

**Universidad del Sureste**  
**Escuela de Medicina**



**CUADRO SINÓPTICO**

**Materia:**

Biología molecular.

**Docente:**

QFB: Hugo Nájera Mijangos.

**Semestre:**

8° "B".

**Alumna:**

Michelle Junuem Maldonado Hernández.

**Fecha:**

19 de marzo del 2022

# TRANSCRIPCIÓN GENÉTICA

## Definición

Es el 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.

Cada ARN formado corresponde a la copia de una porción o segmento de ADN.

3 fases:

- Fase de inicio.
- Fase de elongación.
- Fase de terminación.

## Fase de inicio

La ARN polimerasa debe reconocer el punto de inicio de la síntesis

El promotor, consiste en dos secuencias cortas de bases situadas 10 y 35 pares de bases del punto inicial de la síntesis.

Los promotores más frecuentes presentan una secuencia estándar o secuencia consenso en las que ciertos nucleótidos aparecen con mayor frecuencia.

Secuencias consenso:

- Secuencia TATA
- TTGACA

La ARN polimerasa se une al ADN migrando hacia los promotores, formando la burbuja de transcripción.

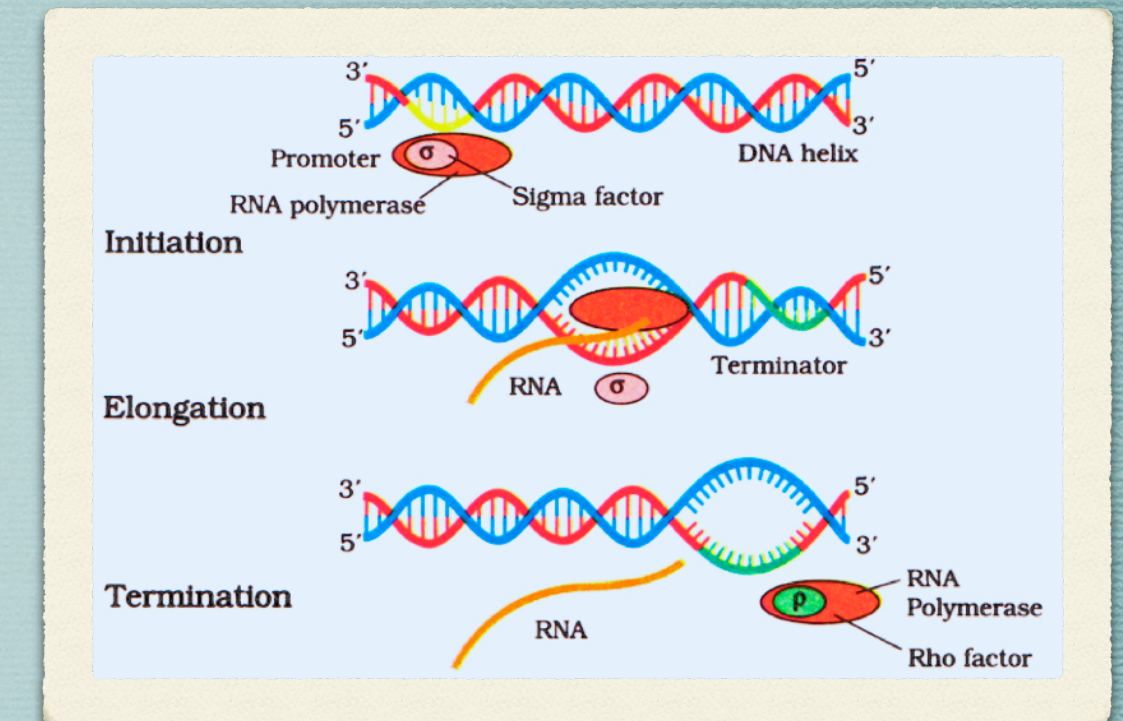
## Fase de elongación

Se produce el crecimiento de la cadena por incorporación de ribonucleótidos con bases complementarias.

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.



## Maduración del ADN

Los transcritos primarios pasan por una serie de modificaciones

1. Corte y empalme

En el caso de los ARNm de eucariotas que llevan información de un gen, las secuencias con información para el polipeptido no están contiguas, sino que están separadas por segmentos de ARN sin función codificante.

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.

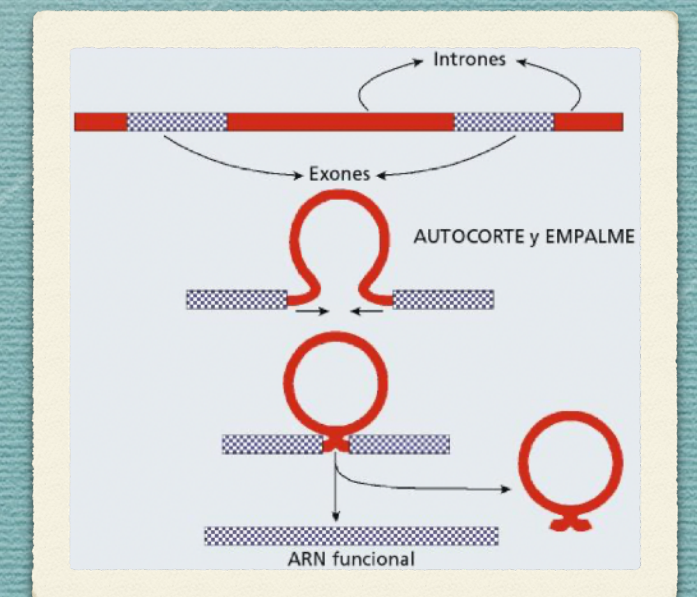
2. Corte

Los ARN ribosómicos, tanto de procariotas como de eucariotas, son sintetizados como largos transcritos primarios, que darán origen mediante secciones o cortes adecuados a los distintos tipos moleculares de ARNr.

3. Modificaciones de adición

Los ARNm de células eucariotas tiene en su extremo 5' un casquete formado por un nucleótido metilado de guanósina unido a través de un enlace 5'-5' trifosfato.

En el extremo 3' tiene una cola de poliA formado por 20 a 250 residuos adenilato.



## Bibliografía

**Merino, J (2015). Transcripción. Revista de la Universidad de Cantabria.**