

UNIVERSIDAD DEL SURESTE
MEDICINA HUMANA

TRABAJO: Cuadro sinóptico

TEMA: Transcripción Genética

MATERIA: Biología Molecular

DOCENTE: QFB. Hugo Nájera Mijangos

ALUMNA: Alondra Casaux García

Transcripción genética

Se denomina transcripción al proceso de trasvase de la información contenida en el ADN, a la molécula de ARN. Constituye el primer paso en la expresión de los genes, y mediante esta ruta se sintetizan todos los tipos de ARN que existen en la célula.

Características

- 1) El proceso se limita a una porción de ADN, se dice que es un proceso selectivo, ya que ha de reconocerse un punto de inicio y uno de terminación en la molécula de ADN.
- 2) El proceso puede repetirse infinidad de veces a lo largo de la vida de la célula. Una región concreta de ADN puede ser copiada multitud de veces dando lugar a la formación de múltiples moléculas iguales de ARN.
- 3) El proceso no afecta a la estructura del ADN, es un proceso conservador de la molécula de ADN, el gen o genes copiados permanecen iguales.
- 4) El proceso es monocatenario.

Fases

Fase de inicio

La ARN polimerasa debe reconocer el punto de inicio de la síntesis. Esta zona del ADN, descrita como promotor, consiste en dos secuencias cortas de bases situadas 10 y 35 pares de bases del punto inicial de la síntesis. La ARN polimerasa se une al ADN migrando hasta los promotores, cuando llega a esa posición se produce el desenrollamiento del ADN en una sección de unos 17 nucleótidos (en la secuencia -10), formando lo que se denomina burbuja de transcripción.

Fase de elongación

Se produce el crecimiento de la cadena por incorporación de ribonucleótidos con bases complementarias, que forman el híbrido ADN-ARN en una secuencia de unos 12 pares de bases. La ARN polimerasa mantiene rotos los enlaces entre las cadenas en un segmento de 17 pares de bases, desenrollando el ADN por delante y enrollándolo por detrás.

Fase de terminación

La ARN polimerasa continúa la copia de ADN hasta la presencia de una secuencia concreta de terminación que provoca su disociación. La secuencia de terminación suele estar formada por una repetición de bases de adenina que se transcribe como una secuencia de uracilos en el ARN sintetizado. Uno de los procedimientos para terminar la transcripción depende de la presencia de un factor proteico denominado factor ρ (Rho). Esta proteína funciona como una helicasa

Transcripción genética

Maduración del ARN

La mayor parte de las moléculas de ARN procariontas y la totalidad de las eucariotas recién sintetizadas, los denominados transcritos primarios

Corte y empalme.

Las secuencias no codificantes se denominan intrones, y las secuencias codificantes, exones. Para obtener un ARNm funcional se han de eliminar los intrones a través de un proceso denominado de corte y empalme (“splicing”), permitiendo que los exones formen una secuencia ininterrumpida.

Corte.

Los ARN ribosómicos, tanto de procariontas como de eucariotas, son sintetizados como largos transcritos primarios, que darán origen mediante secciones o cortes adecuados a los distintos tipos moleculares de ARNr. Los ARNt, con 40 ó 50 tipos diferentes por célula, se forman a partir de transcritos más grandes, que posteriormente son cortados por sus extremos 3' ó 5'.

Modificaciones de adición.

La mayoría tiene en su extremo 5' un casquete formado por un nucleótido metilado de guanosina unido a través de un enlace 5'-5'trifosfato. En el extremo 3' tiene una cola de poliA formada por 20 a 250 residuos adenilato. Los ARNt también presentan modificaciones en los extremos, en el 3' es añadida la secuencia nucleotídica CCA, catalizada por la enzima ARNnucleotidiltransferasa.

Modificación de bases

En los ARNt, existen por último modificaciones químicas realizadas sobre las bases, como metilaciones, desaminaciones o reducciones; estas bases situadas en lugares concretos de la estructura del ARNt determinan su estructura espacial o conformación natural