



Alumna: Itzel Balbuena Rodriguez.

Materia: Biología Molecular.

Tema: Síntesis y Degradación de proteínas.

Docente: Dr. Daniel Amador Javalois.

Semestre: 4to

Parcial: 2°

Fecha entrega: 26/04/2025.

TRANSCRIPCIÓN Y PROCESAMIENTO DE LA INFORMACIÓN GENÉTICA

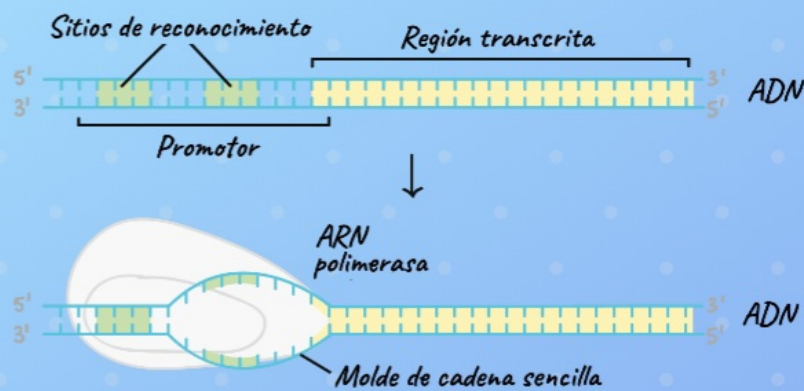
ITZEL
BALBUENA



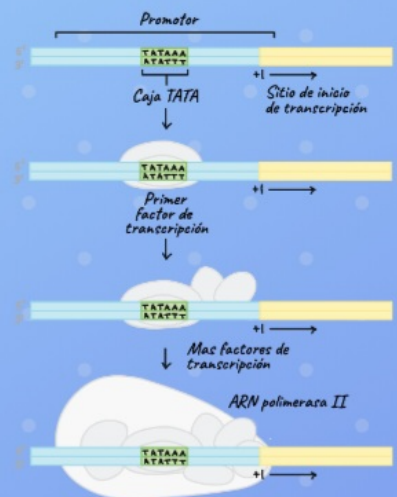
Cuando las células se dividen, cada célula hija debe recibir su propia copia exacta de la información contenida en el DNA.

El DNA se copia o se replica por separación de las dos hebras complementarias de una molécula de DNA

Y, después, enzimas conocidas como DNA polimerasas utilizan cada hebra como molde para la síntesis de dos copias idénticas de la molécula parental siguiendo las reglas del apareamiento de bases.



- DEFINICIÓN DEL PROCESO.
- Mecanismo celular por el cual la información genética contenida en el ADN es transferida a una molécula de ARN. Ocurre mediante la polimerización de ribonucleósidos trifosfato a lo largo de una cadena molde de DNA. La síntesis de ARN está catalizada por la ARN polimerasa.



DOGMA
CENTRAL

INICIACIÓN

ELONGACIÓN

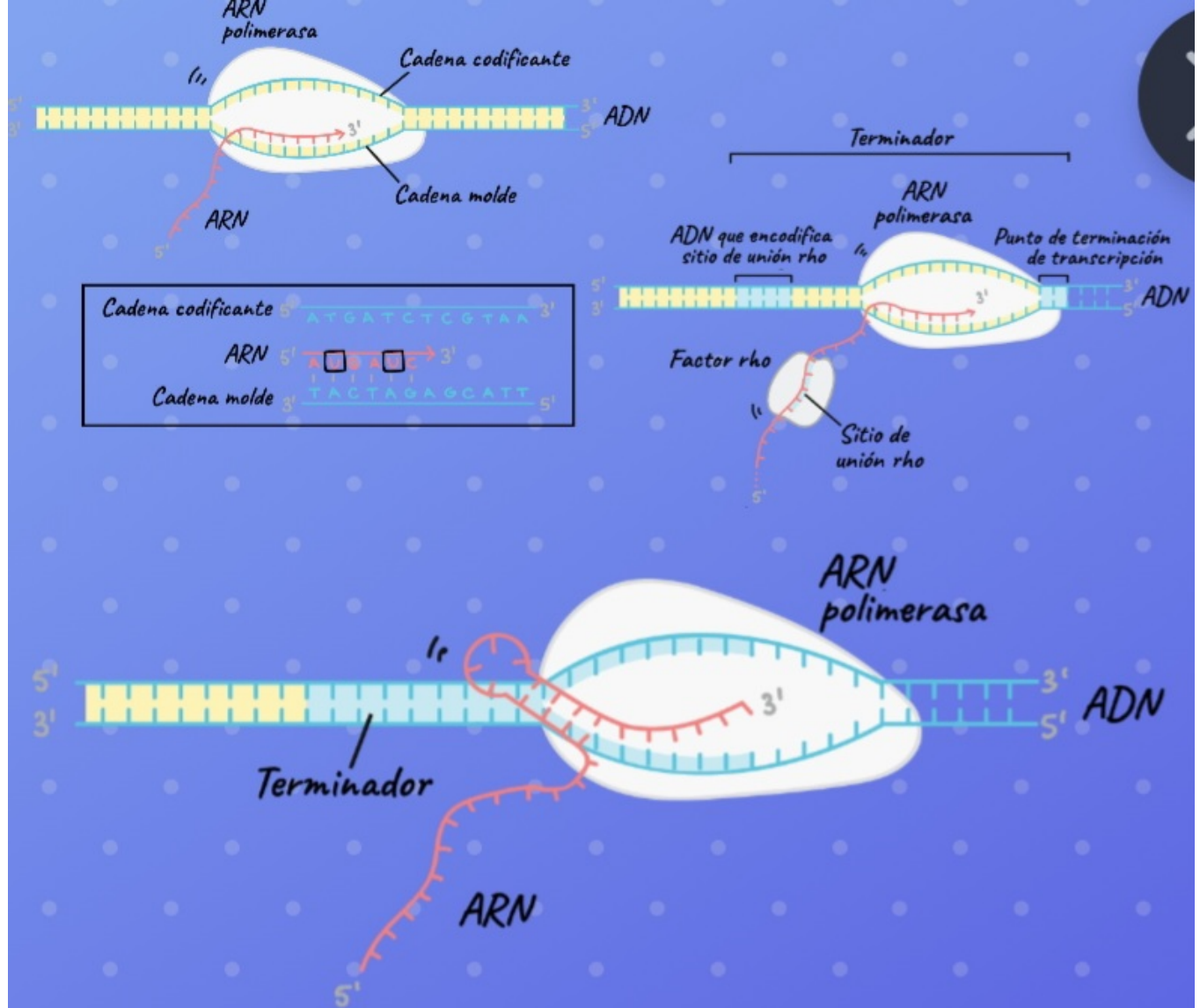
TERMINACIÓN

La ARN polimerasa hace que la doble hélice de ADN se abra y exponga la secuencia de ADN y permita la unión de los ribonucleótidos.

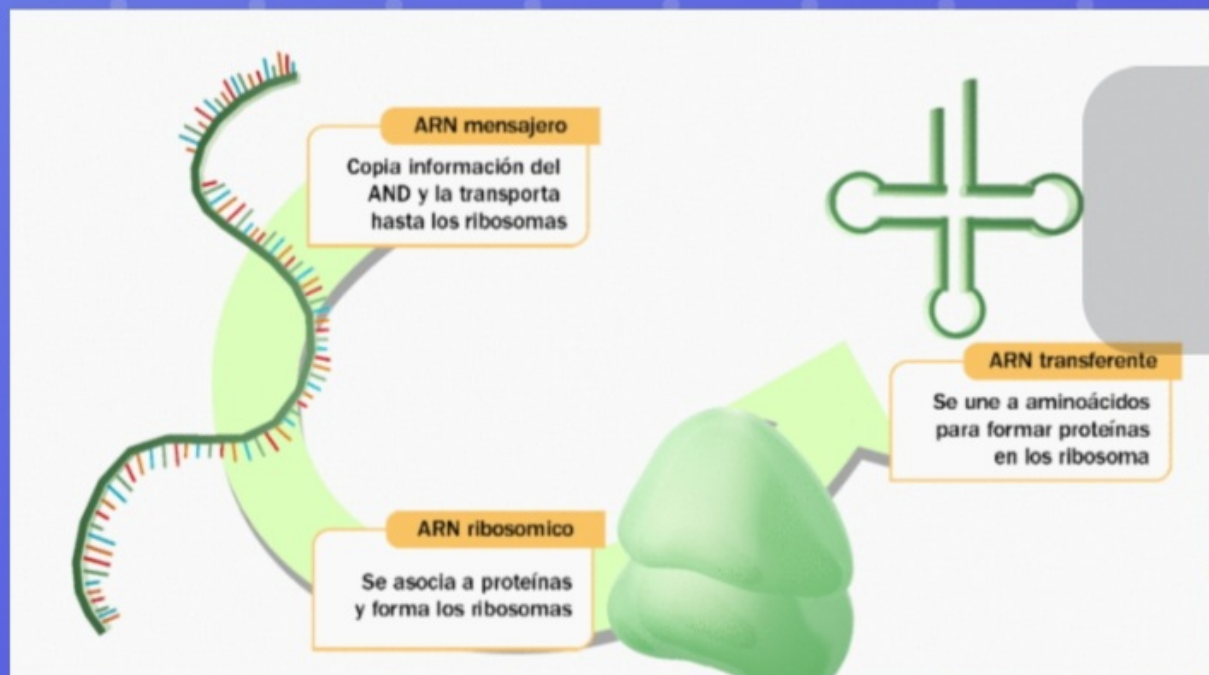
Se presenta la adición sucesiva de ribonucleótidos para formar el ARN. El ARN polimerasa "lee" la cadena "5'-3'". Esta cadena sintetizada es complementaria de la hebra de ADN y ARN se complementa de la siguiente manera: G-C, A-U, T-A, G-C.

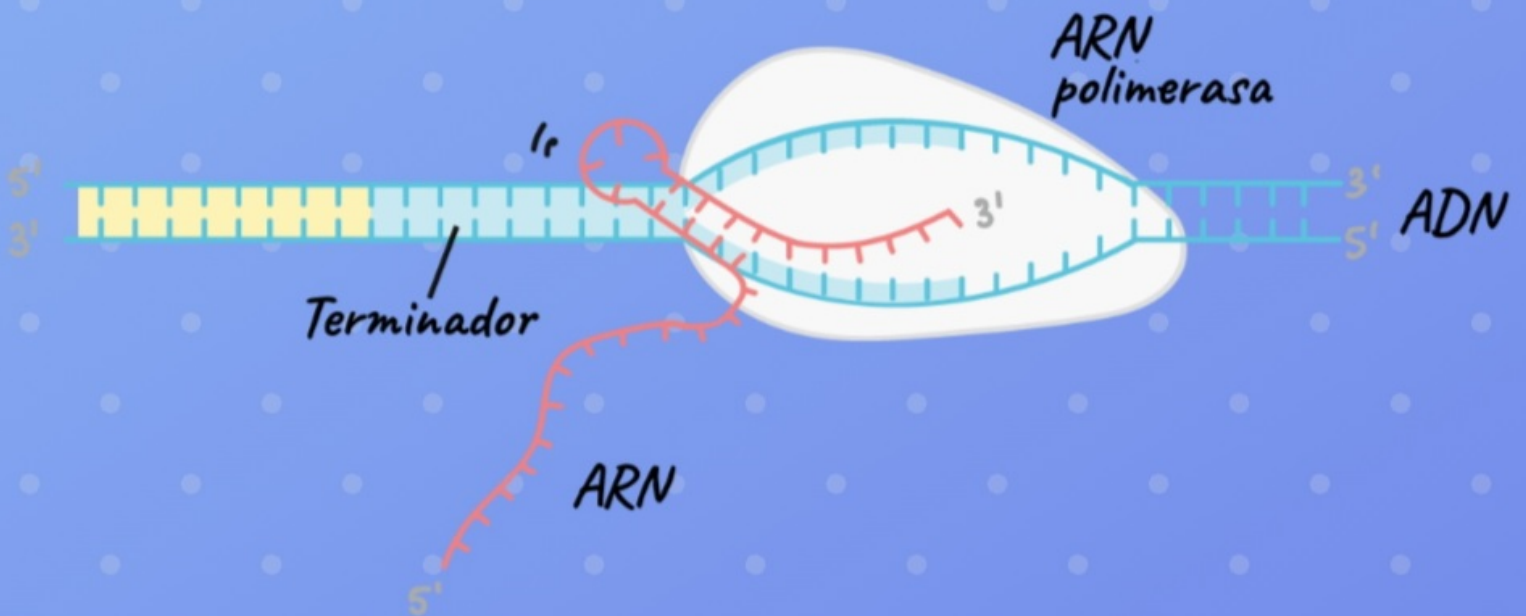
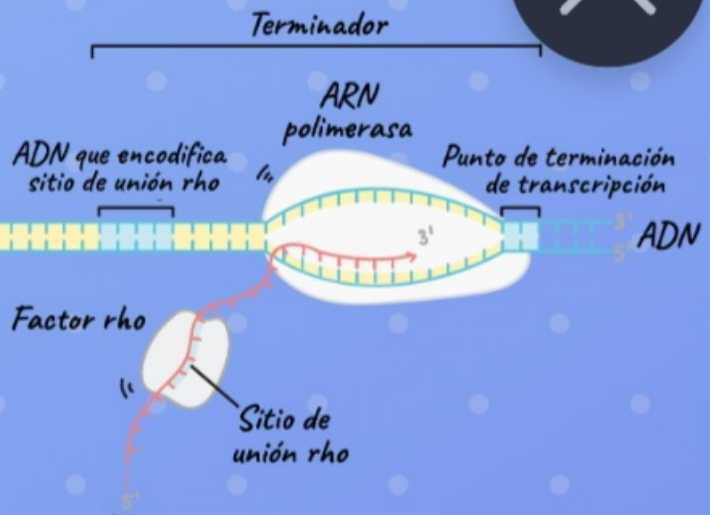
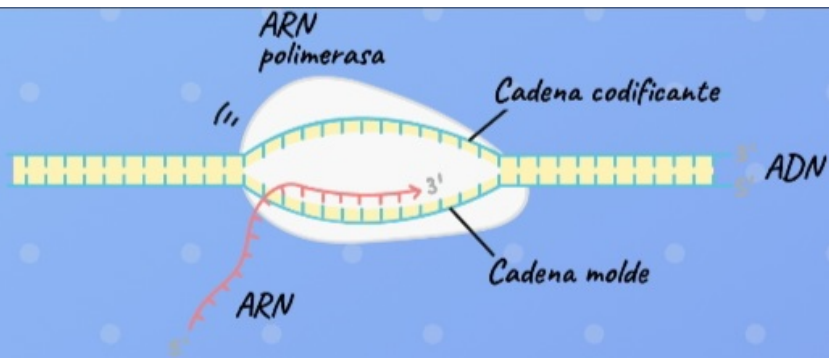
El ARN polimerasa reconoce unas señales en el ADN que indican el final de la transcripción. Esto implica el cierre de la burbuja formada en el ADN y la separación de ARN polimerasa del ARN transcrito. El ARN polimerasa transcribe regiones largas del ADN que exceden la longitud de la secuencia que codifica a la proteína y una enzima corta del fragmento de ARN que lleva la información para sintetizar la proteína.

ARN

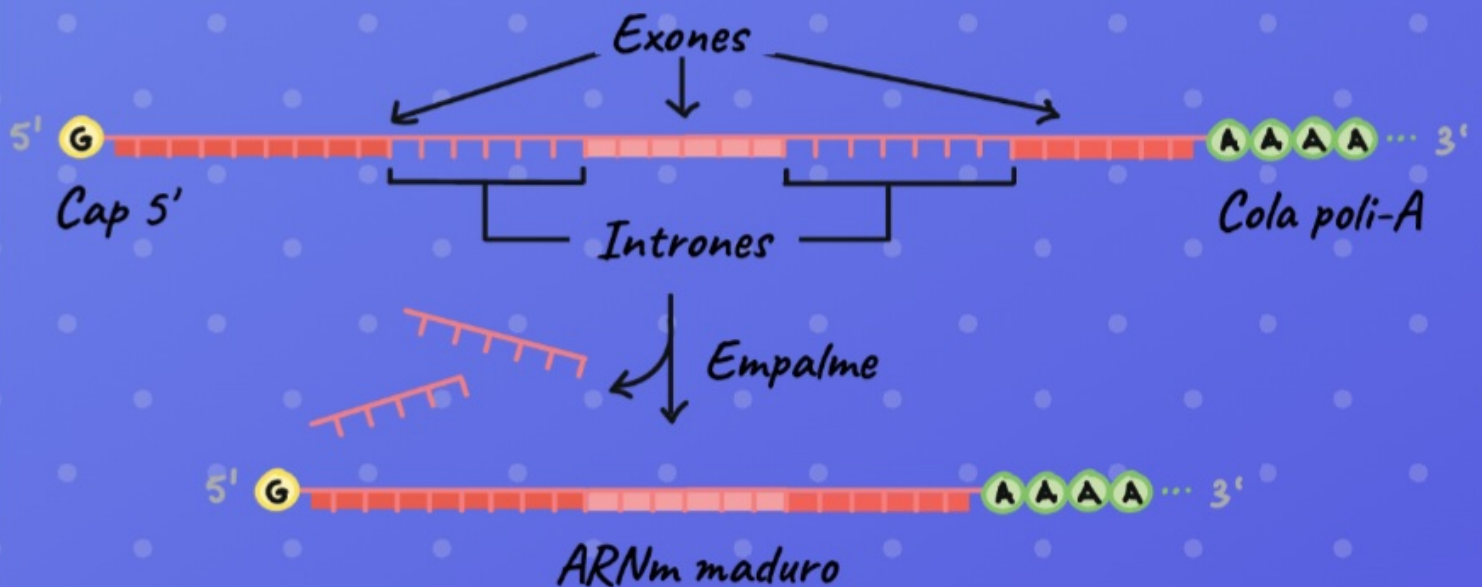


Tipos de ARN





Modificaciones postranscripcionales



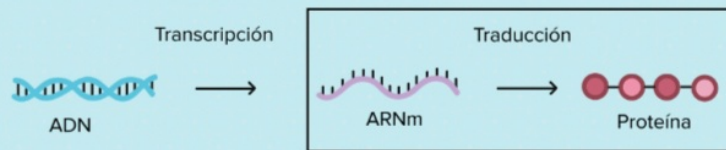
En eucariontes, el transcrito de un gen codificante se llama pre-ARNm y debe experimentar un procesamiento adicional antes de que pueda dirigir la traducción.

Los pre-ARNm eucariontes deben tener sus extremos modificados por la adición de un cap 5' (al inicio) y una cola de poli-A 3' (al final).

Muchos pre-ARNm eucariontes sufren empalme. En este proceso, partes del pre-ARNm (llamadas intrones) se cortan y se eliminan, y las piezas restantes (llamadas exones) se vuelven a unir.

Las modificaciones en los extremos aumentan la estabilidad del ARNm, mientras que el empalme otorga al ARNm su secuencia correcta (si no se eliminan los intrones, se traducirán junto con los exones y producirán un polipéptido "sin sentido").

Síntesis y degradación de proteínas



En esta etapa el ARNm se "decodifica" para construir una proteína (o un pedazo/subunidad de una proteína) que contiene una serie de aminoácidos en específico

Código Genético

Durante la traducción, una célula "lee" la información contenida en el ARN mensajero (ARNm) y la usa para construir una proteína. En realidad, y para ser un poco más técnico, un ARNm no siempre codifica o proporciona las instrucciones para una proteína completa, sino que podemos decir con fiabilidad que siempre codifica para un polipéptido o una cadena de aminoácidos.

		Segunda letra					
		U	C	A	G		
Primera letra	U	UUU } Phe UUC } UUA } Leu UUG }	UCU } UCC } Ser UCA } UCG }	UAU } Tyr UAC } UAA Alto UAG Alto	UGU } Cys UGC } UGA Alto UGG Trp	U C A G	Tercera letra
	C	CUU } CUC } Leu CUA } CUG }	CCU } CCC } Pro CCA } CCG }	CAU } His CAC } CAA Gln CAG }	CGU } CGC } Arg CGA } CGG }	U C A G	
	A	AUU } AUC } Ile AUA } AUG Met	ACU } ACC } Thr ACA } ACG }	AAU } Asn AAC } AAA Lys AAG }	AGU } Ser AGC } AGA } Arg AGG }	U C A G	
	G	GUU } GUC } Val GUA } GUG }	GCU } GCC } Ala GCA } GCG }	GAU } Asp GAC } GAA Glu GAG }	GGU } GGC } Gly GGA } GGG }	U C A G	

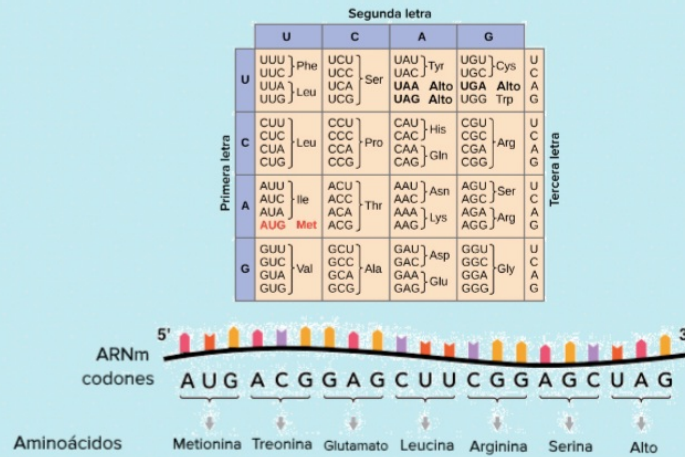
Se muestra un ARNm con los siguientes codones: AUG, ACG, GAG, CUU, CGG, AGC, UAG. Los aminoácidos correspondientes son: Metionina, Treonina, Glutamato, Leucina, Arginina, Serina y Alto.

En un ARNm, las instrucciones para construir un polipéptido son los nucleótidos de ARN (A, U, C, y G), que se leen en grupos de tres. Estos grupos de tres se conocen como codones.

Hay tres codones más que no especifican aminoácidos. Estos codones de terminación, UAA, UAG y UGA, le informan a la célula cuando está completo un polipéptido. En conjunto, esta colección de relaciones codón-aminoácidos se llama el código genético, porque permite que las células "decodifiquen" un ARNm en una cadena de aminoácidos.

Código Genético

Durante la traducción, una célula "lee" la información contenida en el ARN mensajero (ARNm) y la usa para construir una proteína. En realidad, y para ser un poco más técnico, un ARNm no siempre codifica o proporciona las instrucciones para una proteína completa, sino que podemos decir con fiabilidad que siempre codifica para un polipéptido o una cadena de aminoácidos.

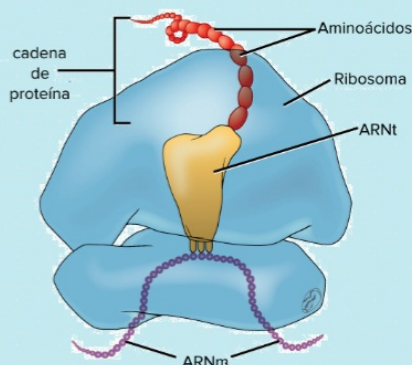


En un ARNm, las instrucciones para construir un polipéptido son los nucleótidos de ARN (A, U, C, y G), que se leen en grupos de tres. Estos grupos de tres se conocen como codones.

Hay tres codones más que no especifican aminoácidos. Estos codones de terminación, UAA, UAG y UGA, le informan a la célula cuando está completo un polipéptido. En conjunto, esta colección de relaciones codón-aminoácidos se llama el código genético, porque permite que las células "decodifiquen" un ARNm en una cadena de aminoácidos.

Ribosomas

Los ribosomas son las estructuras donde se construyen los polipéptidos (proteínas). Se componen de proteínas y ARN (ARN ribosomal o ARNr). Cada ribosoma tiene dos subunidades, una grande y una pequeña, que se reúnen alrededor de un ARNm, algo parecido a las dos mitades de un pan para hamburguesa que se reúnen alrededor de la torta de carne.

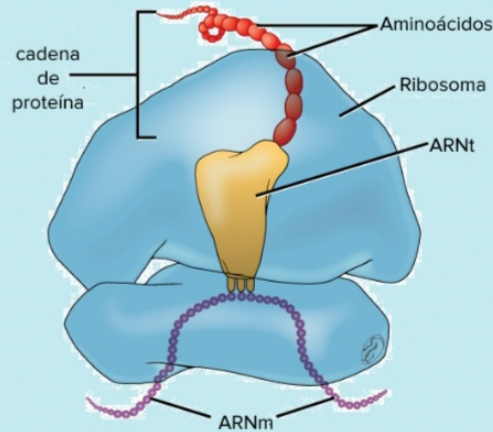


El ribosoma proporciona un conjunto de espacios útiles o huecos donde los ARNr pueden encontrar sus codones correspondientes en la plantilla del ARNm y entregar sus aminoácidos. Estos huecos se llaman los sitios A, P y E. Pero además el ribosoma actúa como una enzima que cataliza la reacción química que une los aminoácidos para formar una cadena.

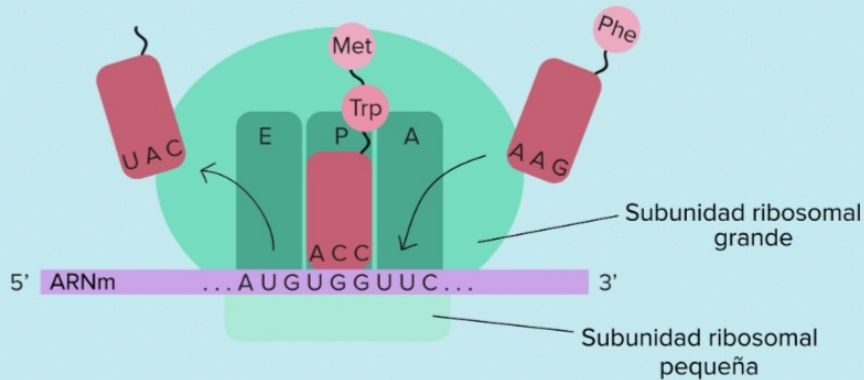
Ribosomas



Los ribosomas son las estructuras donde se construyen los polipéptidos (proteínas). Se componen de proteínas y ARN (ARN ribosomal o ARNr). Cada ribosoma tiene dos subunidades, una grande y una pequeña, que se reúnen alrededor de un ARNm, algo parecido a las dos mitades de un pan para hamburguesa que se reúnen alrededor de la torta de carne.



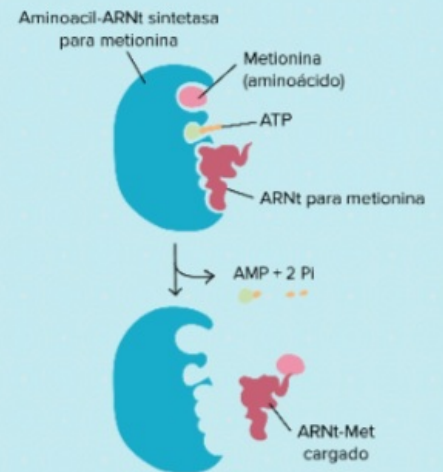
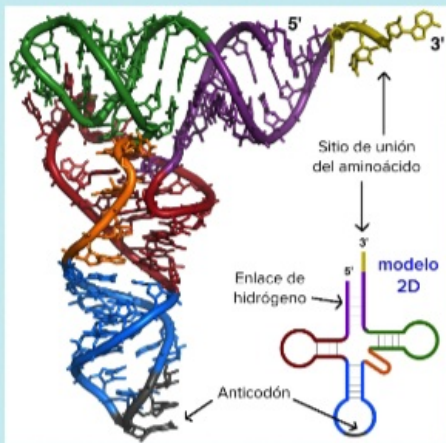
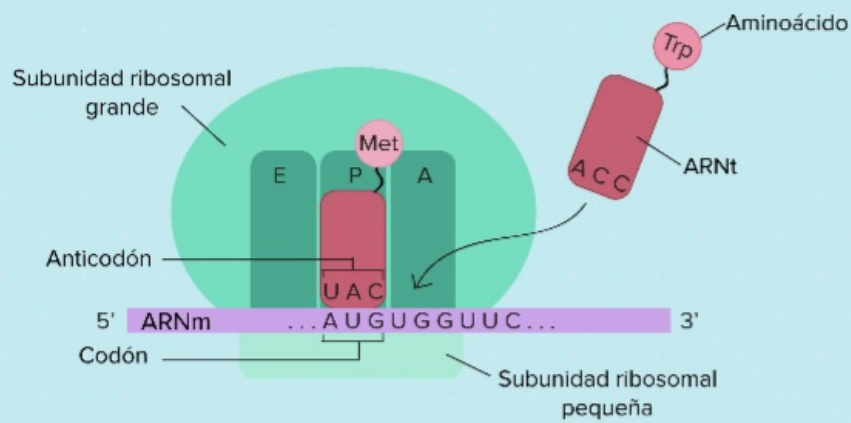
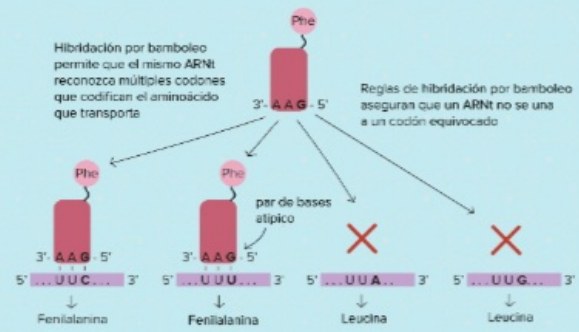
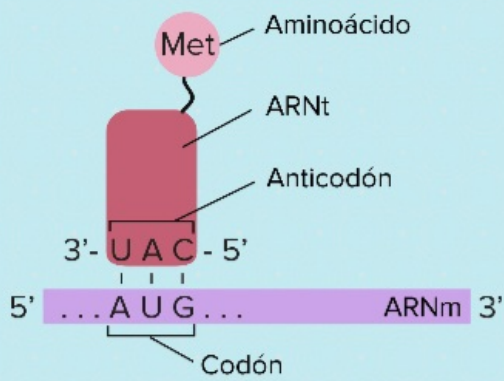
El ribosoma proporciona un conjunto de espacios útiles o huecos donde los ARNt pueden encontrar sus codones correspondientes en la plantilla del ARNm y entregar sus aminoácidos. Estos huecos se llaman los sitios A, P y E. Pero además el ribosoma actúa como una enzima que cataliza la reacción química que une los aminoácidos para formar una cadena.



ARNs de transferencia (ARNt)

Los ARN de transferencia o ARNt, son "puentes" moleculares que conectan los codones del ARNm con los aminoácidos para los que codifican. Un extremo de cada ARNt tiene una secuencia de tres nucleótidos llamada anticodón, que se puede unir a un codón específico del ARNm. El otro extremo de ARNt lleva el aminoácido que especifica el codón.

Hay muchos tipos de ARNt. Cada tipo lee uno o unos pocos codones y lleva el aminoácido correcto que corresponde a esos codones.



Proceso de traducción

El comienzo: la iniciación

En la iniciación, el ribosoma se ensambla alrededor del ARNm que se leerá y el primer ARNt (que lleva el aminoácido metionina y que corresponde al codón de iniciación AUG). Este conjunto, conocido como complejo de iniciación, se necesita para que comience la traducción

La extensión de la cadena: elongación

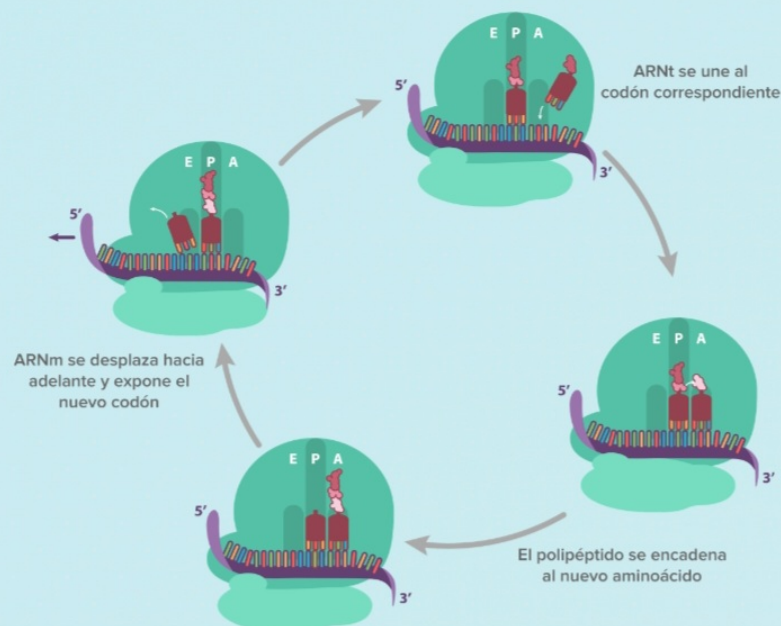
La elongación es la etapa donde la cadena de aminoácidos se extiende. En la elongación, el ARNm se lee un codón a la vez, y el aminoácido que corresponde a cada codón se agrega a la cadena creciente de proteína.

Cada vez que un codón nuevo está expuesto:

Un ARNt correspondiente se une al codón.

La cadena de aminoácidos existente (polipéptido) se une al aminoácido del ARNt mediante una reacción química.

El ARNm se desplaza un codón sobre el ribosoma, lo que expone un nuevo codón para que se lea.



Durante la elongación, los ARNt pasan por los sitios A, P, y E como se muestra arriba. Este proceso se repite muchas veces conforme se leen los nuevos codones y se agregan los nuevos aminoácidos a la cadena.

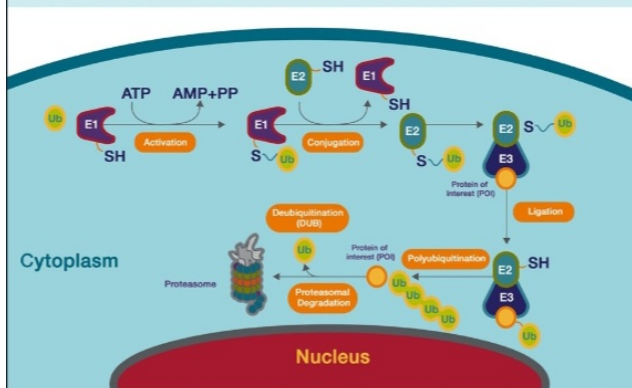
Durante la elongación, los ARNt pasan por los sitios A, P, y E como se muestra arriba. Este proceso se repite muchas veces conforme se leen los nuevos codones y se agregan los nuevos aminoácidos a la cadena.

Finalizando el proceso: terminación

La terminación es la etapa donde la cadena polipeptídica completa es liberada. Comienza cuando un codón de terminación (UAG, UAA o UGA) entra al ribosoma, lo que dispara una serie de eventos que separa la cadena de su ARNt y le permite flotar hacia afuera.

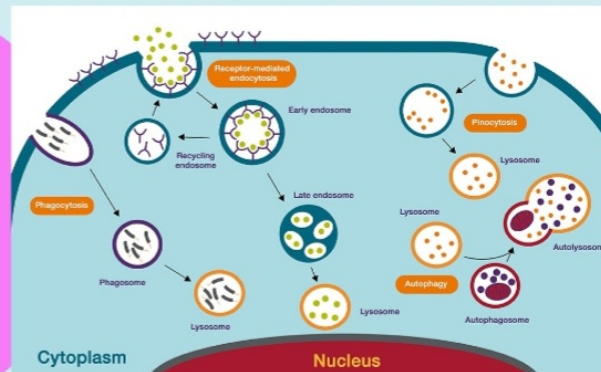
Después de la terminación, es posible que el polipéptido todavía necesite tomar la forma tridimensional correcta, se someta a procesamiento (tal como el retiro de aminoácidos), sea enviado a la parte correcta en la célula, o se combine con otros polipéptidos antes de que pueda hacer su trabajo como una proteína funcional.

Mecanismos de degradación



La proteólisis regulada desempeña un papel importante en el mantenimiento de la homeostasis celular y se ha relacionado con numerosas patologías. La proteólisis es la degradación enzimática de proteínas en péptidos y aminoácidos que la célula puede reciclar para la síntesis proteica.

El sistema ubiquitina-proteasoma (UPS; también conocido como vía ubiquitina-proteasoma, UPP) y la vía de proteólisis lisosomal son los mecanismos celulares clave que median el recambio proteico. Mediante estas vías, las células modulan los niveles de expresión proteica y eliminan de la circulación las proteínas mal plegadas o disfuncionales.



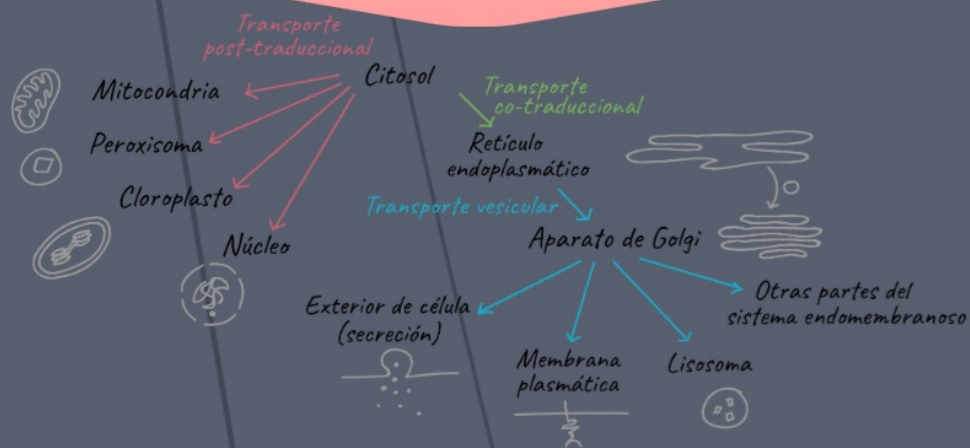
Este sistema de degradación de proteínas, mediado por la ubiquitina y estrechamente regulado, desempeña un papel crucial en las vías de supervivencia celular (p. ej., autofagia) y muerte celular (p. ej., apoptosis).

La degradación y el reciclaje ordenados de los componentes celulares actúan como un sistema de control de calidad, eliminando proteínas innecesarias o disfuncionales. El UPS regula los niveles de expresión proteica mediante el recambio proteico, regulando la síntesis y degradación proteica según las necesidades celulares.

TRÁFICO DE PROTEÍNAS



Una típica célula de mamífero contiene más de 10.000 diferentes tipos de proteínas. Para que la célula pueda funcionar apropiadamente cada una de estas numerosas proteínas debe localizarse en el compartimiento celular correcto.



En las células de mamíferos los principales compartimientos celulares son:

- El núcleo
- El citosol
- Las mitocondrias
- Los peroxisomas
- El sistema de endomembranas, integrado por:
 - o El retículo endoplásmico
 - o El Golgi
 - o El compartimiento vesicular (lisosomas, endosomas, gránulos secretorios, etc..)

Tipos de transporte

a) Transporte de membrana

b) Transporte vesicular

c) Transporte regulado

Tipos de transporte

a) Transporte de membrana

b) Transporte vesicular

c) Transporte regulado

Señales de clasificación

Son secuencias de aminoácidos.

-Las proteínas residentes carecen de señales y por lo tanto quedan libres en el citosol y cumplen funciones allí.

-Las proteínas de Reparto poseen señales que las destinan a algún compartimiento específico.

Primera clasificación

Al citosol

Se producen en ribosomas libres. Pueden quedarse en el citosol o ser re-destinadas.

Proteínas destinadas

-Al citosol (Sin péptido señal SP) -Al núcleo

-A las mitocondrias

-A los peroxisomas

-Al REG

En ribosomas unidos al REG. Con péptido señal (SP). Ingresan al interior del REG y de allí al ciclo secretor.

Transporte de moléculas entre el núcleo y el citosol

-La membrana nuclear interna es soporte de: Cromatina y Laminas.

-La membrana nuclear externa es soporte de Ribosomas.

-Las proteínas destinadas al núcleo son producidas en ribosomas libres y llevan una señal llamada NSL (nuclear signal localization)

-Las proteínas atraviesan los poros nucleares mediante transporte regulado

-Entre el núcleo y el citosol hay importación y exportación de proteínas y otras moléculas:

Importación:

DNA polimerasa, RNA polimerasa. Reguladores génicos (factores de transcripción)

Proteínas de Splycing.

Histonas.

Exportación:

tRNA, mRNA, ribosomas

Proteínas enviadas a las mitocondrias y a los peroxisomas :

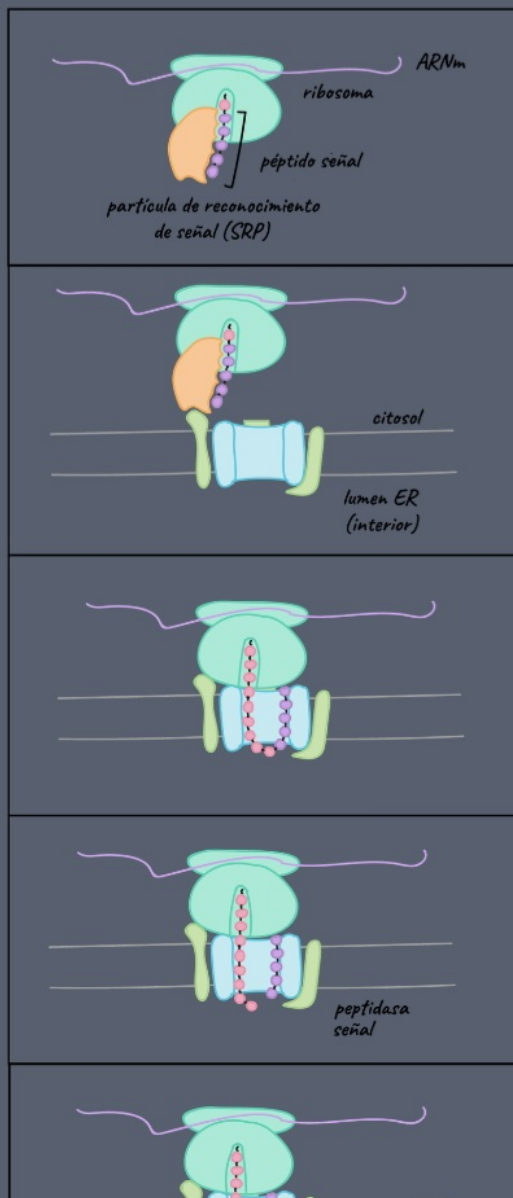
-Lo hacen por transporte de membrana a través de poros proteicos que reconocen ciertas secuencias de aminoácidos.

Proteínas que ingresan al REG:

- Llevar péptido señal (SP)
- Proteínas de trans membrana. -Membrana del RE
- Membrana de otro orgánulo -Proteínas solubles destinadas a:
- Lumen de orgánulos -De exportación
- La importación de proteínas al RE es CO-TRADUCCIONAL.
- Al núcleo, mitocondrias y peroxisomas es POST-TRADUCCIONAL

La unión al RE depende de una secuencia señal.

- El ingreso al RE es por transporte de membrana a través de proteínas traslocadoras (translocones)
- Una peptidasa corta el péptido señal cuando se traslocó toda la proteína
- En la proteínas multipaso hay secuencias de SP de inicio y paro.
- Las proteínas sintetizadas en el RE son glicosiladas.



La partícula de reconocimiento de señal (SRP) se une al péptido señal conforme emerge del ribosoma

La SRP transporta al ribosoma hacia el RE mediante la unión con un receptor en la superficie del RE. El receptor está asociado a otras proteínas que forman el poro

Ribosoma continúa con la traducción e introduce el polipéptido a través del poro hacia el lumen (el interior) del RE

Una enzima asociada al poro corta la peptidasa señal

Traducción continúa y la cadena de aminoácidos creciente se desplaza

Tráfico vesicular intracelular

El pasaje de un compartimiento membranoso a otro es por vesículas transportadoras (anterógrado) y vesículas recicladoras (retrógrado).

-En este sistema de transporte las membranas son continuamente recicladas.

-Durante el tráfico los compartimientos mantienen identidad.

Revestimiento de vesículas

Concentran proteínas (receptores) en regiones de membrana.

-Favorecen la gemación de las vesículas. Son de tres tipos: -Clatrina

-COP I -COP II

-Ensamblaje de la cubierta de clatrina: es por polimerización de unidades llamadas trisqueliones.

-El trisquelión son 3 cadenas pesadas y 3 ligeras

Forman enrejados hexagonales o pentagonales

¿Cómo las vesículas reconocen su blanco?

-Mediante los marcadores de membrana SNARE (por: SNAP receptors) que intervienen en la fusión de membranas.

v-SNARE: En la vesícula transportadora

t-SNARE: En la vesícula blanco (t= target)

-Actúan junto con GTPasas llamadas Rab

-El complejo desplaza agua y genera fuerza de torniquete que facilita la fusión de membranas.

-La fusión en sí la realizan otras proteínas llamadas fusógenas

Se conocen 4 proteínas fusógenas: NSF, SNAP 1, SNAP2 y SNAP3

Ruta de Golgi

Las vesículas que se dirigen al Golgi utilizan COP II.

Ingresa primero a un compartimento intermedio llamado ERGIC (Endoplasmic Reticulum Golgi Intermediate Compartment) y de allí van al lado CIS del Golgi.

Las proteínas que ingresan al Golgi son destinadas a:

-Vesículas secretorias:

-Secreción constitutiva: se produce continuamente.

-Secreción regulada: Requiere una señal extracelular que libera calcio en el interior de la célula.

-Endosomas

- Lisosomas

Vesículas recicladoras: Del Golgi vuelven al RE. Reciclan los receptores y las membranas. Utilizan COP I

Transporte desde la red TRANS del Golgi a los Lisosomas

-Las proteínas destinadas a los Lisosomas (hidrolasas) poseen residuos de manosa que son fosforilados en el Golgi a manosa 6 fosfato (M-6-P)

-En la membrana del Golgi se unen a receptores de M-6-P

-Las vesículas se fusionan con endosomas tardíos que a su vez formarán Lisosomas.

La ruta es: REG-Golgi- Endosoma tardío-Lisosoma.

BIBLIOGRAFÍA:

<https://es.khanacademy.org/science/ap-biology/gene-expression-and-regulation/transcription-and-rna-processing/a/overview-of-transcription>

<https://es.khanacademy.org/science/biology/gene-expression-central-dogma/translation-polypeptides/a/translation-overview>

<https://es.khanacademy.org/science/biology/gene-expression-central-dogma/translation-polypeptides/a/protein-targeting-and-traffic>

Link de tarea en visme(visualización mejor):

<https://my.visme.co/view/6x34pgv7-programming-language-flowchart>