



# UNIVERSIDA DEL SURESTE

CAMPUS COMITÁN

LICENCIATURA EN MEDICINA HUMANA

**TEMA: SINTESIS DE PROTEINAS**

ALUMNO(A): GUADALUPE DEL CARMEN COELLO SALGADO

## INTRODUCCIÓN

Las proteínas, por su tamaño, no pueden atravesar la membrana plasmática de la célula; por eso, existe en su interior un mecanismo que las construye (síntesis) según las necesidades que tenga en ese momento la célula. La síntesis de proteínas o traducción tiene lugar en los ribosomas del citoplasma celular. Los aminoácidos son transportados por el RNA de transferencia (RNAt), específico para cada uno de ellos, y llevados hasta el RNA mensajero (RNAm), donde se aparean el codón de éste y el anticodón del RNA de transferencia, por complementariedad de bases, y de esta manera se sitúan en la posición que les corresponde. En resumidas cuentas, se trata de la fase en el que la información genética almacenada dentro del ADN pasa a ser codificada en el ARN mensajero (ARNm en adelante) y constituye el primer paso del proceso. La codificación de la secuencia del ADN a ARNm se lleva a cabo construyendo una copia complementaria de cada nucleótido, siempre teniendo en cuenta que en este tipo de ARN el uracilo es complementario a la adenina. La encargada de llevar a cabo esta copia es la enzima ARN polimerasa II, para lo cual necesita de tres etapas: iniciación, elongación y terminación

## DESARROLLO

Describir la síntesis de proteínas y del DNA dentro de una célula es como describir un círculo: el DNA dirige la síntesis del RNA; el RNA dirige la síntesis de proteínas y, finalmente, una serie de proteínas específicas catalizan la síntesis tanto del DNA como del RNA. La síntesis del RNAt se realiza a través de la catálisis de la polimerasa del RNA III. Éste se encuentra disperso por todo el citoplasma; es el más pequeño de los tres tipos de RNA y su estructura tiene forma de hoja de trébol. Los RNAt se estructuran por alrededor de 80 nucleótidos con pesos moleculares de cerca de 25 000 daltones. Todos los RNAt tienen pG en el extremo 5' y pCpCpA en el extremo 3'. El extremo 3' se conoce como brazo del aminoácido o también brazo de unión al aminoácido o "aceptor". El correspondiente brazo del anticodón contiene el triplete anticodón, el cual reconoce el codón del RNAm y se relaciona con éste por medio de formación de puentes de hidrógeno, siguiendo las reglas de complementariedad de las bases. Se comienza con la subunidad menor sola. IF-1 se une a la base del sitio A para forzar que el primer fMet-RNAt entre en el sitio P. IF-3 tiene una doble función, ya que se le necesita para estabilizar la subunidad 30S y para que el RNAm interaccione con dicha subunidad. IF-2 (como

otros muchos factores de traducción) es del tipo de proteínas G que sirve para depositar el aminoacil-RNAt (fMet-RNAt en este caso) en el ribosoma. Los tres IF junto con el RNAm, el fMet-RNAt y la subunidad 30S forman el complejo de iniciación. El RNAt iniciador que reconoce el AUG (en ocasiones GUG y rara vez UUG) es especial, ya que porta una formil-Met; presenta modificaciones postranscripcionales específicas; sólo puede usarse en iniciación, y es el único capaz de entrar en el sitio P (no el A) sin la subunidad mayor del ribosoma. La hidrólisis de GTP y la interacción con la subunidad 50S permiten la liberación de los tres factores de iniciación. El mecanismo de eucariontes es básicamente el mismo que el de procariontes, con la mayor parte de las diferencias acumuladas en la iniciación. La etapa de elongación presenta, en un primer momento, el problema de que la cadena debe desenrollarse por delante y enrollarse por detrás. En este sentido, la enzima ARN polimerasa II sintetiza el ARN siempre en dirección 5'-3'. Así se consigue que no se produzca un súper-enrollamiento, el cual podría dar al traste con el resto del proceso de transcripción del ARNm en la síntesis de proteínas. En caso de que se produzca uno de esos superenrollamientos a los que hemos hecho referencia, las topoisomerasas son las encargadas de reducir las tensiones generadas por ellos y de permitir que el proceso siga su curso natural. A medida que la región de desenrollamiento continúa hacia adelante, el ADN de doble cadena procede a reconstituirse justo detrás de ella, lo cual consigue desplazar al ARN formando una cadena polinucleótida simple. La terminación de la transcripción en el proceso de síntesis de proteínas se refiere, en resumidas cuentas, a la finalización de la cadena de aminoácidos enlazados mediante enlaces peptídicos. Para conseguirlo es necesaria la participación de los factores de liberación FL-1, FL-2 y FL-3. En este sentido cabe destacar que el FL-3 es una pequeña proteína unida mediante GTP. Además, es imprescindible que los FL-1 y FL-2 se reconozcan entre sí y se unan a los codones de terminación. De hecho, hasta que esto no sucede, el proceso sigue su curso con normalidad. Al llegar un codón de terminación al sitio A, éste es reconocido por alguno de los factores de liberación; RF1 reconoce los codones UAA y UAG, y RF2 reconoce UAA y UGA. Estos factores ocupan el sitio A; su estructura recuerda a la del RNAt, y en la parte de la molécula que se sitúa sobre el sitio peptidiltransferasa del ribosoma contiene el motivo Gly-Gly-Gln (GGQ) que lleva coordinada una molécula de agua. La reacción de fin de traducción consiste en la transferencia del péptido desde el sitio P a dicha molécula de agua. Para sacar los RF1 o RF2 del ribosoma, es necesario que intervenga RF3 (otra proteína de la familia de las GTPasas) e hidrolice una molécula de GTP. RF3 se parece estructuralmente a

EF-G. Las células de eucariontes disminuyen su índice total de la síntesis de la proteína como respuesta a una variedad de situaciones, incluyendo la privación de los factores de crecimiento o de nutrientes, la infección por los virus, y aumentos repentinos en temperatura. Mucha de esta disminución la causa la fosforilación del factor eIF-2 de la iniciación de la traducción por las cinasas de proteína específicas que responden a los cambios de condiciones, porque eIF-2 se une muy firmemente al GDP, un factor de intercambio del nucleótido de guanina, señalando que eIF-2B se requiere para la liberación del GDP, de modo que una molécula nueva de GTP pueda unirse y eIF-2 pueda ser reutilizado. La síntesis proteínica es un proceso demasiado complejo en el que la información genética codificada en los ácidos nucleicos se traduce en los 20 aminoácidos estándar de los polipéptidos. Además de la traducción (el mecanismo por medio del que una secuencia de bases de nucleótidos dirige la polimerización de los aminoácidos), también puede considerarse que la síntesis de proteínas incluye los procesos de modificación y de direccionamiento posteriores a la traducción. La modificación posterior a la traducción consiste en modificaciones químicas que utilizan las células para preparar a los polipéptidos para sus cometidos funcionales. Varias modificaciones ayudan en el direccionamiento, que lleva a las moléculas recién sintetizadas a una localización específica intracelular o extracelular.

## CONCLUSION

Se conoce como síntesis de proteínas al proceso por el cual se componen nuevas proteínas a partir de los veinte aminoácidos esenciales. En este proceso, se transcribe el ADN en ARN. La síntesis de proteínas se realiza en los ribosomas situados en el citoplasma celular. En el proceso de síntesis, los aminoácidos son transportados por ARN de transferencia correspondiente para cada aminoácido hasta el ARN mensajero donde se unen en la posición adecuada para formar las nuevas proteínas. Con ayuda enzimática, la cadena de ADN se abre en el espacio que se encuentra el gen, y con el patrón de ácidos nucleicos se va formando una cadena de nucleótidos de ARN llamado mensajero (ARNm). Cuando termina de transcribirse la información, la cadena de ARNm sale al citoplasma y el ADN nuclear vuelve a cerrarse en cada escalón de la cadena. El Código Genético es una referencia de los aminoácidos que lleva cada codón en la secuencia del ARNm. De esa manera se conoce el tipo de proteína que sintetiza una secuencia de ADN. Este código es universal, o sea aplica en todos los seres vivos.

## BIBLIOGRAFIA

[https://www.iqb.es/cbasicas/fisio/cap04/cap4\\_2.htm](https://www.iqb.es/cbasicas/fisio/cap04/cap4_2.htm)

[CUADERNO Nº XXX: SÍNTESIS DE PROTEÍNAS \(porquebiotecnologia.com.ar\)](http://porquebiotecnologia.com.ar)

[https://www.ecured.cu/S%C3%ADntesis\\_de\\_prote%C3%ADnas](https://www.ecured.cu/S%C3%ADntesis_de_prote%C3%ADnas)