFII F y la ARN polimerasa se unen, y finalmente TFII E y TFII H. Todos ellos forman un complejo llamado "complejo de cebado previo cerrado" o PIC. Cuando la estructura es abierta por el factor de transcripción TFII H, comienza la iniciación y el "complejo abierto" (debido a su acción helicasa dependiente de ATP).

Bibliografía

Beas , C., Ortuño, D., & Armedáriz, J. (2009). *Biología molecular fundamentos y aplicaciones* .
McGRAW-HILL INTERAMERICANA EDITORES, S.A. de C.V.

Hernández Nazaré Z (2013). Transcripción. Salazar Montes A, & Sandoval Rodríguez A, & Armendáriz Borunda J(Eds.), *Biología molecular. Fundamentos y aplicaciones en las ciencias de la salud*.
McGraw Hill.