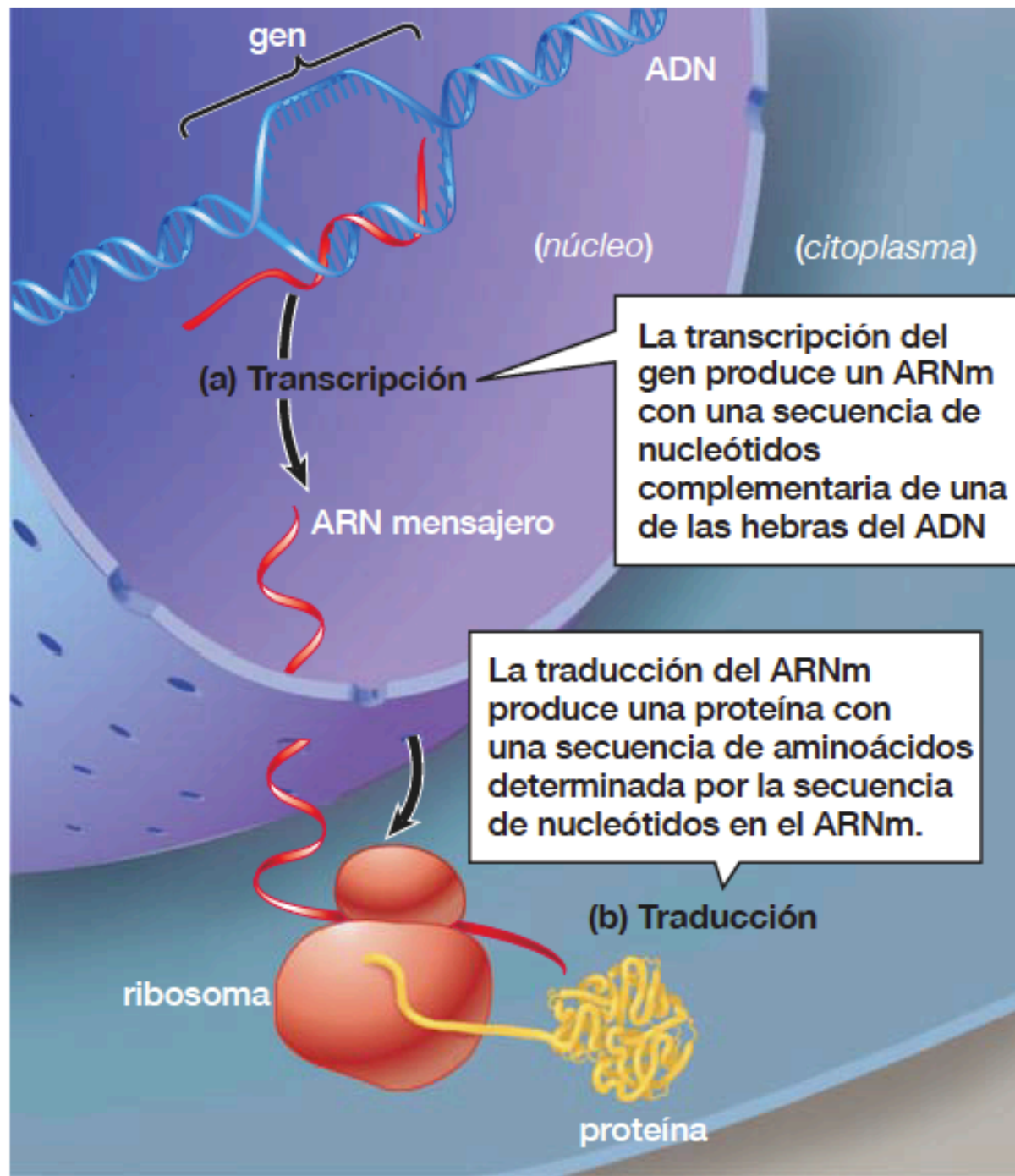


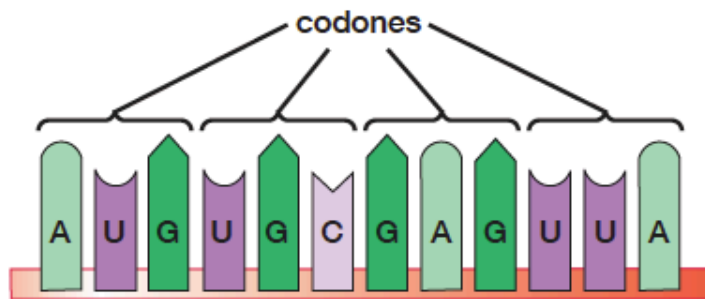
FUNCIONES DEL ADN

1- REPLICACION

2- TRASCIPCIÓN

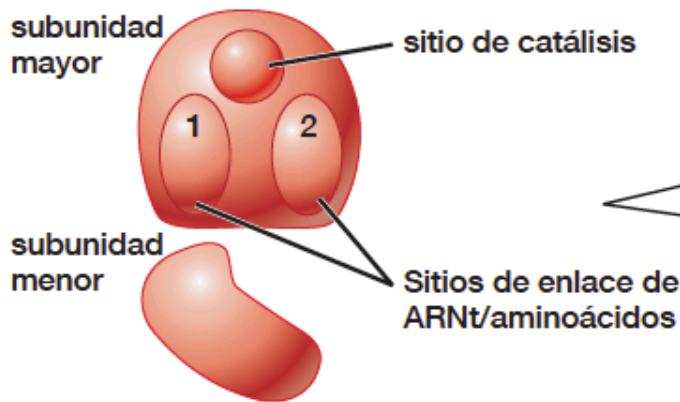
3- TRADUCCION





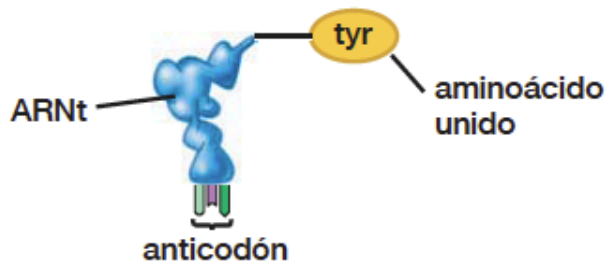
(a) ARN mensajero (ARNm)

La secuencia de bases del ARNm lleva la información para la secuencia de aminoácidos de una proteína; los grupos de estas bases, llamadas codones, especifican los aminoácidos



(b) Ribosoma: contiene ARN ribosómico (ARNr)

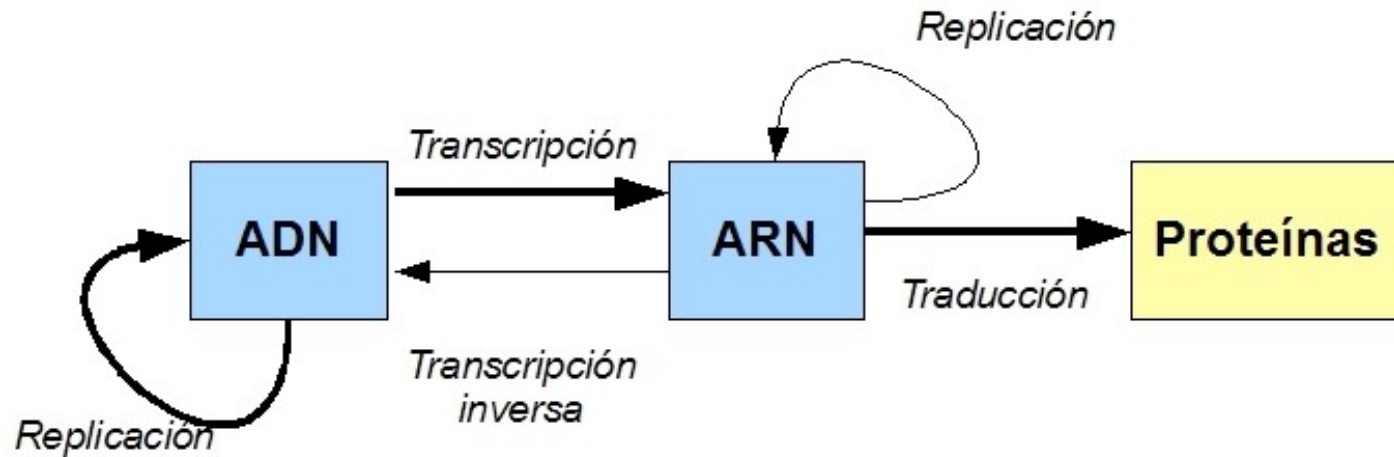
El ARNr se combina con proteínas para formar ribosomas; la subunidad menor se enlaza con el ARNm. La subunidad mayor se enlaza con el ARNt y cataliza la formación de enlaces peptídicos entre los aminoácidos, durante la síntesis de proteínas



(c) ARN de transferencia (ARNt)

Cada ARNr lleva un aminoácido específico (en este ejemplo, la tirosina [tyr]) a un ribosoma durante la síntesis de proteínas; el anticodón del ARNt se empareja con un codón del ARNm, para que el aminoácido correcto se incorpore a la proteína

FLUJO DE LA INFORMACIÓN GÉNICA



ALMACENAR

TRANSMITIR

EXPRESAR

EL CÓDIGO GENÉTICO

El modelo de Watson y Crick de 1953 permitió conocer la estructura del ADN

Crick (1958) propuso la Hipótesis de la Secuencia

“Existe una relación entre la ordenación lineal de nucleótidos en el ADN y la ordenación lineal de aminoácidos en los polipéptidos (Proteínas)”

se plantearon dos preguntas:

- **¿Existe algún código o clave que permite pasar de la secuencia de nucleótidos en el ADN a la secuencia de aminoácidos en las proteínas?**

Estudio del desciframiento del código genético y el estudio de sus características.

- **¿Cómo se convierte la información contenida en la secuencia de ADN en una estructura química de proteína?**

Estudio de los procesos genéticos de la síntesis de proteínas: la **transcripción** y la **traducción**.

**Hay 20 aminoácidos (ac) para reconocer
y hay cuatro Bases: A- U- C- G**

Si se toman de a una $4^1= 4$ ac

Si se toman de a dos $4^2= 16$ ac

Si se toman de a tres $4^3= 64$ ac

CARACTERISTICAS DEL CODIGO

El código está organizado en tripletes o codones: cada tres nucleótidos (triplete) se determina un aminoácido.

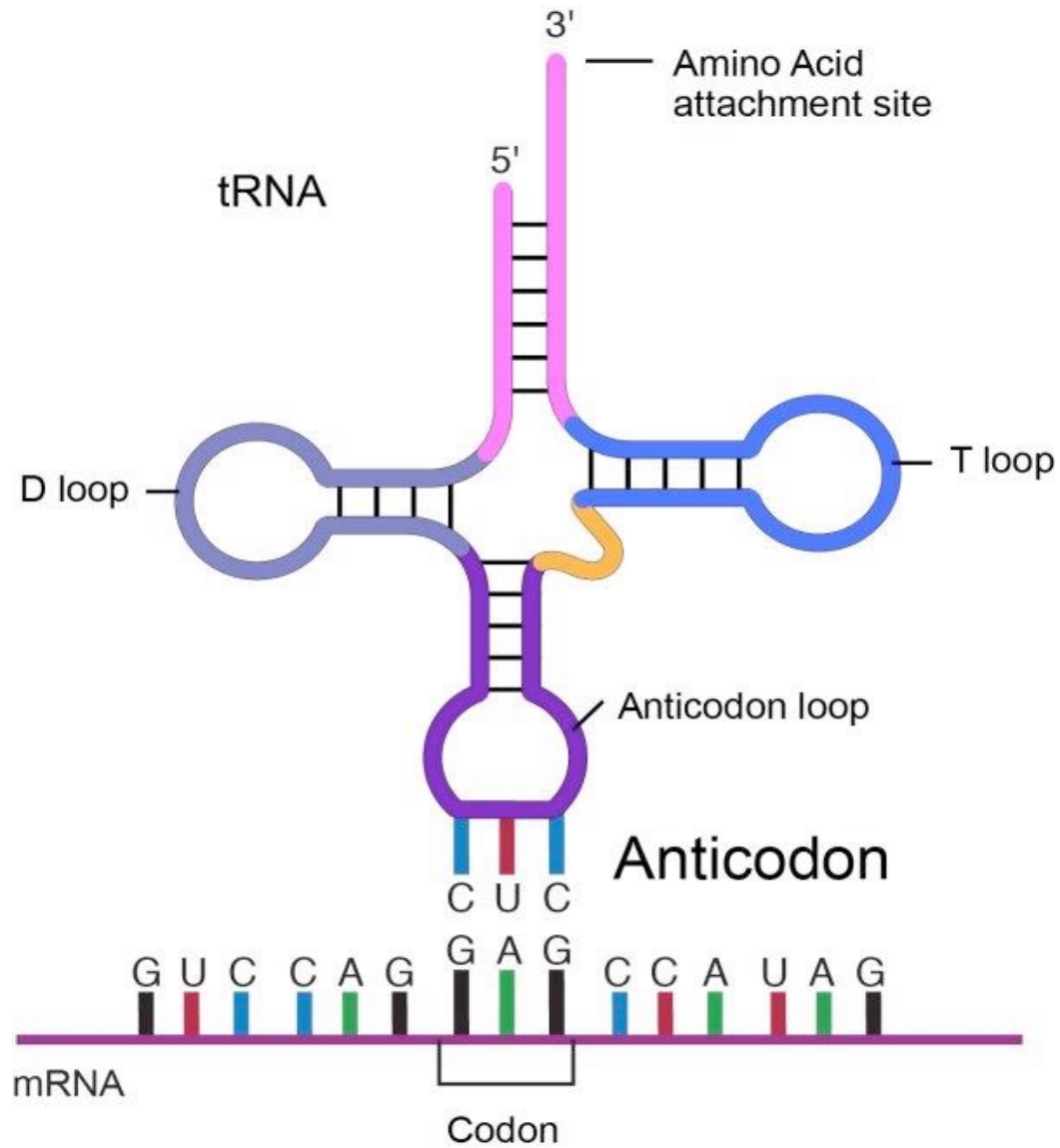
ARNm.....codones

ARNt.....anticodones

Tabla 12-3 Código genético (codones de ARNm)

		Segunda base								
		U		C		A		G		
Primera base	U	UUU	Fenilalanina (Phe, F)	UCU	Serina (Ser, S)	UAU	Tirosina (Tyr, Y)	UGU	Cisteína (Cys, C)	U
		UUC	Fenilalanina	UCC	Serina	UAC	Tirosina	UGC	Cisteína	C
		UUA	Leucina (Leu, L)	UCA	Serina	UAA	Alto	UGA	Alto	A
		UUG	Leucina	UCG	Serina	UAG	Alto	UGG	Triptófano (Trp, W)	G
	C	CUU	Leucina	CCU	Prolina (Pro, P)	CAU	Histidina (His, H)	CGU	Arginina (Arg, R)	U
		CUC	Leucina	CCC	Prolina	CAC	Histidina	CGC	Arginina	C
		CUA	Leucina	CCA	Prolina	CAA	Glutamina (Gln, Q)	CGA	Arginina	A
		CUG	Leucina	CCG	Prolina	CAG	Glutamina	CGG	Arginina	G
	A	AUU	Isoleucina (Ile, I)	ACU	Treonina (Thr, T)	AAU	Aspargina (Asp, D)	AGU	Serina (Ser, S)	U
		AUC	Isoleucina	ACC	Treonina	AAC	Aspargina	AGC	Serina	C
		AUA	Isoleucina	ACA	Treonina	AAA	Lisina (Lys, K)	AGA	Arginina (Arg, R)	A
		AUG	Metionina (Met, M) Inicio	ACG	Treonina	AAG	Lisina	AGG	Arginina	G
G	GUU	Valina (Val, V)	GCU	Alanina (Ala, A)	GAU	Ácido aspártico (Asp, D)	GGU	Glicina (Gly, G)	U	
	GUC	Valina	GCC	Alanina	GAC	Ácido aspártico	GCC	Glicina	C	
	GUA	Valina	GCA	Alanina	GAA	Ácido glutámico (Glu, E)	GGA	Glicina	A	
	GUG	Valina	GCG	Alanina	GAG	Ácido glutámico	GCG	Glicina	G	

Tercera base

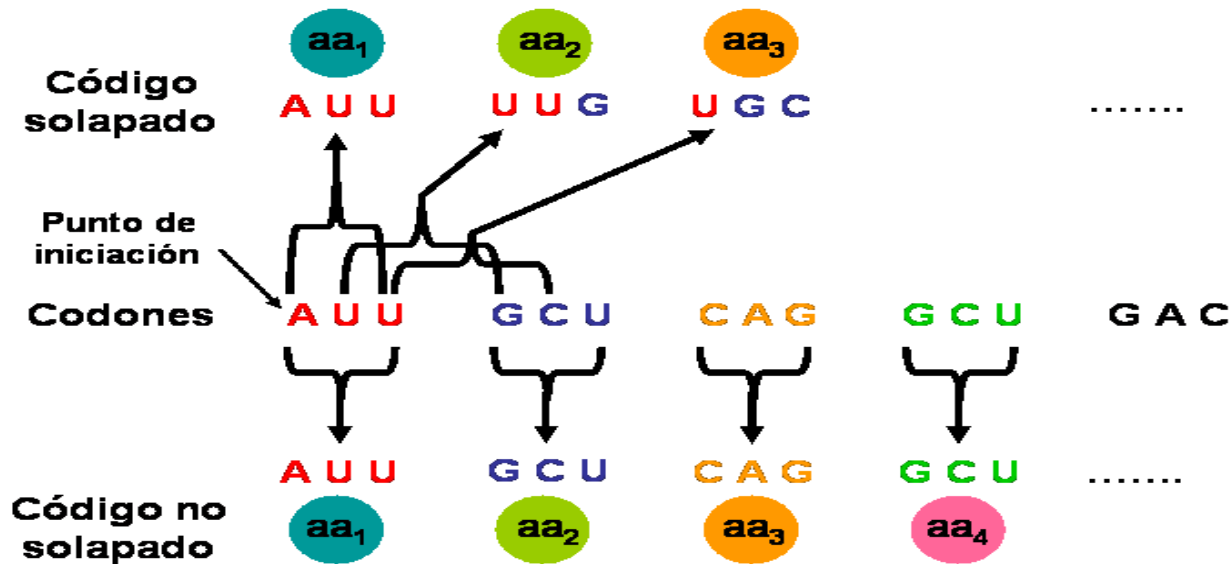


- El código genético es **degenerado**:

Existen más tripletes o codones que aminoácidos, de forma que un determinado aminoácido puede estar codificado por más de un triplete.

El código genético **nuclear** es **universal**: el mismo triplete en diferentes especies codifica para el mismo aminoácido. La principal excepción a la universalidad es el código genético mitocondrial.

El código genético es no solapado, sin superposiciones: dos aminoácidos sucesivos no comparten nucleótidos de sus tripletes



Algunos ADN víricos se encuentran genes que se solapan en diferentes Marcos de Lectura

La lectura es "*sin comas*": el cuadro de lectura de los tripletes se realiza de forma continua "*sin comas*" o sin que existan espacios en blanco.

El triplete de iniciación **suele ser AUG** que codifica para **Formil-Metionina**.

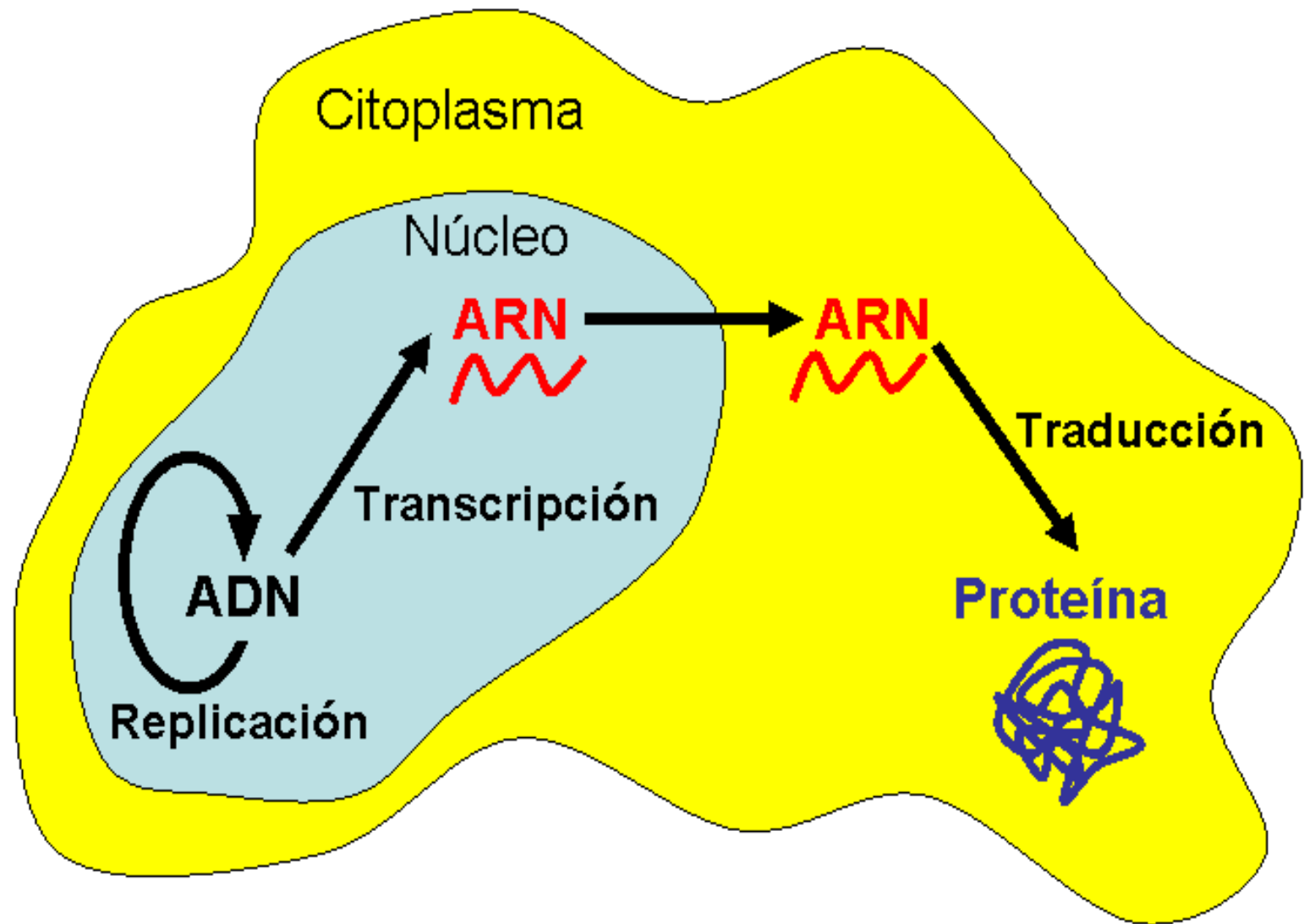
También pueden actuar como tripletes de iniciación **GUG** (Val) y **UGG** (Leu) aunque con menor eficacia.

Existen tres tripletes sin sentido **que no codifican para ningún aminoácido: UAA , UAG y UGA** (terminación)

El código genético nuclear es universal: el mismo triplete en diferentes especies codifica para el mismo aminoácido. La principal excepción a la universalidad es el código genético mitocondrial.

Organismo	Codón	Código Nuclear	Código Mitocondrial
Todos	UGA	FIN	Trp
<i>Drosophila</i>	AGA	Arg	Ser
Humano, bovino	AGA, AGC	Arg	FIN
Ratón	AUU, AUC, AUA	Ile	Met (iniciación)

Flujo de la información genética en eucariontes



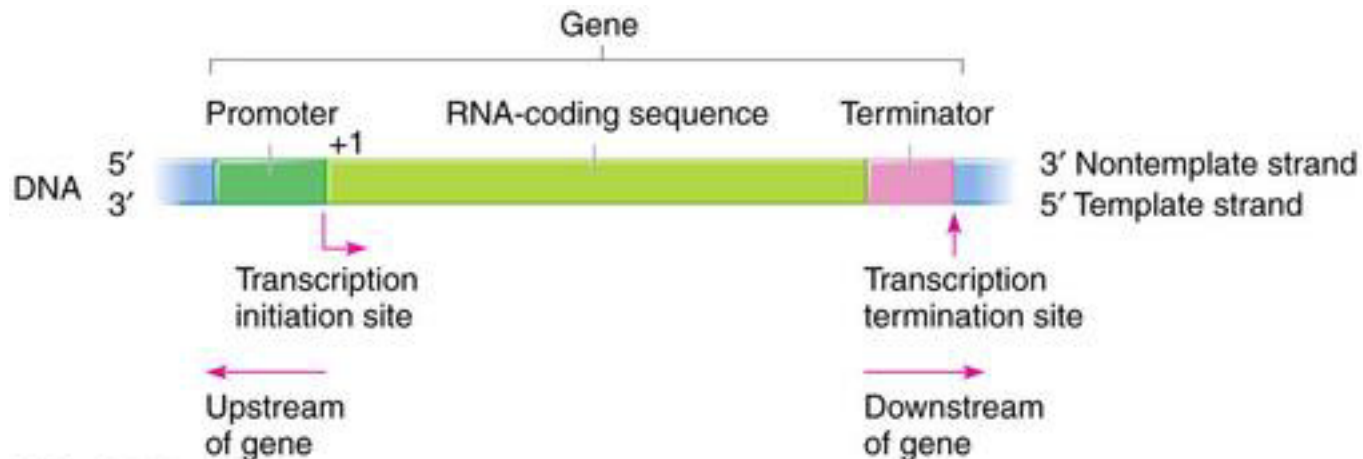
TRANSCRIPCION

- Proceso encargado de la síntesis de una molécula de ARN a partir de la información genética contenida en una molécula d ADN
- Da lugar a una copia de ARN (con secuencia no idéntica, sino complementaria y antiparalela) a partir de una secuencia molde de una de las hebras del ADN

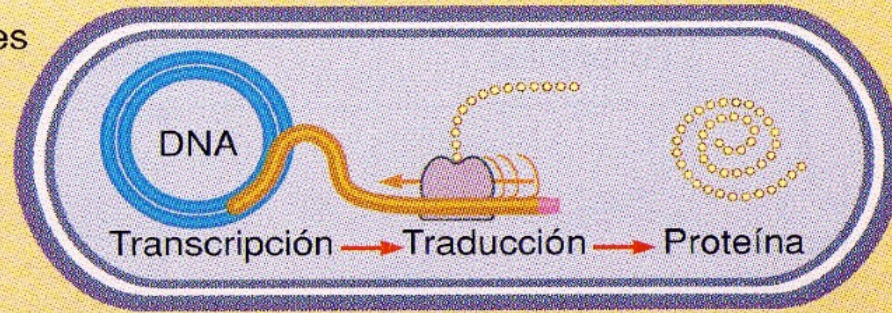
TRANSCRIPCION

¿Que es un gen? Secuencia de ADN (estructurales y reguladoras) necesarias para codificar un producto génico, como ser un ARN maduro o una proteína funcional.

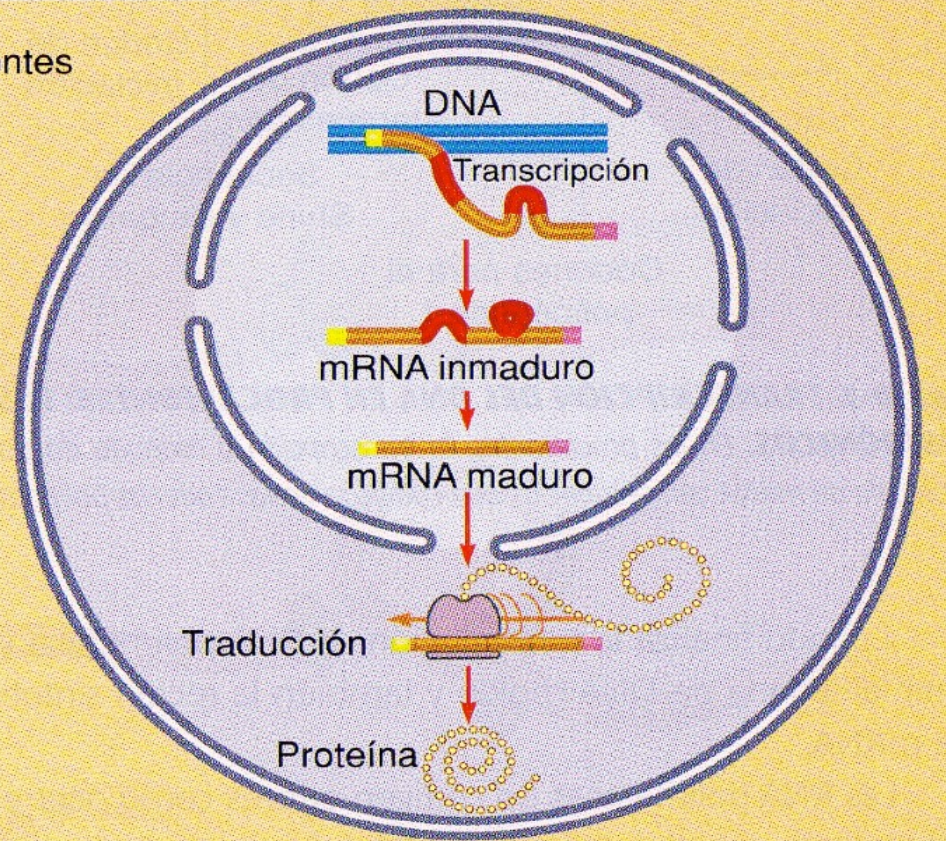
- **Región estructural:** Intrones+Exones
- **Región reguladora:** Promotores. Corriente arriba del gen



Procariontes



Eucariontes

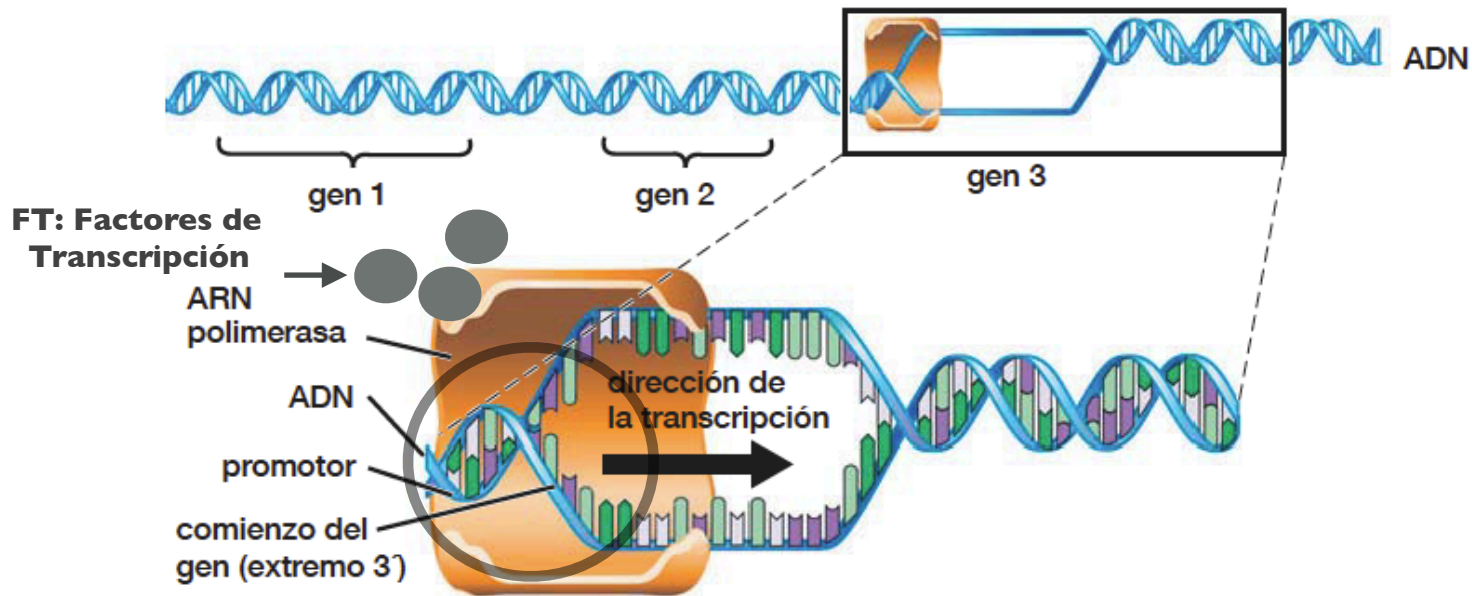


- Intervienen la **ARN polimerasa:**
- Tiene afinidad por cadenas de ADN
- Reconoce secuencias de iniciación (promotores)
- Tiene actividad polimerasa 5' a 3' (construye de 5' a 3')
- No requiere primer o cebador
- Separa del molde de ADN la cadena de ARN que se va formando
- Reconoce secuencias de terminación que le indica cuando detener su actividad

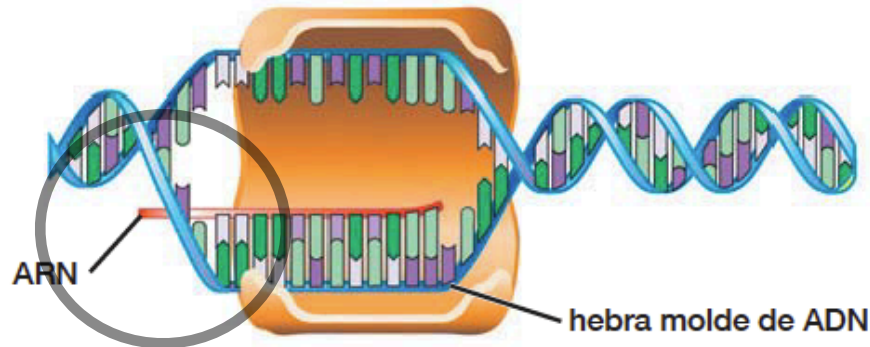
TIPOS DE ARN POLIMERASAS

En eucariotas hay diferentes polimerasas encargadas de sintetizar distintos tipos de ARN.

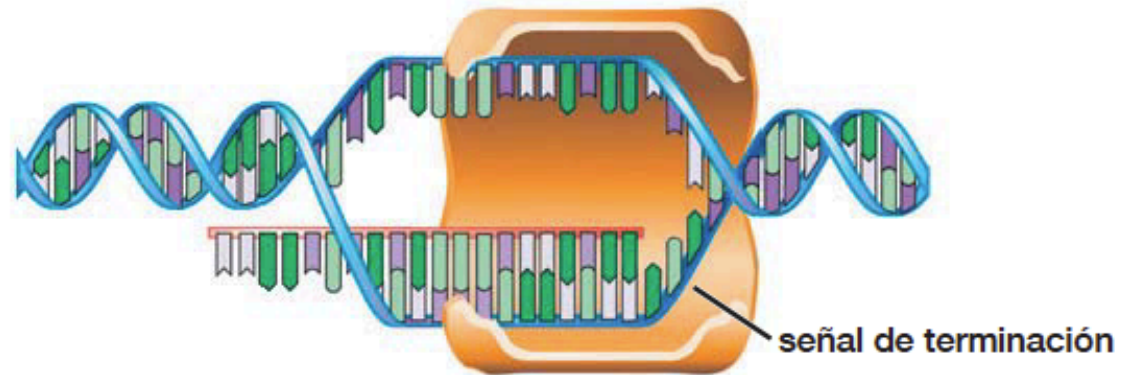
- La **ARN polimerasa 1** sintetiza los precursores del ARN ribosómico (ARN-r).
- La **ARN polimerasa 2** produce ARN transcripto primario que da lugar a los ARN mensajeros (ARN-m) que se traducen a proteínas.
- La **ARN polimerasa 3** transcribe los precursores de los ARN transferencia (ARN-t), los ARN nucleares y citoplásmicos de pequeño tamaño y los genes para el ARN 5S que forma parte de la subunidad grande de los ribosomas



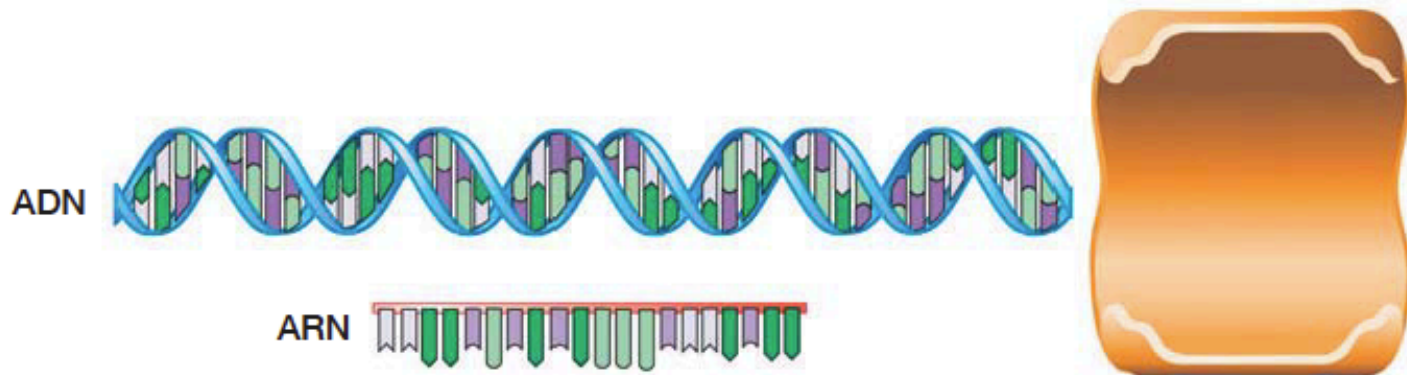
1 **Iniciación:** la ARN polimerasa se enlaza a la región del promotor del ADN, cerca del inicio de un gen, y separa la doble hélice cerca del promotor.



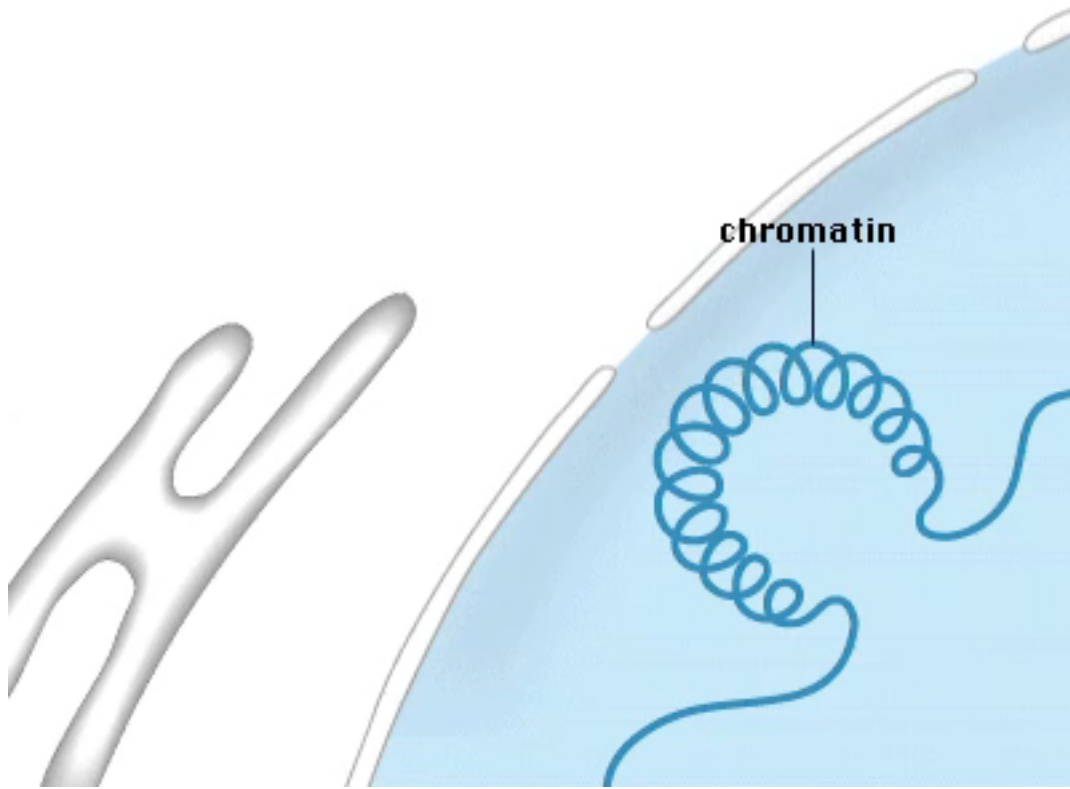
2 **Elongación:** la ARN polimerasa recorre la hebra molde de ADN (azul); desenrolla la doble hélice de ADN y sintetiza ARN catalizando la adición de nucleótidos de ribosa a una molécula de ARN (rojo). Los nucleótidos del ARN son complementarios de la hebra molde del ADN.



3 Terminación: al final del gen, la ARN polimerasa encuentra una secuencia de ADN llamada señal de terminación. La ARN polimerasa se desprende del ADN y libera la molécula de ARN.



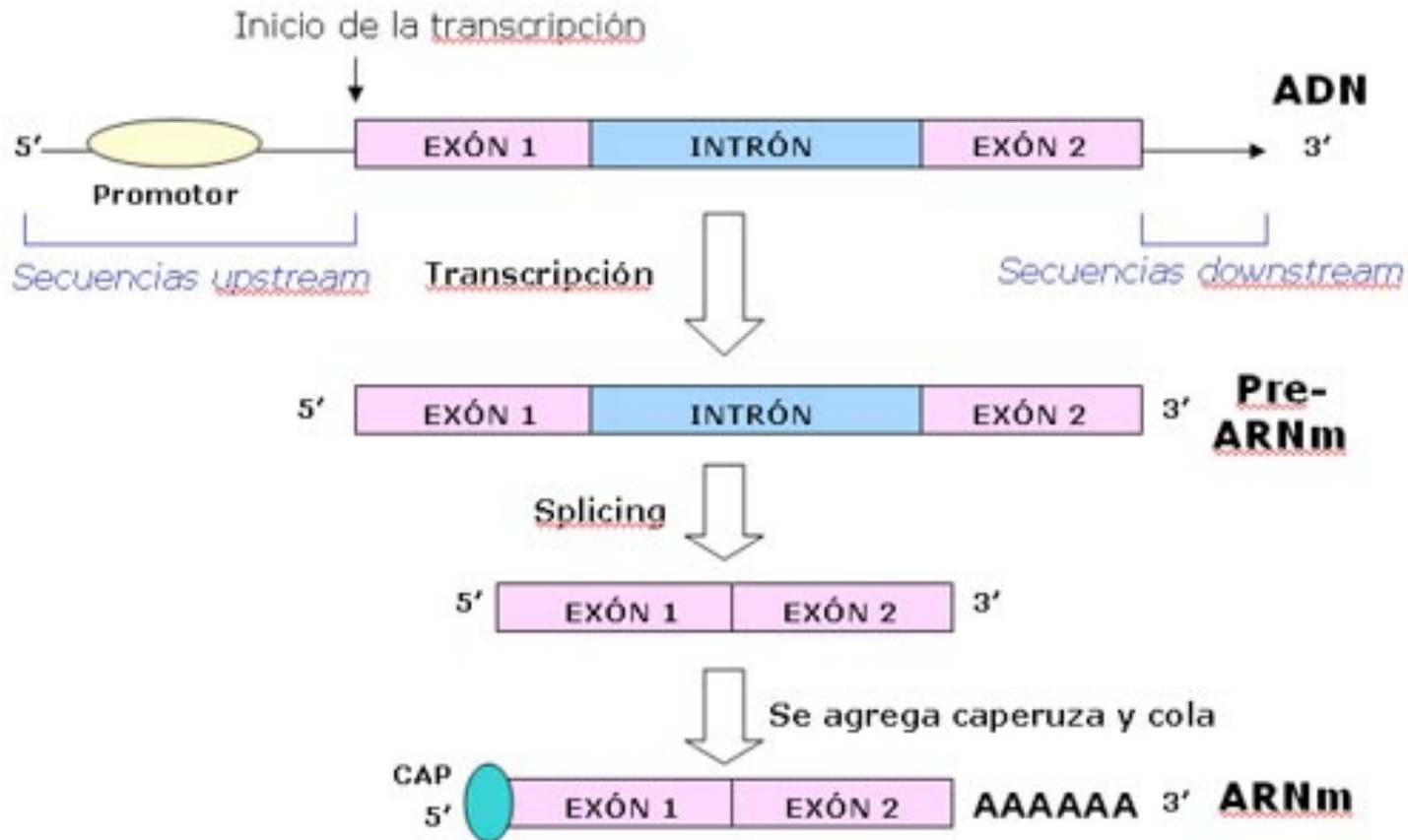
4 Conclusión de la transcripción: después de la terminación, el ADN se enrolla completamente en forma de doble hélice. La molécula de ARN queda libre y pasa del núcleo al citoplasma para la traducción y la ARN polimerasa puede ir a otro gen para volver a iniciar la transcripción.



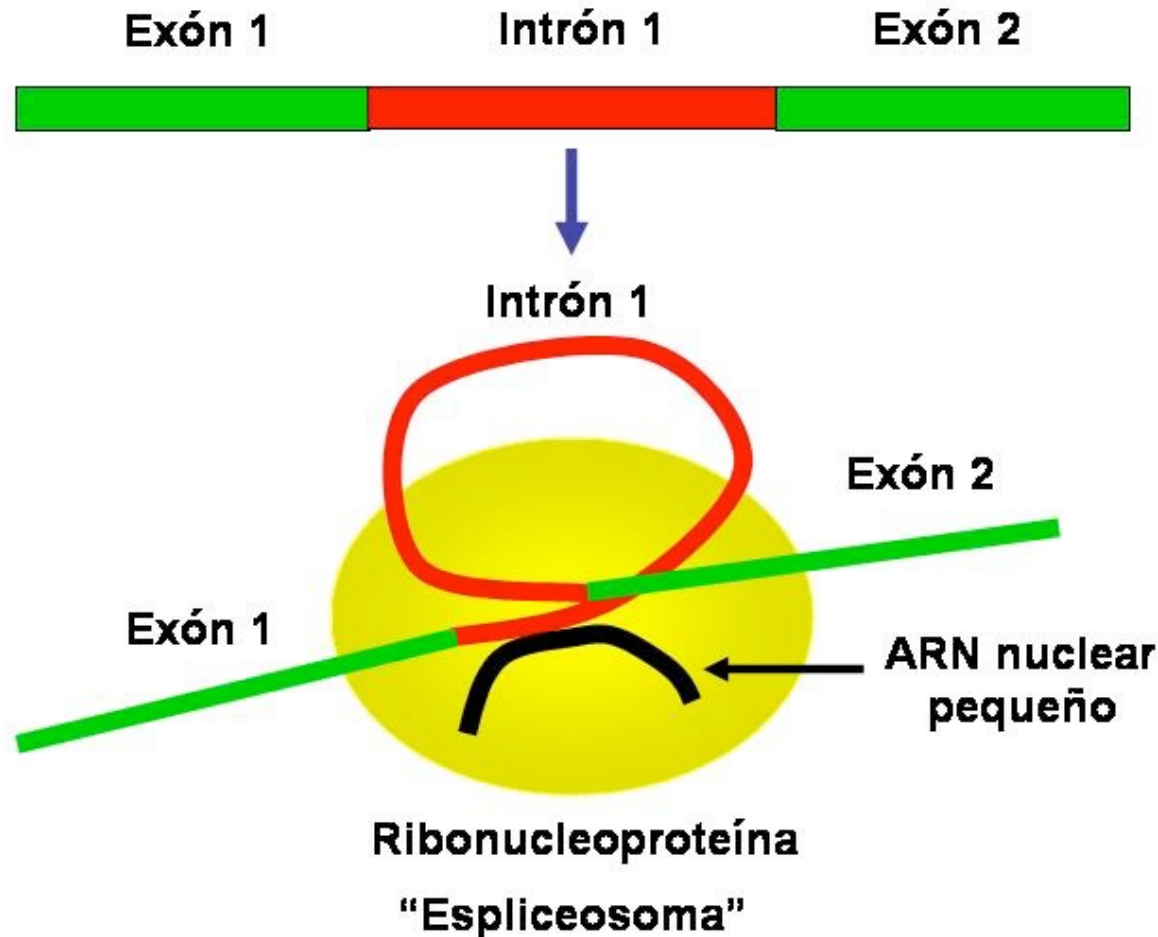
El primer ARN formado (futuro ARNm) se denomina ARN TRANSCRIPTO PRIMARIO

- Adición por el extremo 5'P de una caperuza (capping o cap) de 7-metilguanosina. Protege la degradación y lo hace reconocible por el ribosoma para iniciar la traducción.
- Adición por el extremo 3'OH de una cola de poli-A de adenina. Evita la degradación e intervenir en el transporte del ARN hacia el citoplasma.

SPLICING

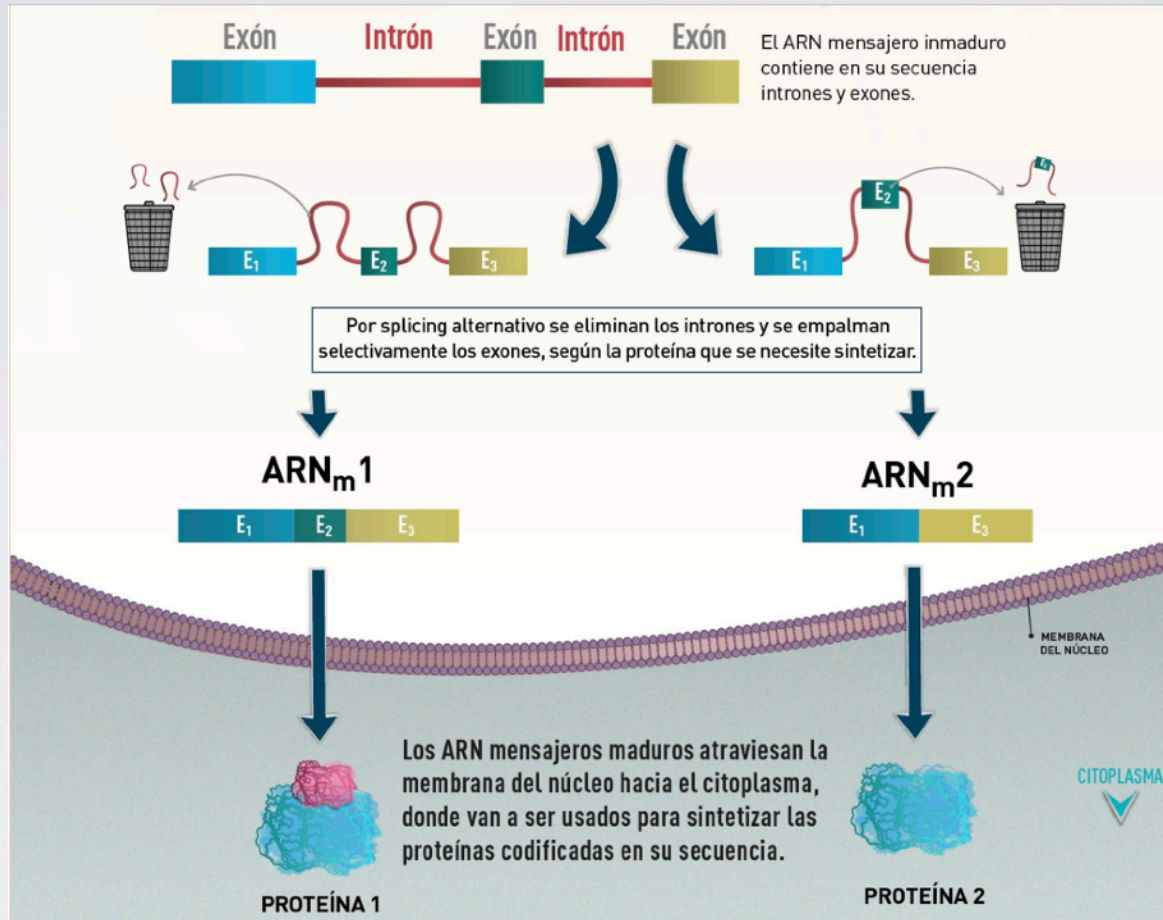


SPLICING (CORTE Y EMPALME)



SPLICING ALTERNATIVO

Mecanismo por el cual más de un ARN mensajero el 'molde' usado para fabricar proteínas – puede obtenerse a partir de un único gen

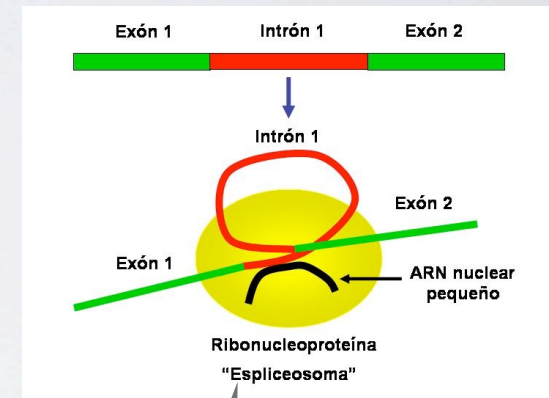
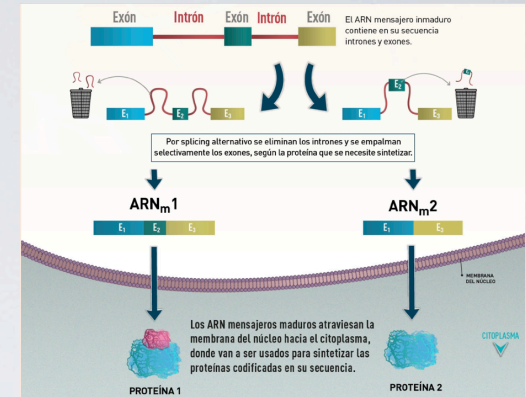


Por lo tanto, el reconocimiento alternativo de sitios de splicing en el ARN inmaduro es la clave capaz de explicar cómo más de un ARN mensajero maduro es sintetizado a partir de un único gen

SPLICING ALTERNATIVO

Se encontró que la velocidad con la que se transcribe un gen afecta el splicing de ese mismo ARN mensajero.

Los llamados sitios de splicing o de unión entre intrones y exones (secuencias que sí se conservarán) son reconocidos por una maquinaria compleja llamada **spliceosoma**, que marca los 'puntos de corte y pegado' para el splicing o empalme selectivo.



SPLICING ALTERNATIVO

Se Determino que Existen:

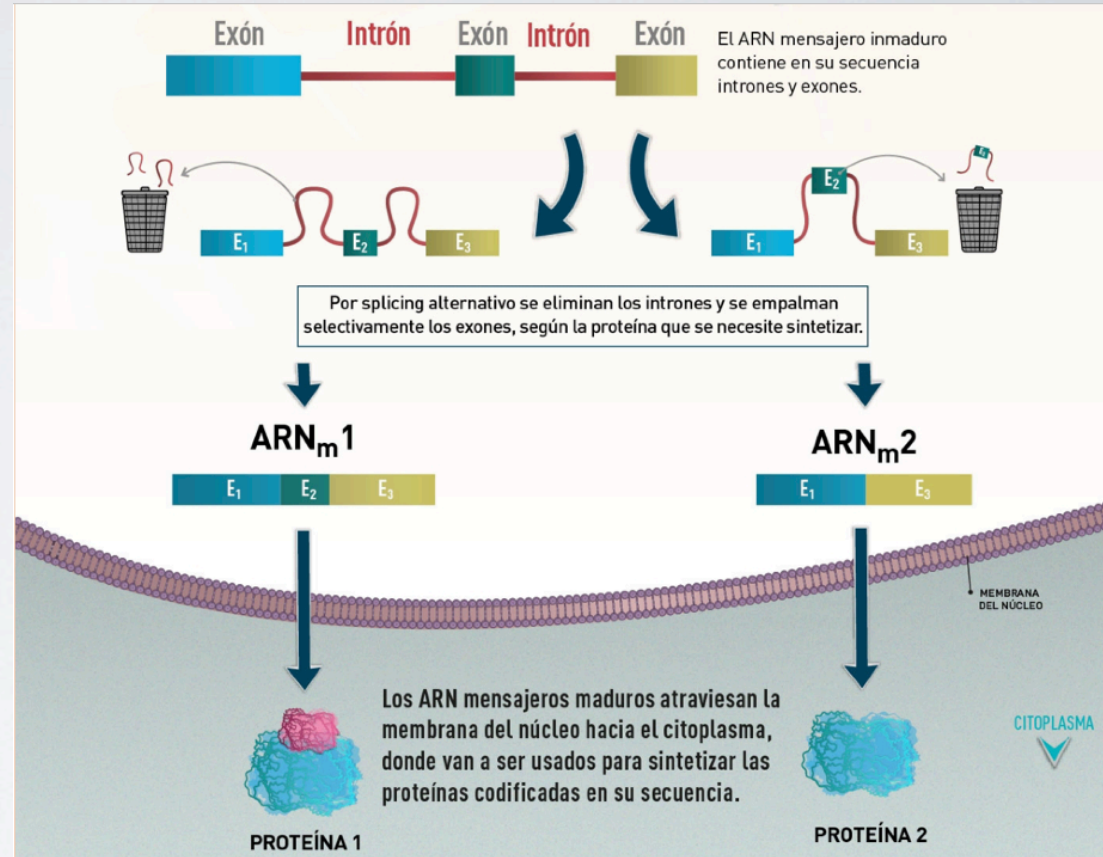
Sitios de splicing débil (llamado así porque es débilmente reconocido por el spliceosoma)

Sitios de splicing Fuerte (llamado así porque es reconocido rápidamente por el spliceosoma)

El reconocimiento alternativo de sitios de splicing en el ARN inmaduro es la clave capaz de explicar cómo más de un ARN mensajero maduro es sintetizado a partir de un único gen.

SPLICING ALTERNATIVO

En definitiva, la transcripción afecta el splicing: si la transcripción ocurre lentamente la probabilidad de que un sitio de splicing débil sea reconocido es mayor que si ocurre rápidamente. En ambas situaciones, transcripción rápida y transcripción lenta, los ARN mensajeros sintetizados no serán los mismos por lo que la velocidad con la que se sintetiza el ARN impacta sobre cuál ARN maduro es sintetizado.



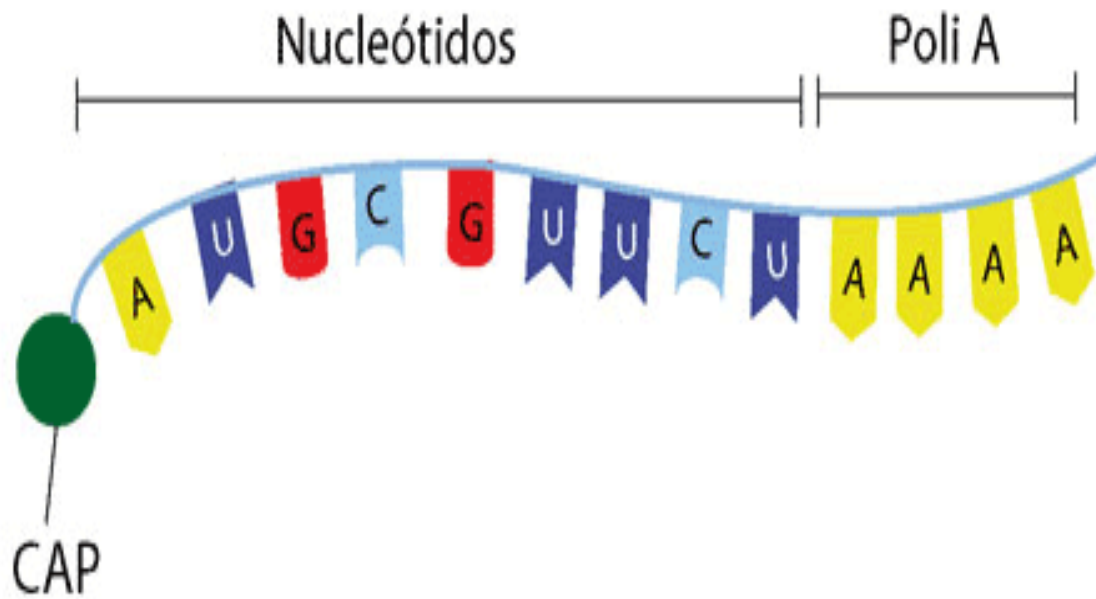
DNA
Learning
Center



Cold
Spring
Harbor
Laboratory

© Copyright, Cold Spring Harbor Laboratory. All rights reserved.

ARMm



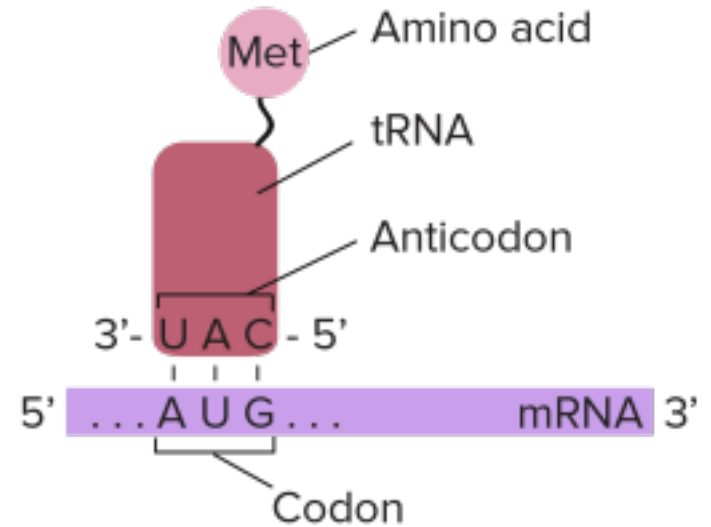
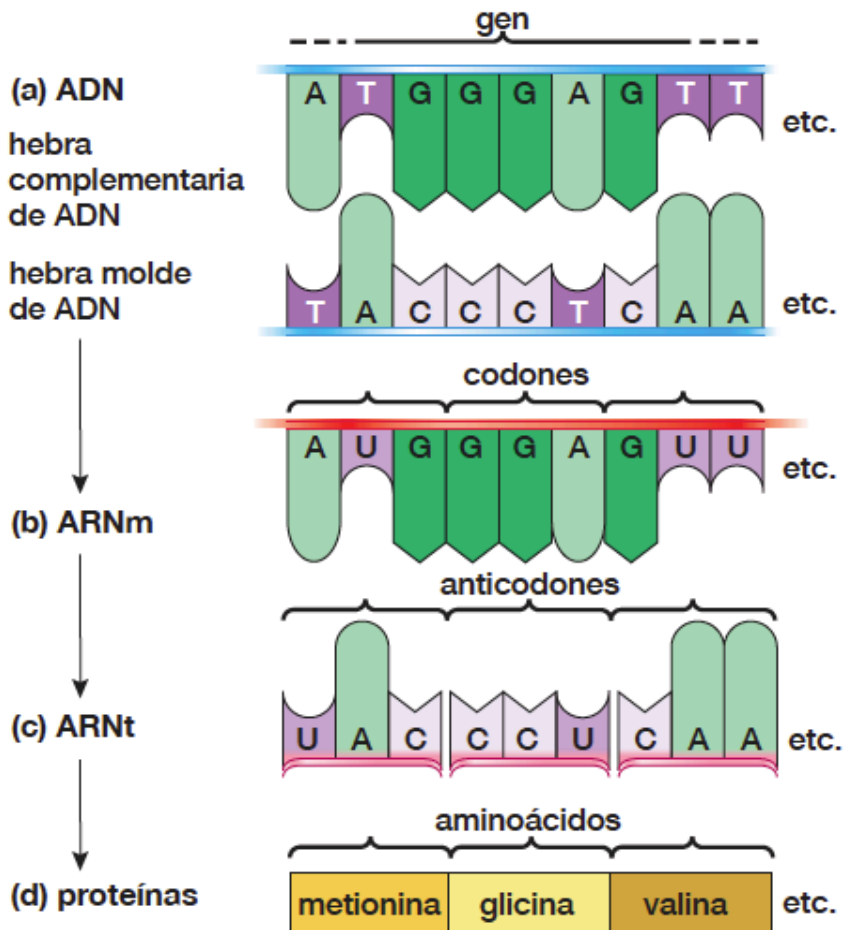
FUNCIONES DEL ADN

1- REPLICACION

2- TRASCIPCIÓN

3- TRADUCCION

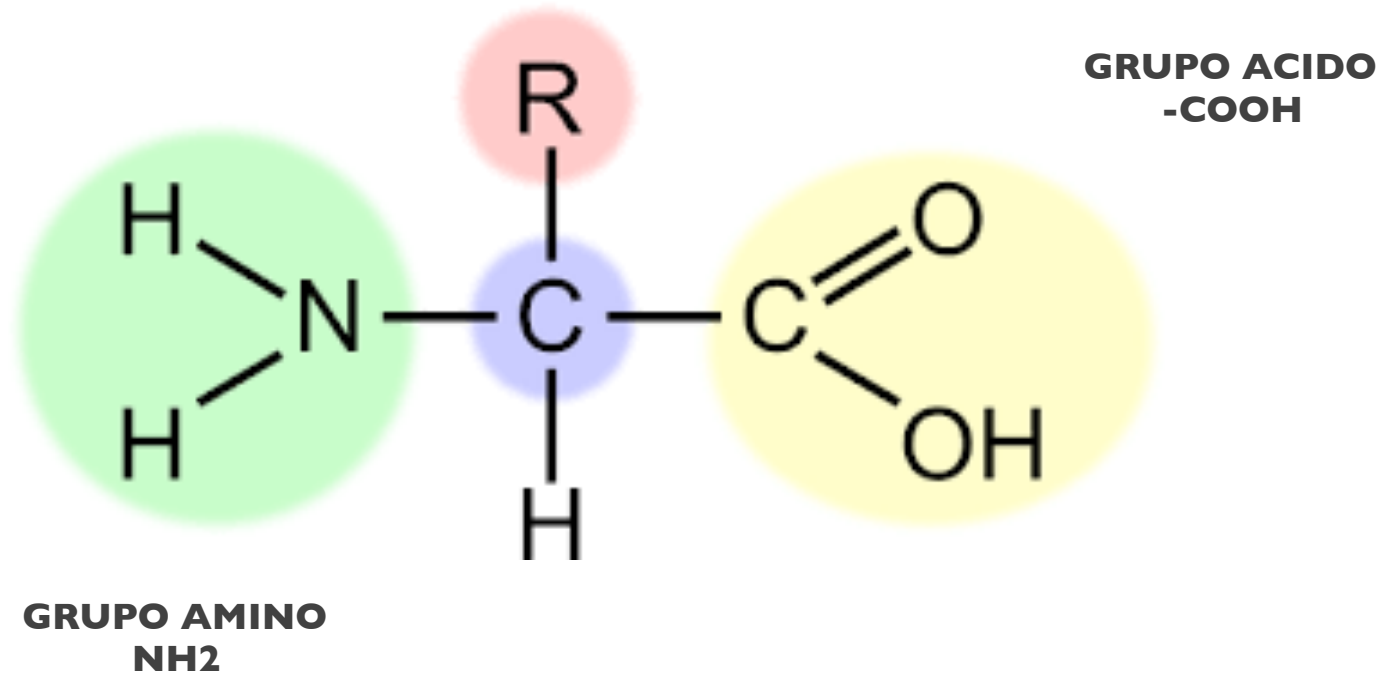
TRADUCCION



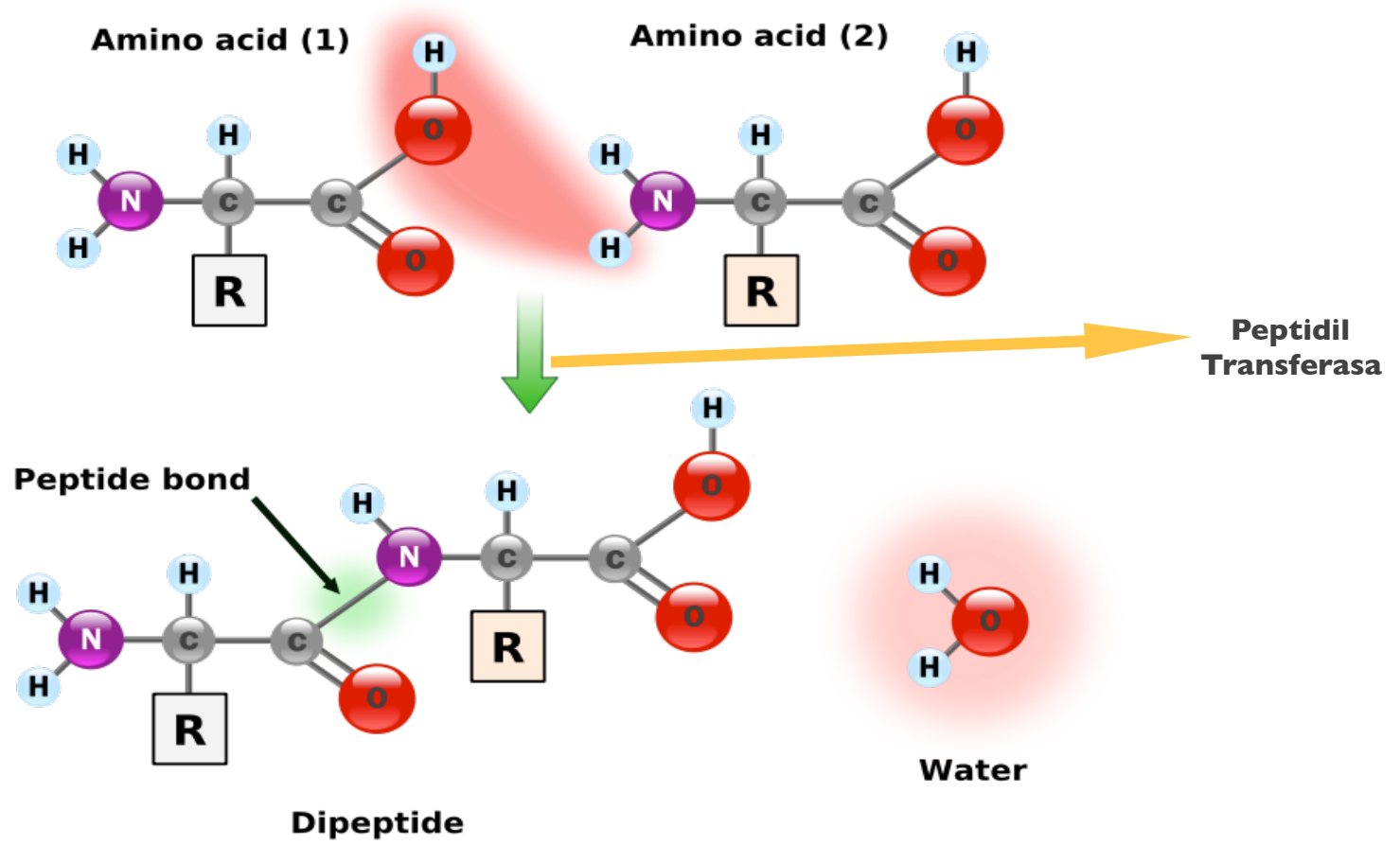
Tres etapas:
INICIACIÓN
ELONGACIÓN
TERMINACIÓN

ESTRUCTURA DE UN AMINOACIDO

**CADENA RADICAL
DIFERENTE EN CADA
AMINOACIDO**



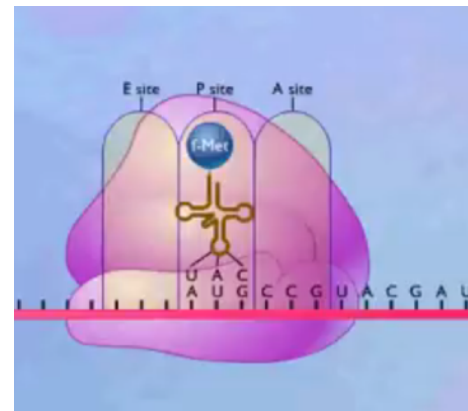
UNIÓN PEPTIDICA: grupo amino ($-NH_2$) de un aminoácido y grupo carboxilo ($-COOH$) de otro. Hay pérdida de una molécula de agua y formación de un enlace covalente CO-NH



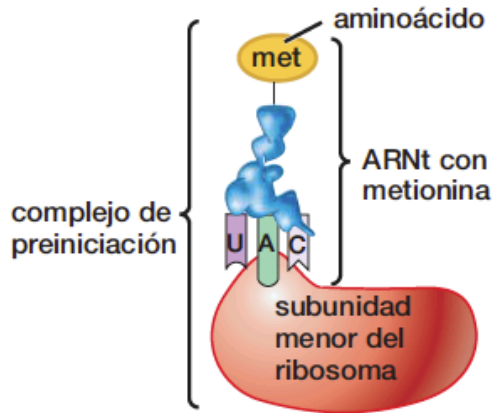
INICIACION

- Comienza cuando la subunidad menor de los ribosomas reconoce el extremo 5' del ARNm. Reconoce el CAP. Una vez unida al ARNm, la subunidad menor se desplaza hacia el extremo 3' del mensajero hasta encontrar una secuencia que le indique el punto de iniciación. Este es el codón AUG (codón de iniciación). Llegan un ARNt con el anticodón UAC (metionina), luego llega la subunidad mayor y se ensambla el ribosoma. La subunidad mayor posee tres sitios:

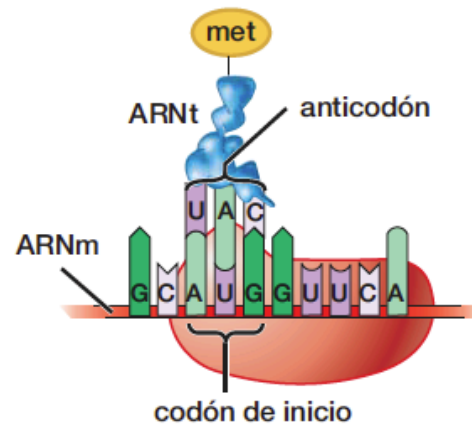
- P
- A
- E



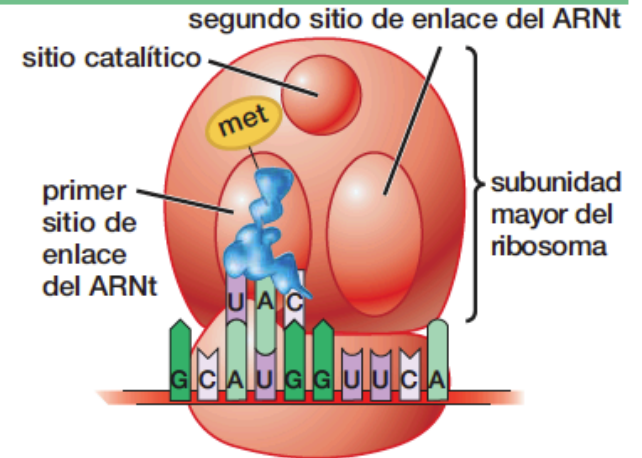
Iniciación:



1 Un ARNt con un aminoácido metionina se une a una subunidad menor del ribosoma y forma un complejo de preiniciación.

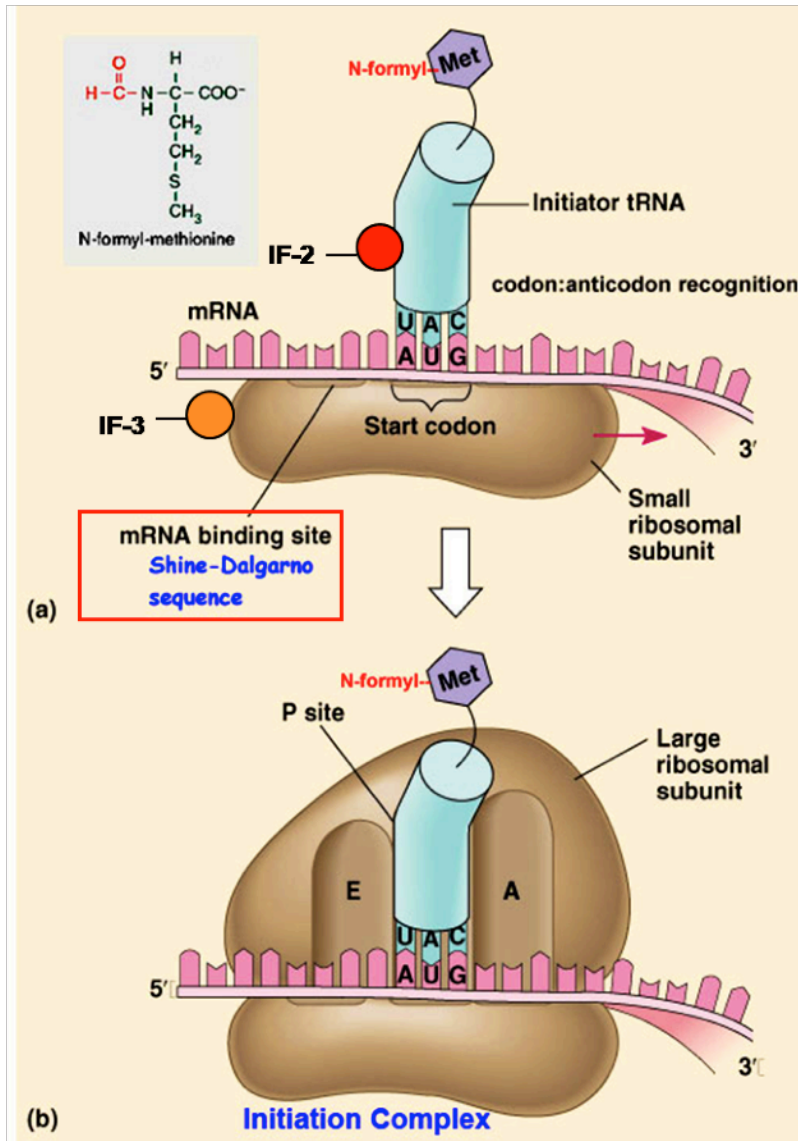


2 El complejo de preiniciación se une a una molécula de ARNm. El anticodón ARNt (UAC) que lleva el aminoácido metionina se empareja con el codón de inicio (AUG) del ARNm.



3 La subunidad mayor del ribosoma se enlaza con la subunidad menor. El ARNt que lleva el aminoácido metionina se une con el primer sitio del ARNt de la subunidad mayor.

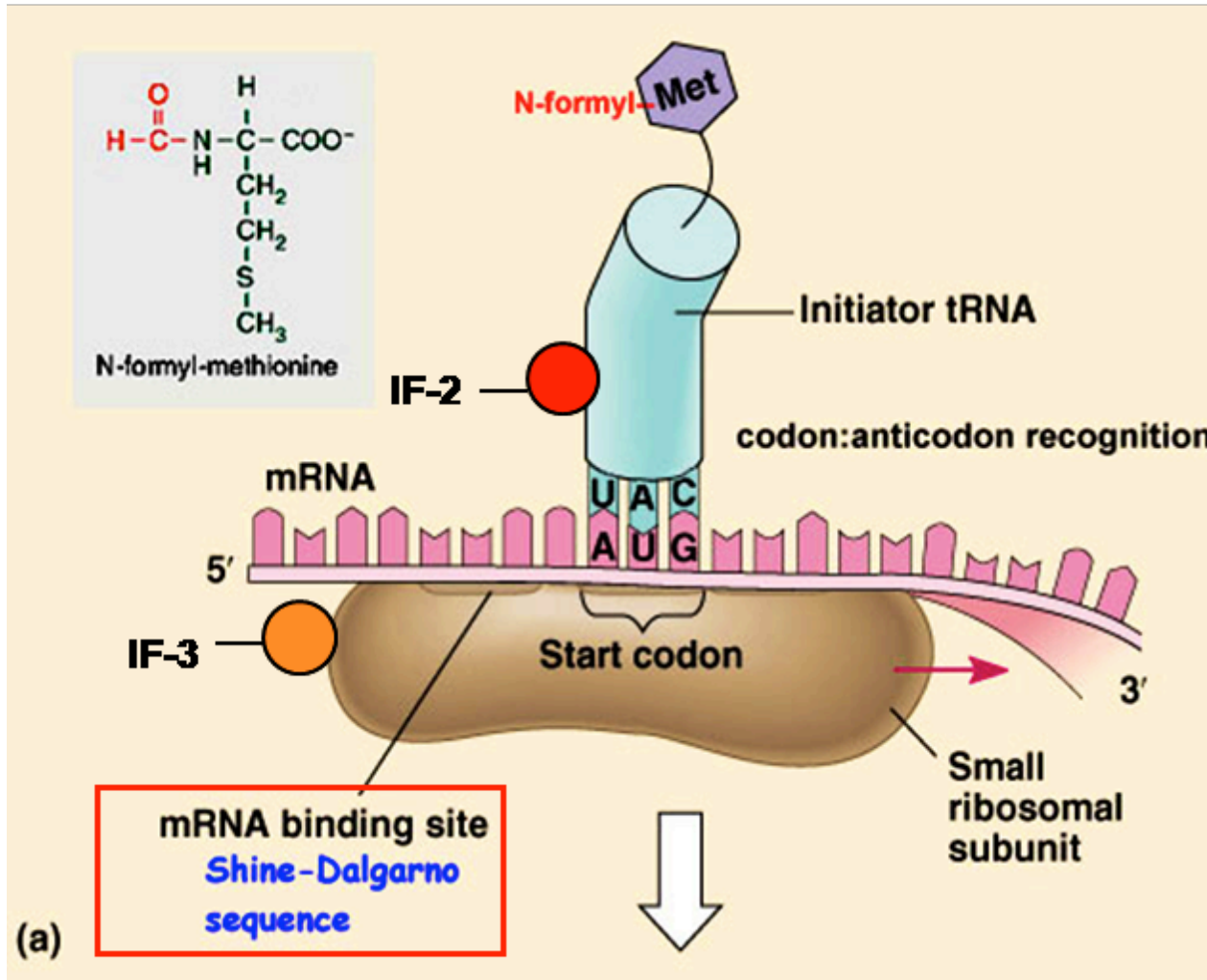
INICIACION



INTERVIENEN:

- **LOS 3 TIPOS DE ARN**
- **SECUENCIAS CONCENSO,**
- **SECUENCIA DE INICIACION Y**
- **FACTORES DE INICIACION**

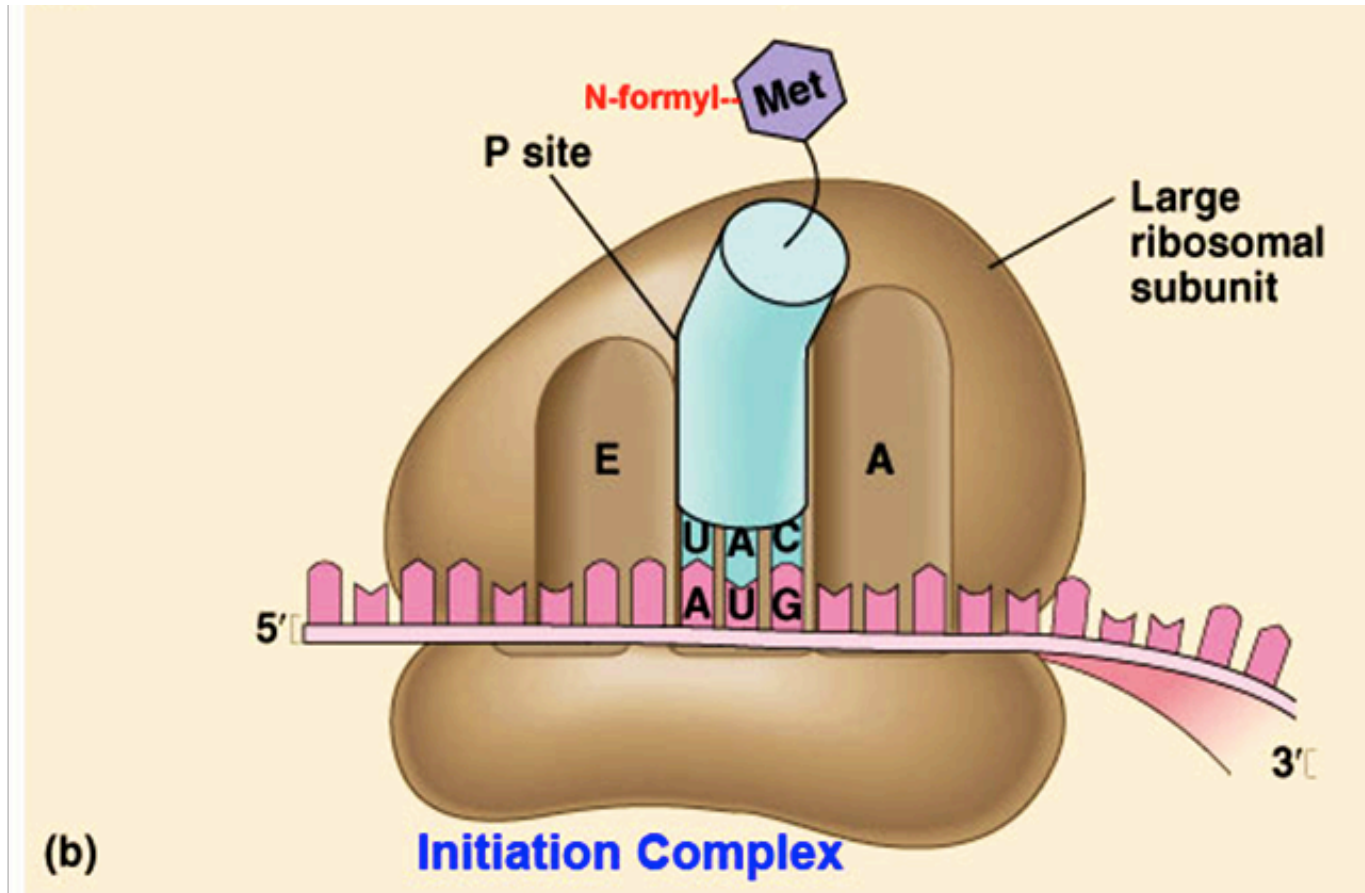
INICIACION



Cada mRNA tiene una secuencia de bases precedente al codón de inicio que es complementaria a una secuencia de consenso que se encuentra en el rRNA 16 S,

permite el apareamiento entre los dos RNA (mRNA y rRNA) por complementariedad de bases, formando el complejo de iniciación

INICIACION



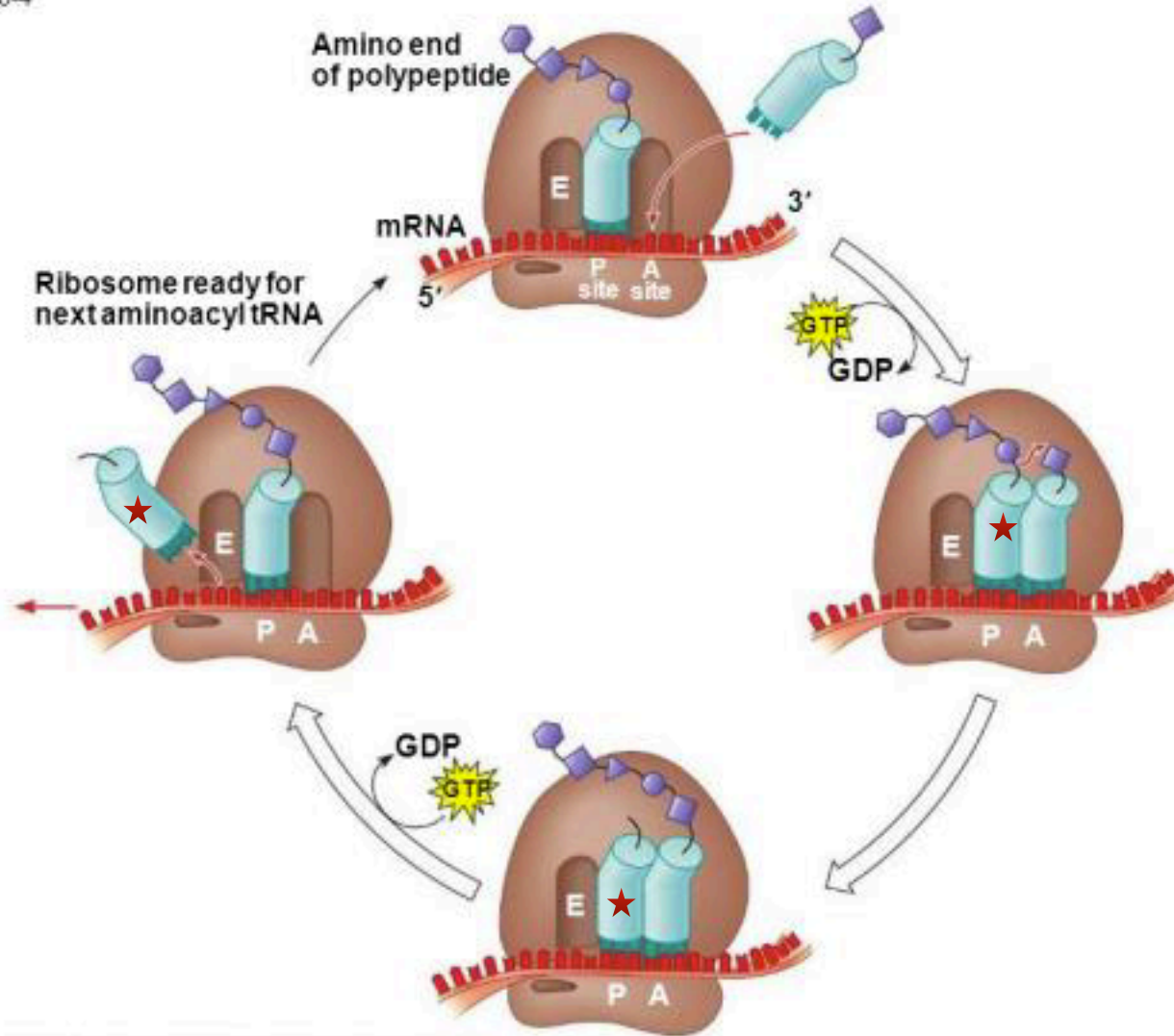
EL COMPLEJO DE INICIACIÓN está integrado también por proteínas llamadas Factores de iniciación, que intervienen en la disociación de los ribosomas, la unión al mRNA, la unión al tRNA iniciador y alguna otra función. En procariotas se conocen 3 de estos factores, y en eucariotas 11 factores.

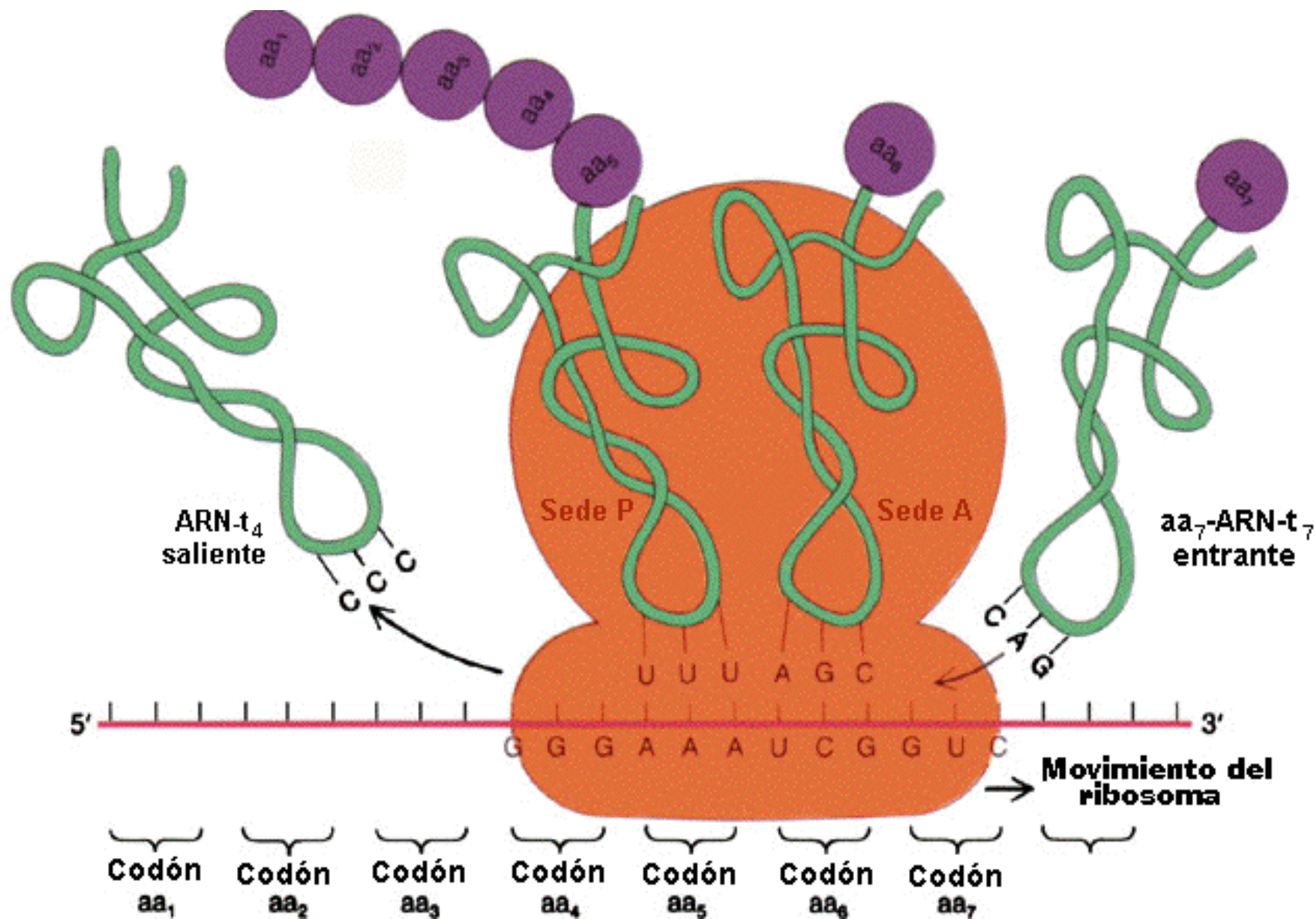
ELONGACIÓN

- En el **sitio A** libre queda expuesto otro codón, donde llega un ARNt con su anticodón complementario y se coloca en él. Los dos aminoácidos (el que trajo el 1er ARNt y el 2do) se unen por una enzima (peptidil transferasa) dando una unión peptídica entre ellos y el primero (la metionina) pasa al sitio E y se suelta del ARNt, quedando el anterior último libre.
- El ribosoma se desplaza sobre el ARNm y el segundo ARNt pasa al sitio P, quedando nuevamente libre el sitio A para la llegada de nuevos ARNt con aminoácidos. Así se logra una secuencia de aminoácidos que va creciendo y se mantiene unida al último ARNt arribado.

ELONGACIÓN

Fig. 17-18-4

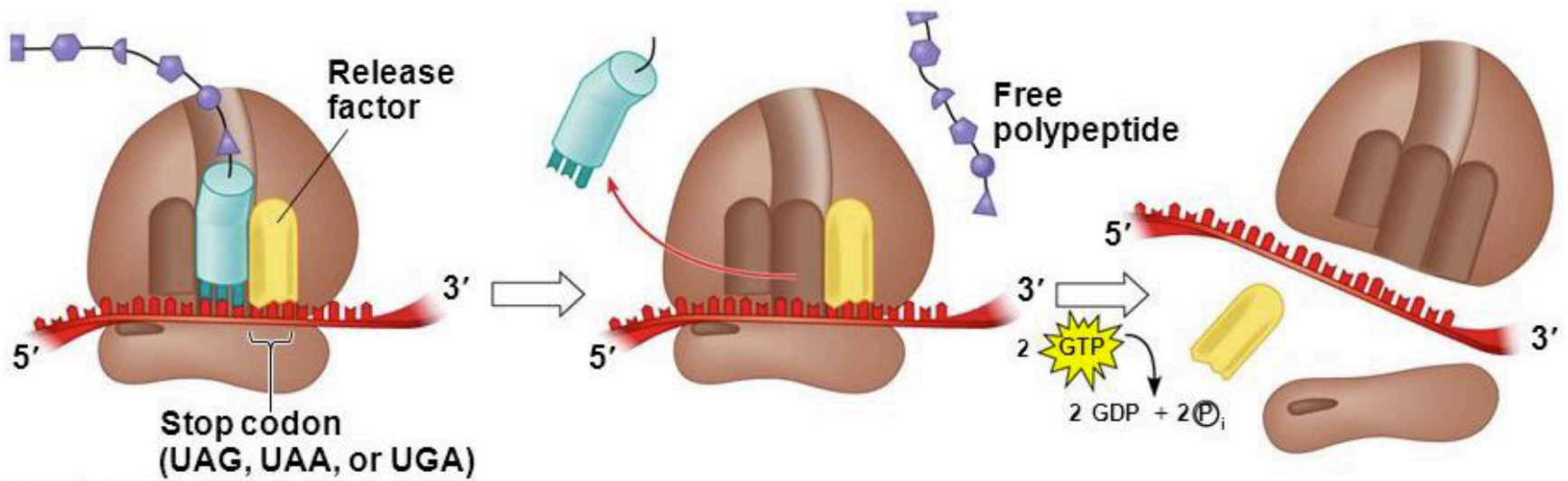




TERMINACIÓN

- Cuando el sitio A queda sobre un **codón de terminación** (no tiene anticodón que lo reconozca) UAA, UAG o UGA, ingresan proteínas llamadas **factores de terminación** que se ubican en el sitio A, se libera la cadena de proteínas formada y todos los elementos se separan
- Las proteínas primarias se pliegan alcanzando estructuras secundarias, terciarias o cuaternarias y adquieren funcionalidad biológica

TERMINACIÓN





ALILA MEDICAL MEDIA

en Español

www.AlilaMedicalMedia.com

Iniciación de la transcripción

ADN

▶ || ————— ● ◀ ☰

Gran parte del control de la expresión génica en eucariotas se consigue mediante la regulación de la frecuencia de inicio de la transcripción.

Copyright © The McGraw-Hill Companies, Inc.

Replicación del ADN

<https://www.youtube.com/watch?v=TNKWgcFPHqw>

Traducción

<https://www.youtube.com/watch?v=lkq9AcBcohA>

<https://www.youtube.com/watch?v=YoyFpumWtHo>