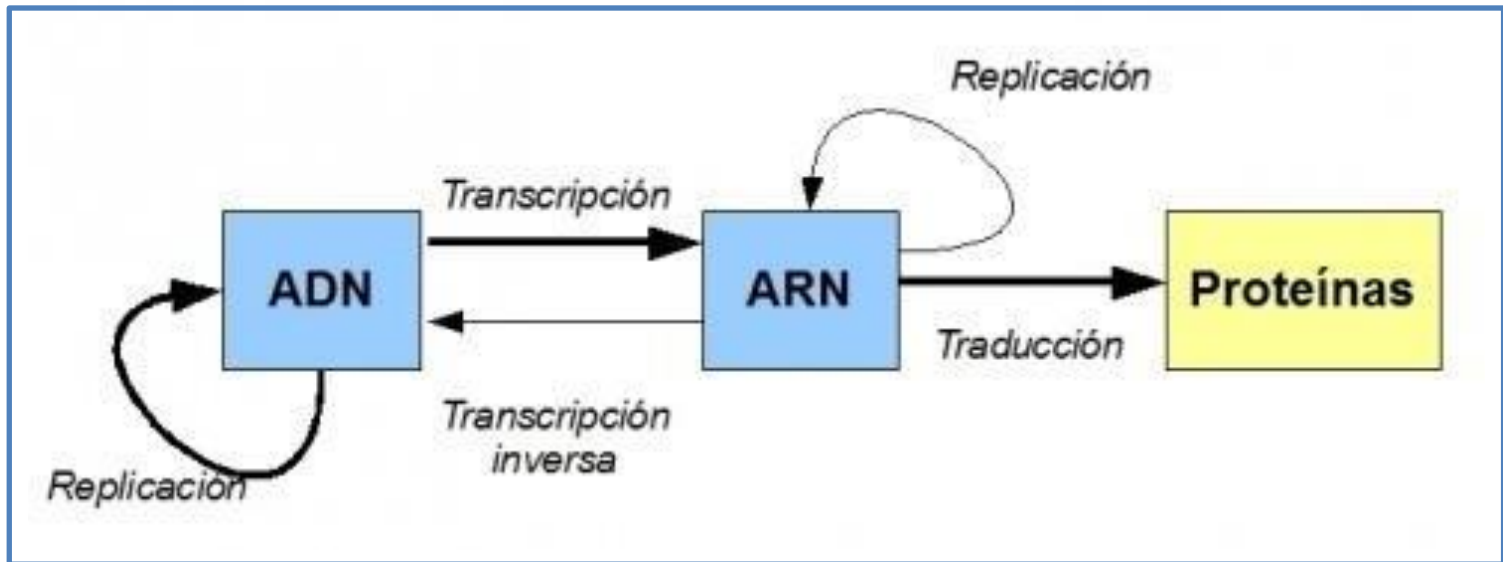


UD2: EL FLUJO DE LA INFORMACIÓN GENÉTICA



EL FLUJO DE LA INFORMACIÓN GENÉTICA

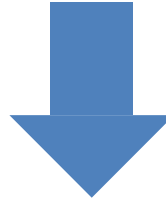
El ADN almacena la información genética de un individuo, la transmite a los descendientes y dirige la síntesis de proteínas.



REPLICACIÓN



Proceso por el cual **una molécula de ADN se duplica** para dar lugar a **dos moléculas de ADN hijas idénticas**, que conservan la misma secuencia de bases que la molécula inicial



TRANSCRIPCIÓN



Proceso por el cual **se sintetiza una molécula de ARN** utilizando como molde una molécula de ADN.



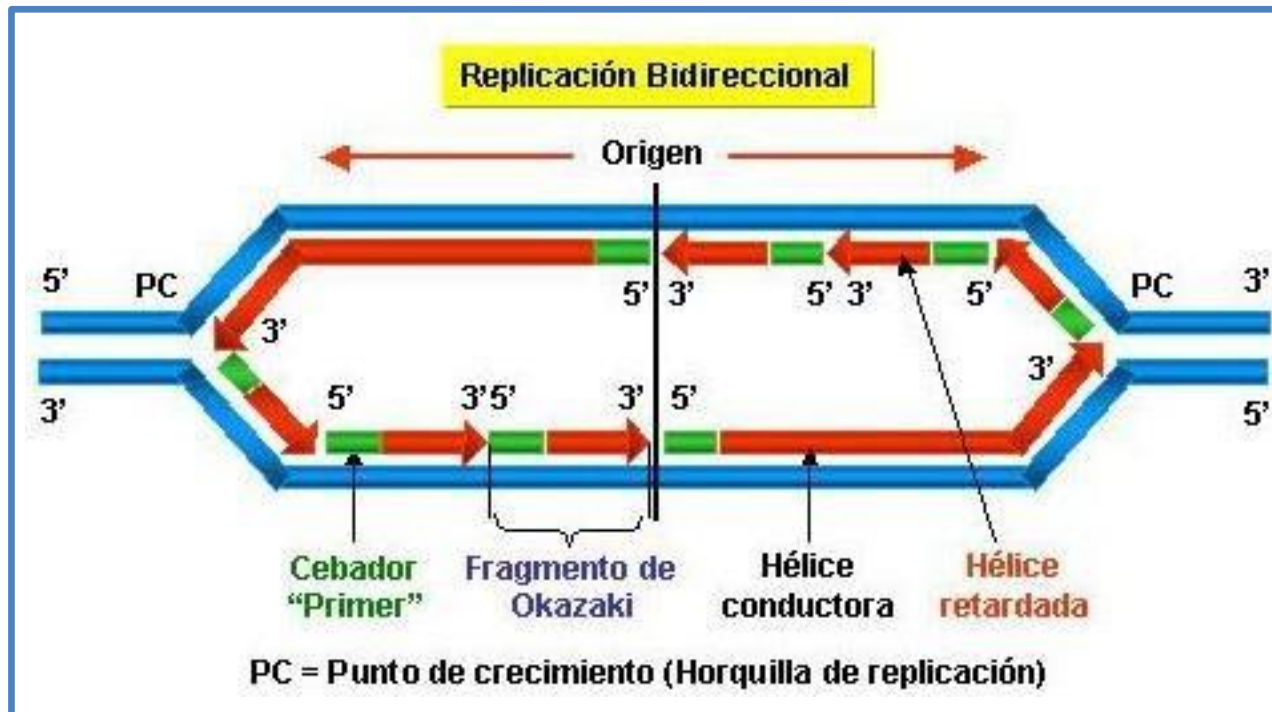
TRADUCCIÓN



Proceso por el cual a partir de una molécula de ARNm **se sintetiza una proteína**.

EL FLUJO DE LA INFORMACIÓN GENÉTICA

La **replicación de ADN** es el proceso por el cual una molécula de ADN se duplica para dar lugar a **dos moléculas de ADN hijas idénticas**, que conservan la misma secuencia de bases que la molécula inicial.

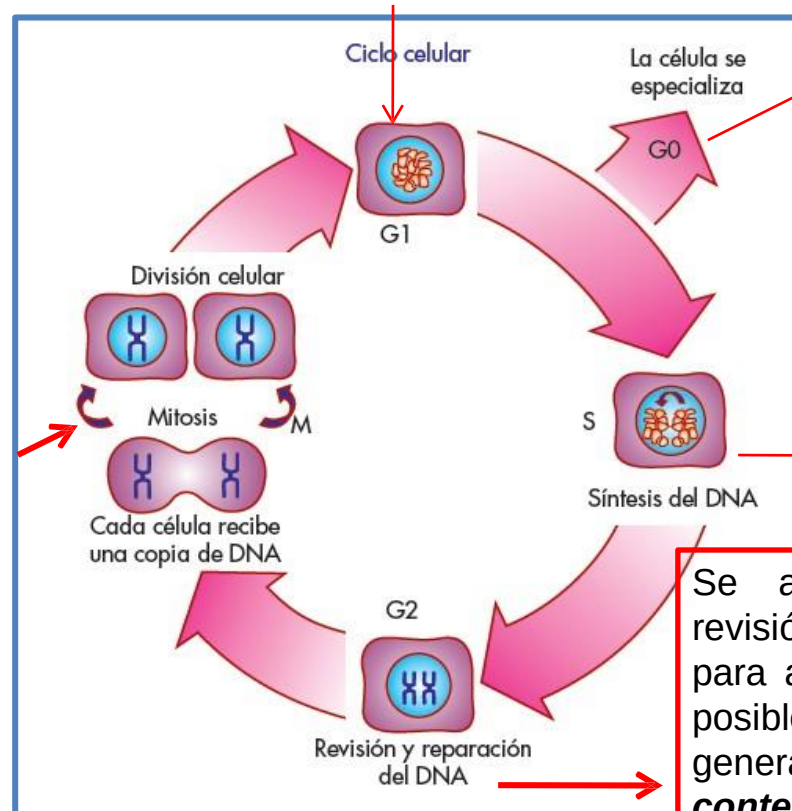


CICLO CELULAR EN ASOCIACIÓN CON LA REPLICACIÓN

La célula aumenta de tamaño y lleva a cabo las funciones celulares típicas de la interfase

Algunas células entran en la etapa de especialización: realizan funciones específicas y no se dividen por un tiempo (Ejemplo: neuronas o células hepáticas)

En la fase M se lleva a cabo la división física de la célula original, que ahora **da lugar a dos células hijas, cada una de las cuales contiene una de las copias de DNA que se generaron durante la fase S.**



Fase S: etapa en la que se replica el material genético

Se activan los mecanismos de revisión y reparación del genoma, para asegurar en la medida de lo posible que las moléculas de DNA generadas en la fase S **no contengan errores de copia que sean incompatibles con la supervivencia de la descendencia.**

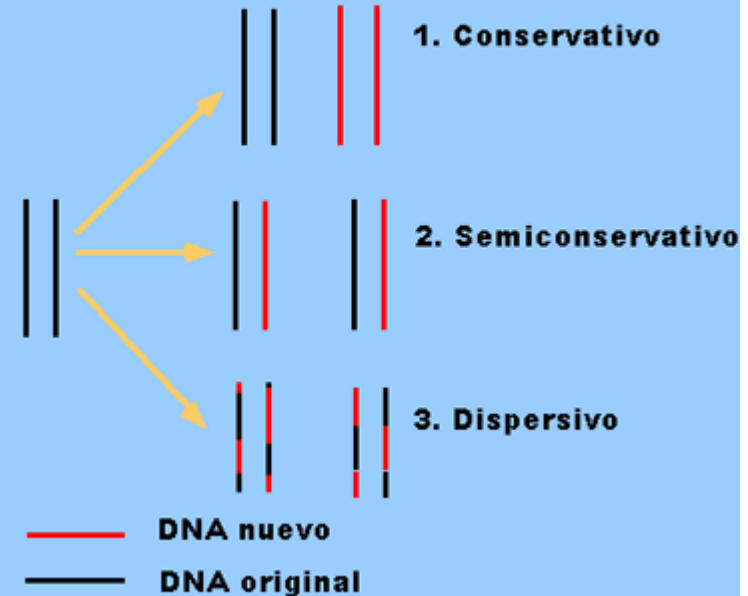
MODELOS DE REPLICACIÓN DE ADN

MODELO CONSERVATIVO: Proponía que tras la replicación se mantenía la molécula original de DNA intacta, obteniéndose una molécula idéntica de DNA completamente nueva, es decir, con las dos hebras nuevas.

MODELO SEMICONSERVATIVO: Se obtienen dos moléculas de DNA hijas, formadas ambas por una hebra original y una hebra nueva.

MODELO DISPERSIVO: El resultado final son dos moléculas nuevas formadas por hebras en las que se mezclan fragmentos originales con fragmentos nuevos. Todo ello mezclado al azar, es decir, no se conservan hebras originales ni se fabrican hebras nuevas, sino que aparecen ambas mezcladas.

Modelos posibles para la replicación del DNA



ENZIMAS DEL PROCESO DE REPLICACIÓN

MAQUINARIA DE REPLICACIÓN: conjunto básico de enzimas que participan en el proceso de replicación

HELICASAS

Desenrolla y separa las dos cadenas de ADN

PROTEINAS SSB

Evitan que se vuelva a formar la doble hélice

GIRASA Y TOPOISOMERASA

Relajan la tensión de la doble hélice mediante cortes y empalmes

ADN POLIMERASA

Síntesis de la nueva cadena

PRIMASA

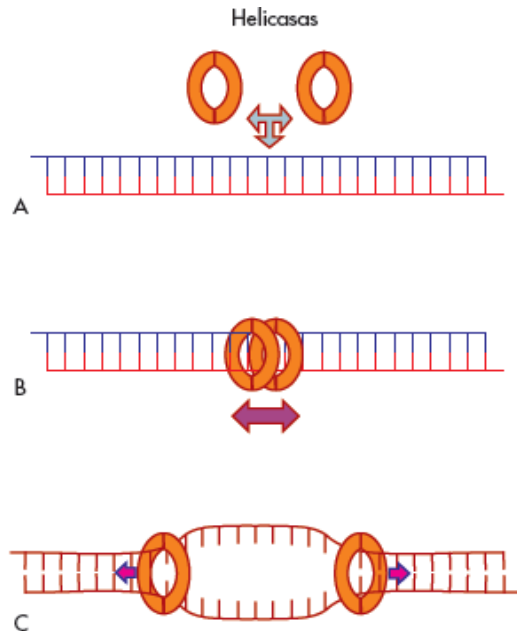
Sintetiza cebadores o primers

LIGASA

Une los fragmentos de Okazaki entre sí y con la hebra conductora

ENZIMAS DEL PROCESO DE REPLICACIÓN

HELICASAS



• **Figura 3-5** A, las helicasas reconocen el sitio de inicio de la replicación, e interaccionan con esa región. B, una vez posicionadas sobre las hebras de DNA, se translocan a lo largo de la hélice con la participación de ATP. C, su movimiento genera el rompimiento de los puentes de hidrógeno entre las bases nitrogenadas, produciendo la separación de las hebras.

La helicasa desenrolla o separa las dos cadenas de doble hélice. Empieza en el origen de replicación y continúa en ambos sentidos medida que avanzan las horquillas de replicación. Este ensamble produce la distorsión y separación de la doble hebra de DNA, en presencia de ATP y iones Mg^{++}

ENZIMAS DEL PROCESO DE REPLICACIÓN

PROTEINAS SSB (PROTEINAS DE UNIÓN A CADENA SENCILLA)

Se unen a las cadenas desenrolladas **evitando que se vuelva a formar la doble hélice**. Llamadas de este modo por las siglas en inglés de “proteína estabilizadora de la hebra simple” (*single strain binding protein*)

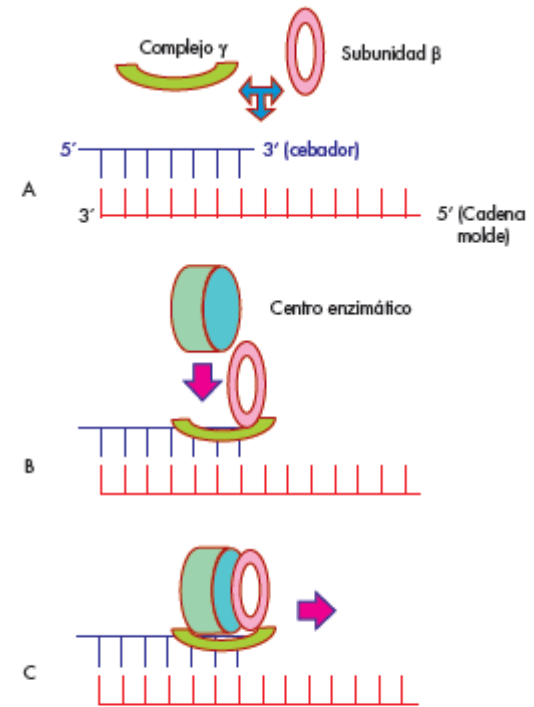
GIRASA Y TOPOISOMERASA

La separación de las dos cadenas de ADN en la burbuja de replicación genera un superenrollamiento en el resto de la doble hélice. Estas dos enzimas **relajan la tensión de la doble hélice mediante cortes y empalmes**.

ENZIMAS DEL PROCESO DE REPLICACIÓN

ADN POLIMERASA

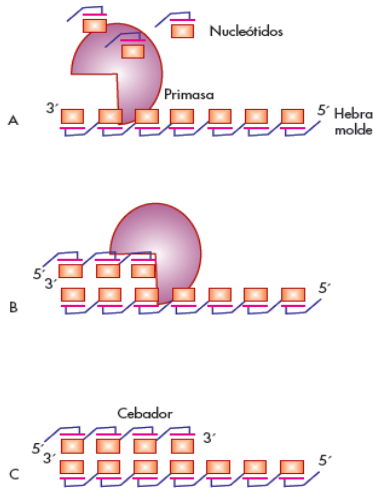
- Responsable de la **síntesis de la nueva cadena**, añadiendo desoxinucleótidos al extremo 3' de una cadena.
- No puede iniciar una cadena, solo puede elongar una preexistente de ADN o ARN, añadiendo desoxinucleótidos a la posición 3' libre.
- La secuencia de desoxinucleótidos que incorpora es complementaria de la secuencia de la cadena molde que se está leyendo.
- En procariotas existen tres tipos de ADN polimerasas, que se nombran con números romanos: I, II y III.
- **En eucariotas existen cinco tipos, que se nombran con letras griegas: α , β , γ , δ , ϵ .**
- Tienen también actividad **exonucleasa** → son capaces de eliminar nucleótidos uno a uno desde un extremo de la cadena. Esta actividad es muy útil para corregir y reparar errores.



• **Figura 3-4** La polimerasa de DNA se compone de varias subunidades, que se ensamblan de manera secuencial: el complejo γ engancha a la subunidad β sobre un extremo 3' recién sintetizado (panel A); esto permite el ensamble del centro enzimático (panel B). La polimerasa añade nucleótidos todo el tiempo a un extremo 3', por lo que su movimiento se define como 5'→3'.

ENZIMAS DEL PROCESO DE REPLICACIÓN

PRIMASA



• **Figura 3-6** Las primasas sintetizan un segmento corto de nucleótidos (paneles A y B) (utiliza ribonucleótidos) denominado cebador o *primer*, dejando un extremo 3' libre disponible para que la polimerasa de DNA inicie la síntesis (panel C).

Las primasas son enzimas que ***catalizan la formación de pequeños segmentos de ARN, de unos 11 nucleótidos de longitud, llamados cebadores o primers***, y que son absolutamente indispensables para que la polimerasa de ADN funcione, ya que ésta, como se mencionó, requiere la presencia de un extremo 3' libre preexistente para iniciar la síntesis de ADN.

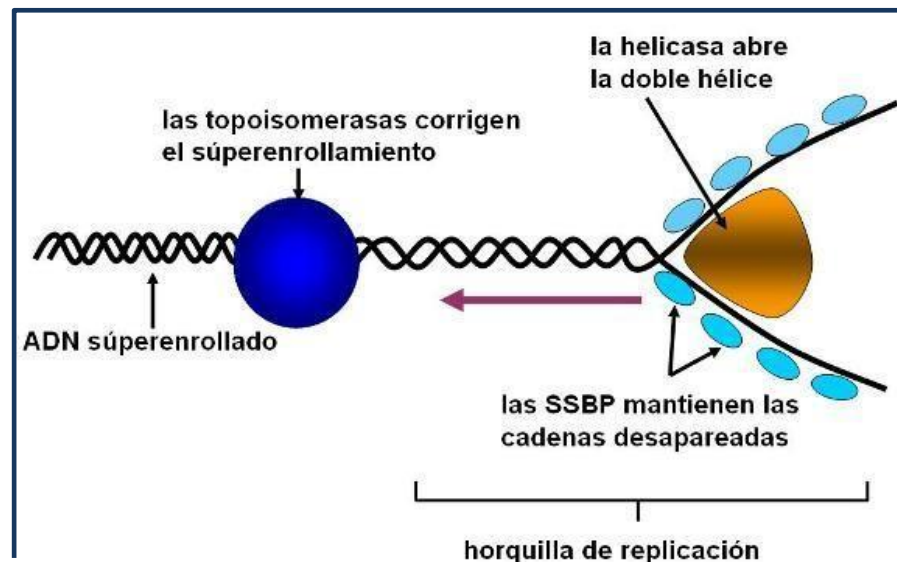
LIGASA

Enzima responsable de ***unir los fragmentos de Okazaki entre si y con la hebra conductora*** para conseguir la continuidad de la cadena de nueva síntesis.

PROCESO DE REPLICACIÓN

ETAPA1: RECONOCIMIENTO DEL ORIGEN DE REPLICACIÓN

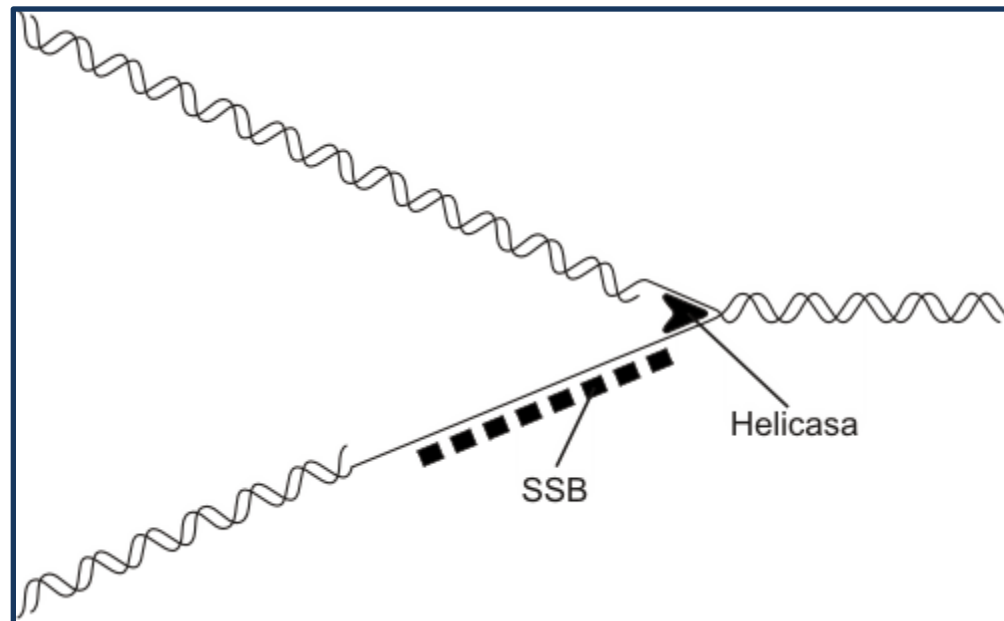
- La replicación se inicia en sitios específicos dentro del genoma, llamados orígenes de replicación. Éstos son reconocidos por **helicadas** específicas.
- Los sitios de origen de replicación tienen la característica de ser módulos cortos de secuencia repetida, con **abundancia de adeninas y timinas**.
- Una vez que las helicadas reconocen el origen → producen la abertura de ese segmento.
- A partir de ahí, otras helicadas con estructura de anillo se encargarán de inducir la abertura del resto de la cadena, translocándose a través de ella, de modo bidireccional a partir del origen de replicación.



PROCESO DE REPLICACIÓN

ETAPA2: MANTENIMIENTO DE LA ABERTURA DE LA HÉLICE

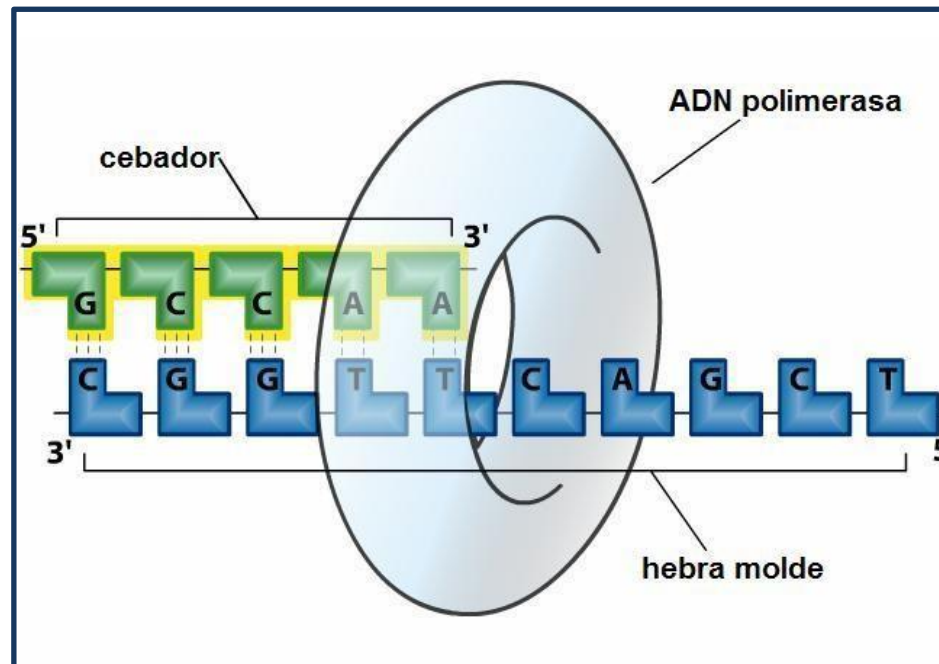
Una vez que la hélice de ADN se ha separado en el sitio de origen, las pequeñas **proteínas ssb** se asocian con los nucleótidos de cada hebra, impidiendo que se regeneren los puentes de hidrógeno entre ellos. De esta manera permanecen separadas las hebras para dar cabida al resto de enzimas participantes.



PROCESO DE REPLICACIÓN

ETAPA 3: SÍNTESIS DEL CEBADOR

Una vez separada la hebra de ADN en el sitio de inicio, una **primasa** sintetiza **un segmento corto de ARN**, que servirá como cebador para la siguiente enzima.

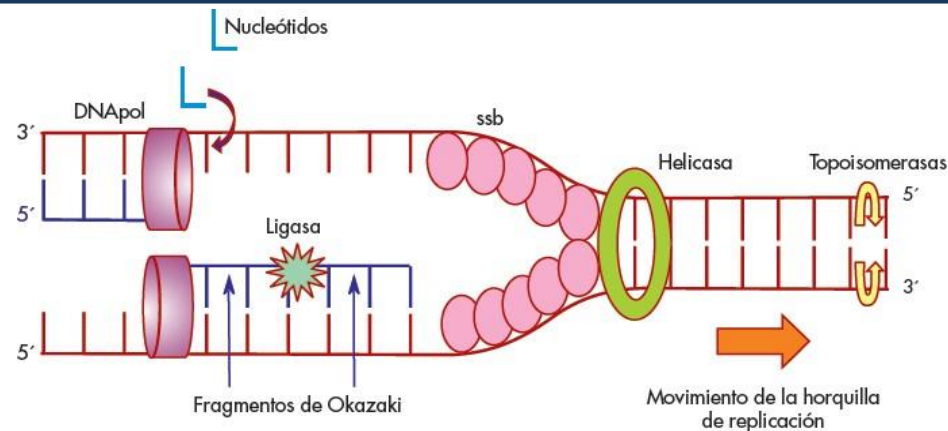


PROCESO DE REPLICACIÓN

ETAPA 4: INICIO DE LA COPIA

El extremo 3' del cebador funciona como punto de anclaje para la **polimerasa de DNA**, que se ensambla. Una vez ensamblada la enzima completa, añade nucleótidos complementarios a la cadena que está copiando.

Dada la capacidad de polimerización 5'→ 3' de la polimerasa, la cadena líder se copia en un proceso continuo, en tanto que la acompañante se copia en un proceso discontinuo que genera fragmentos pequeños de hebra nueva, que en un primer momento están separados unos de otros. Estos segmentos, denominados fragmentos de Okazaki, se unen mediante la acción posterior de una **ligasa**.

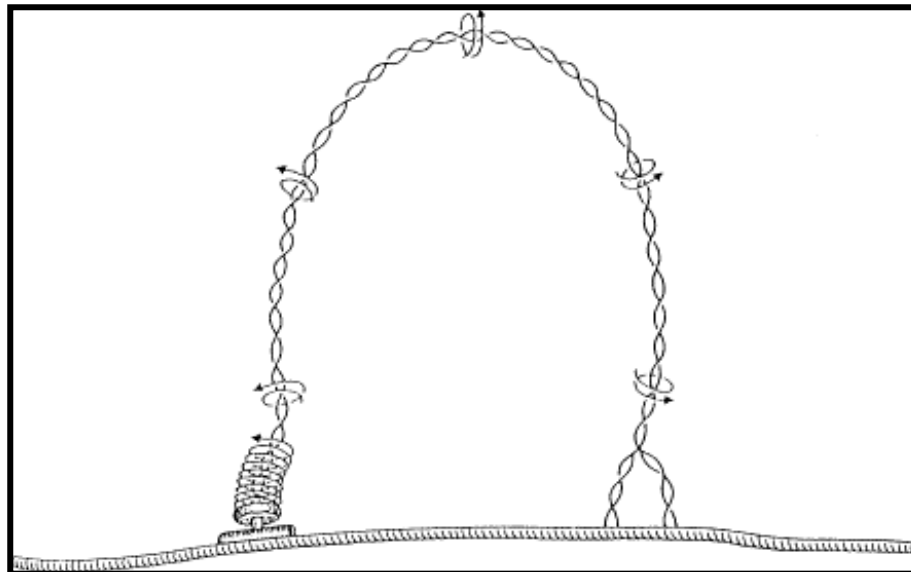


PROCESO DE REPLICACIÓN

ETAPA 5: RELAJACIÓN DE LOS SUPERENROLLAMIENTOS

Por delante de la maquinaria de replicación, y como resultado del avance de la misma por el dúplex de DNA, se generan superenrollamientos en la hebra, que si no son relajados en momento dado interrumpirán el paso de dicha maquinaria.

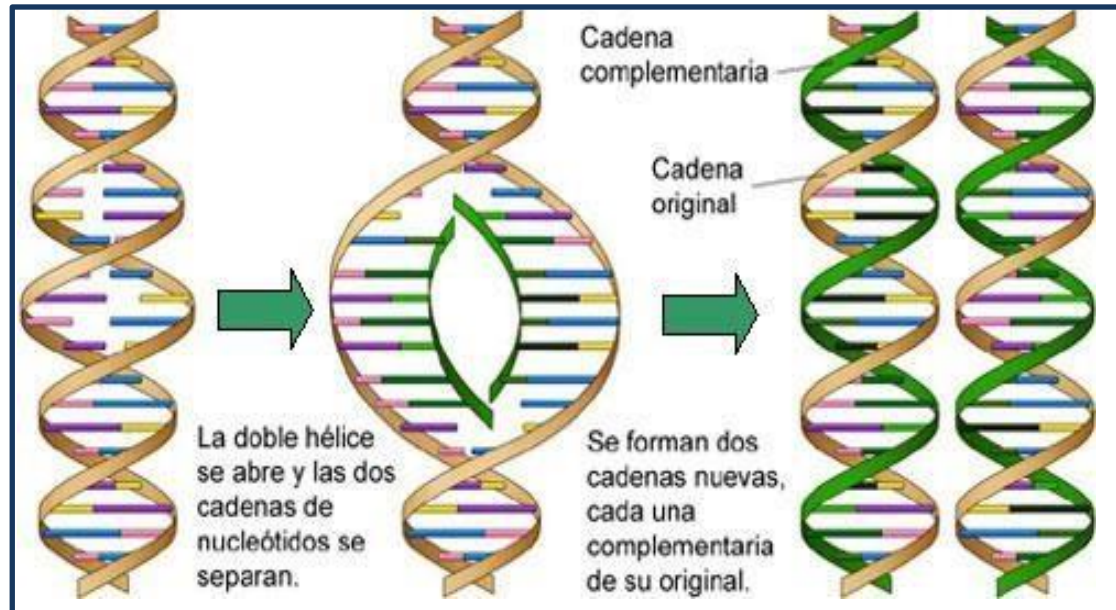
Las topoisomerasas son las enzimas encargadas relajar estos superenrollamientos, asegurando el paso libre de la maquinaria de replicación en toda la longitud de la cadena de DNA.

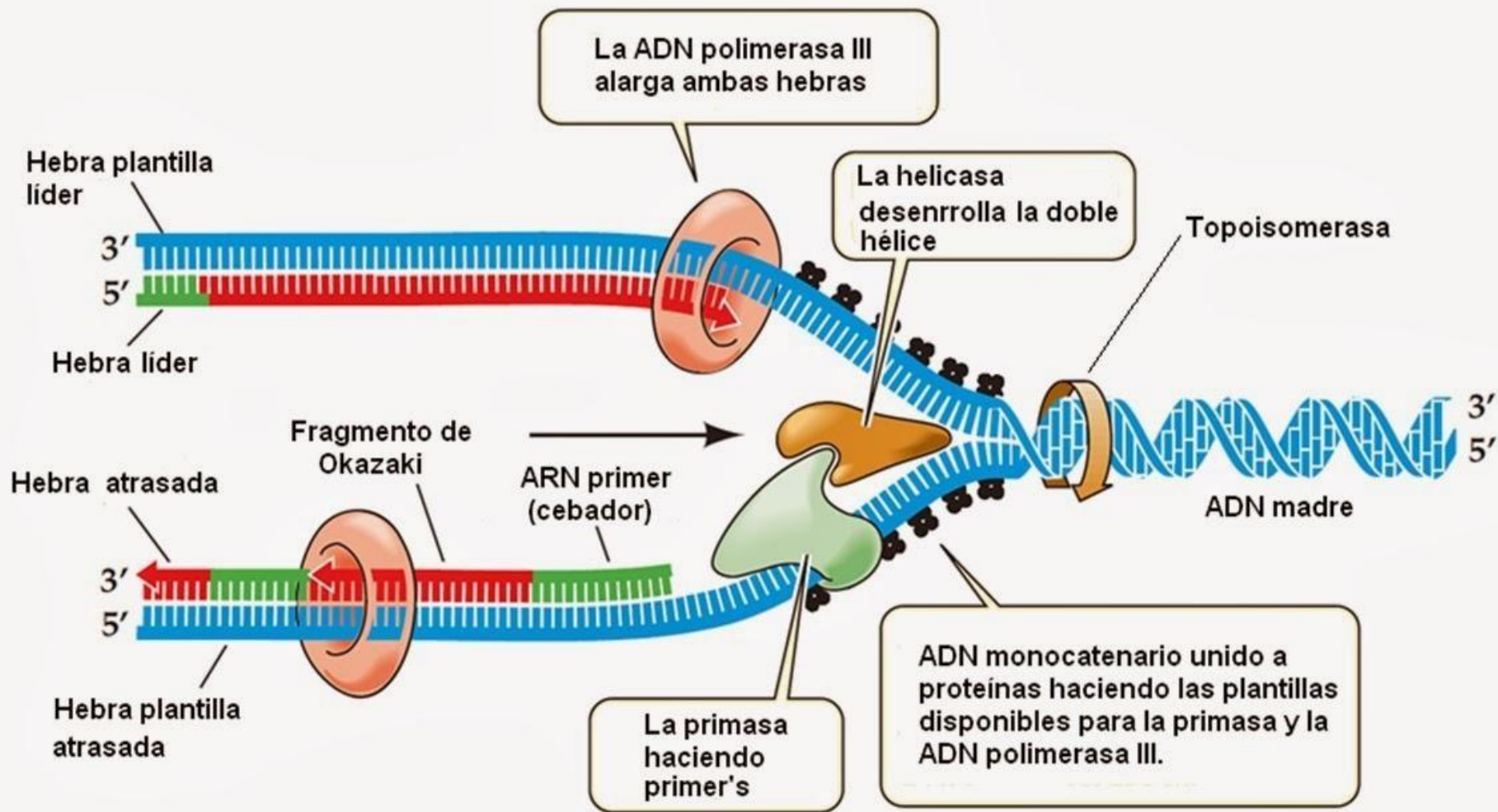


PROCESO DE REPLICACIÓN

ETAPA 6: TERMINACIÓN DE LA REPLICACIÓN

De la misma forma que existen sitios específicos de inicio de replicación, se han descrito sitios de terminación del proceso, que también tienen la característica de ser secuencias cortas repetidas, además de presentar una disposición encontrada. Se sabe que hay ciertas proteínas denominadas **RTP** (*replication terminator protein*) cuya función es **inhibir el desplazamiento de las helicasas**, y que están incluidas con la disociación de estas enzimas en los sitios de terminación de la replicación.





CARACTERÍSTICAS DEL PROCESO DE REPLICACIÓN

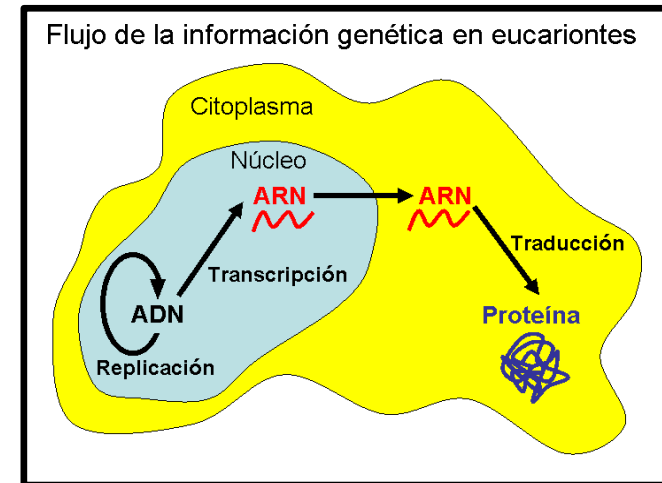
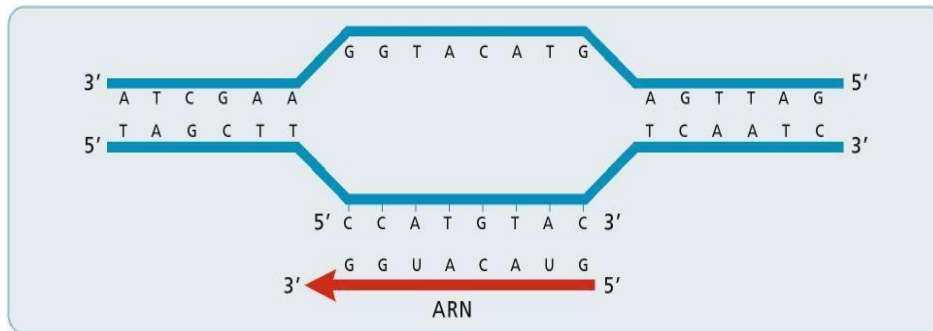
- Es **semiconservativa**. En cada molécula hija, una de las cadenas procede de la molécula original que se replica y la otra es de nueva síntesis.
- Comienza en un **origen de replicación**. La replicación comienza en unos puntos de iniciación concretos denominados orígenes de la replicación. El cromosoma bacteriano de procariotas tiene un único origen de replicación, mientras que en los cromosomas eucariotas hay muchos, por lo que la replicación se inicia de manera simultánea en varios puntos de cada cromosoma.
- Es **bidireccional** y **secuencial**. A partir del origen de replicación las dos cadenas de ADN molde se separan y la síntesis de las nuevas cadenas se produce en ambas direcciones, lo que da lugar a dos horquillas de replicación.

CARACTERÍSTICAS DEL PROCESO DE REPLICACIÓN

- Es **semidiscontinua**. La síntesis de las cadenas nuevas se produce siempre en dirección 5'-3', por lo que la cadena molde tiene que leerse en dirección 3'-5'.
 - Al ser bidireccional desde el origen de la replicación se plantea un problema: en uno de los sentidos, la cadena nueva puede crecer de manera continua a medida que avanza la horquilla de replicación, puesto que la hebra se molde se lee en la dirección correcta 3'-5',
 - Pero en el sentido contrario la cadena nueva no se puede sintetizar de manera continua porque se tendría que leer la hebra molde en la dirección incorrecta 5'-3'.
 - Por ello, a uno de los lados del origen de replicación, la nueva cadena sintetiza de manera discontinua, en forma de fragmentos denominados **fragmentos de Okazaki**.
 - La hebra que se sintetiza de manera continua se llama **hebra adelantada o conductora**
 - La hebra que se sintetiza a fragmentos se denomina **hebra retardada**.

TRANSCRIPCIÓN DEL ADN A ARN

La **transcripción** es el proceso por el cual se sintetiza una molécula de ARN utilizando como molde una cadena de ADN.



CARACTERÍSTICAS DE LA TRANSCRIPCIÓN

Similitudes con la replicación:

La reacción es igualmente de **polimerización**, se necesita también **un molde para realizarla**, y, por último, la **dirección de síntesis es fija** al igual que en la replicación.

TRANSCRIPCIÓN DEL ADN A ARN

CARACTERÍSTICAS DE LA TRANSCRIPCIÓN

Diferencias con la replicación:

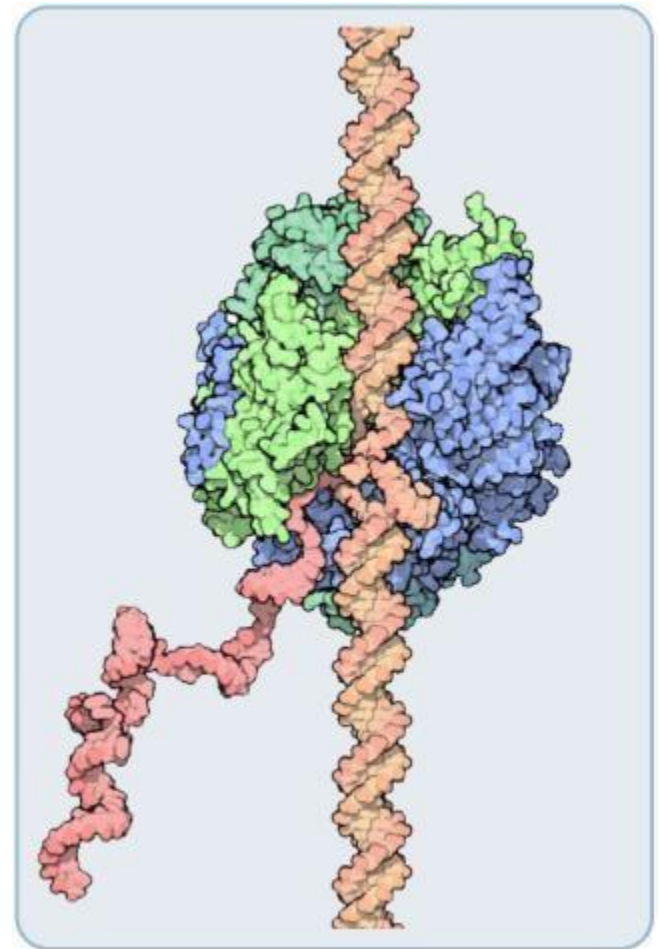
- El proceso se limita a una porción de ADN, → es un proceso **selectivo**, ya que ha de reconocerse un **punto de inicio** y uno de **terminación en la molécula de ADN**.
- El proceso **puede repetirse infinidad de veces a lo largo de la vida de la célula**, se dice que es **reiterativo**. Una región concreta de ADN puede ser copiada multitud de veces dando lugar a la formación de múltiples moléculas iguales de ARN.
- 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.
- El proceso es **monocatenario**, afecta a una sola de las cadenas del ADN, y la copia resultante, o ARN es una molécula de una única cadena o monocatenaria.
- La situación de los genes a copiar puede localizarse en cualquiera de las dos cadenas del ADN, la cadena que funciona como molde para la síntesis de ARN se la denomina **hebra molde**, y la cadena complementaria **hebra no molde**.

TRANSCRIPCIÓN DEL ADN A ARN

LAS ENZIMAS DEL PROCESO DE TRANSCRIPCIÓN

Este proceso requiere una enzima denominada **ARN-polimerasa – ADN dependiente o TRANSCRIPTASA**.

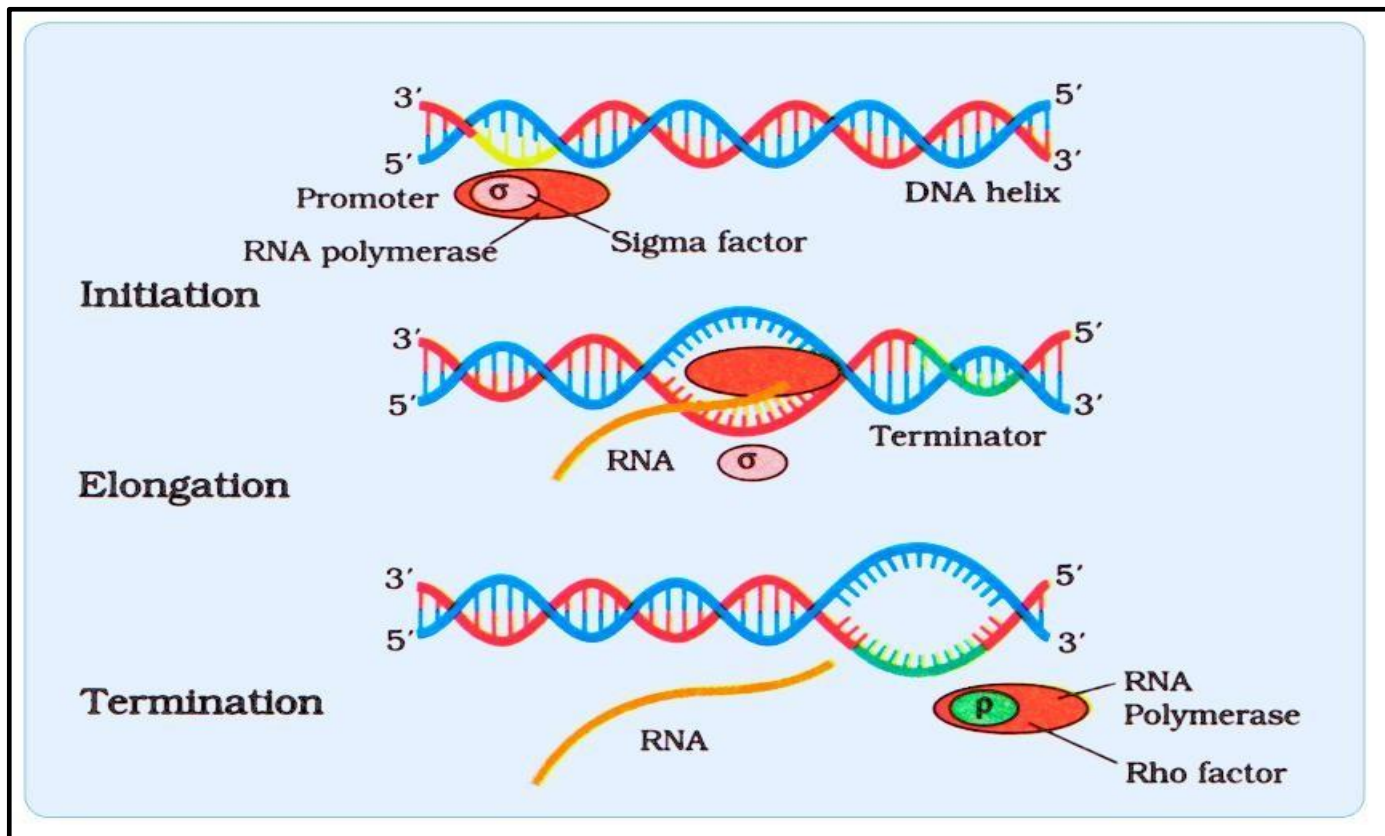
- **PROCARIOTAS**: solo existe polimerasa un tipo de ARN
- **EUCARIOTAS**: tres tipos
 - **ARN POLIMERASA I**: responsable de la síntesis de la mayor parte del ARNr
 - **ARN POLIMERASA II**: responsable de la síntesis del ARNm
 - **ARN POLIMERASA III**: responsable de la síntesis de ARNt y de la subunidad 5S del ARNr



TRANSCRIPCIÓN DEL ADN A ARN

FASES DEL PROCESO DE TRANSCRIPCIÓN

El proceso se realiza en tres fases: *iniciación*, *elongación* y *terminación*.



TRANSCRIPCIÓN DEL ADN A ARN

FASE I: INICIACIÓN

- La transcripción se inicia cuando la ARN-polimerasa reconoce una zona de la molécula de ADN, llamada **promotor**:
 - Se localiza inmediatamente antes de la región de ADN que se va a transcribir
 - Tiene una secuencia de bases específica, y se une a ella.
- Los promotores más frecuentes presentan una secuencia estándar o secuencia consenso en la que ciertos nucleótidos aparecen con mayor frecuencia. Las secuencias consenso más frecuentes son dos:
 - **5'TATAAT3'** (*Secuencia TATA o caja TATA*)
 - **5'TTGACA3'**
- 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, formando la denominada **burbuja de transcripción**.

TRANSCRIPCIÓN DEL ADN A ARN

FASE II: ELONGACIÓN

- Consiste en la **adición secuencial de ribonucleótidos** catalizada por la ARN polimerasa.
- De las dos cadenas de la molécula de ADN solo se transcribe una de ellas llamada **cadena molde o cadena codificadora**.
- La cadena que no transcribe se denomina **cadena no molde o informativa**.
- Durante la fase de elongación, **la ARN polimerasa se desplaza a lo largo de la cadena molde en dirección 3'-5', "leyendo" la secuencia de bases**, seleccionando el ribonucleótido que tiene una base nitrogenada complementaria de la del ADN e incorporándolo a la cadena de ARN en crecimiento mediante la formación de un enlace fosfodiéster.
- En consecuencia **el crecimiento de la cadena de ARN tiene lugar en dirección 5'-3'**.

TRANSCRIPCIÓN

ELONGACIÓN

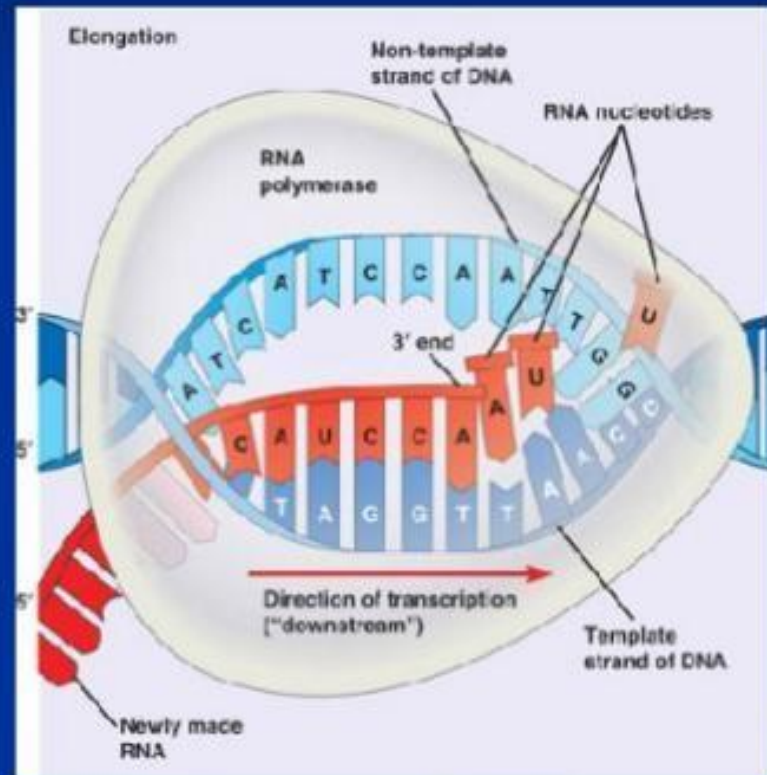
■ Complementariedad entre las bases de ADN y ARN:

G-----C

A-----U

T-----A

C-----G



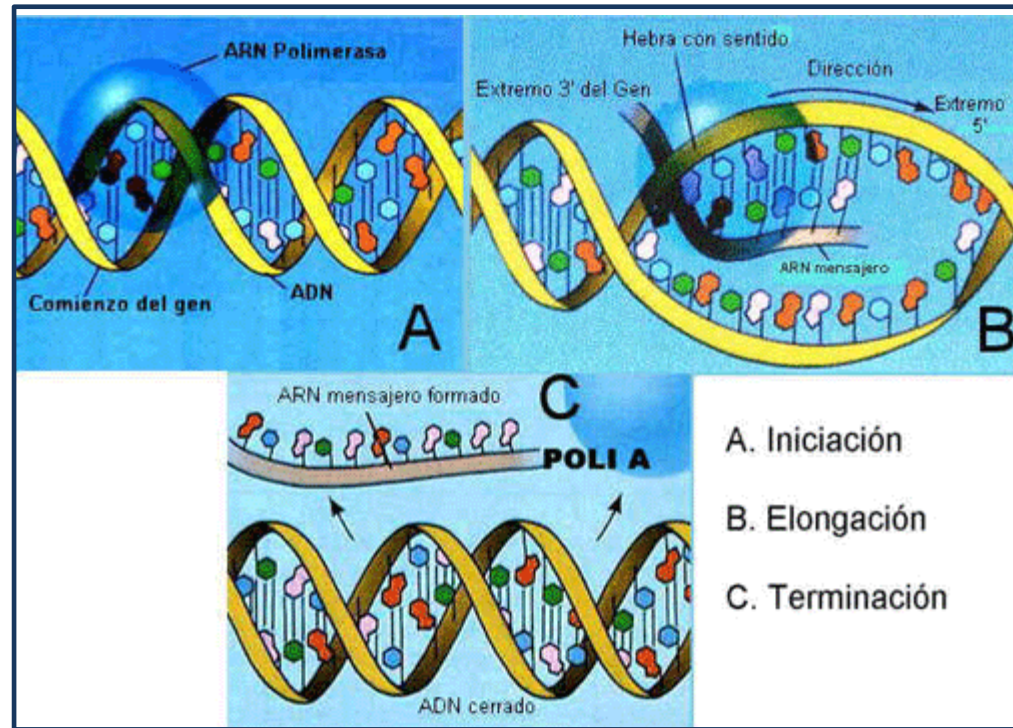
TRANSCRIPCIÓN DEL ADN A ARN

FASE III: TERMINACIÓN

La síntesis de ARN termina cuando la ARN polimerasa alcanza una secuencia específica en la molécula de ADN denominada señal o secuencia de terminación.

En este punto:

- La cadena de ARN se separa del ADN y de la enzima.
- La ARN polimerasa se separa del ADN.
- La molécula de ADN recupera su estructura en doble hélice.



TRANSCRIPCIÓN DEL ADN A ARN

MADURACIÓN DEL ARN

La maduración es el proceso que requieren las cadenas de ARN transcritas para dar lugar a los tipos principales de ARN: **ARN mensajero (ARNm)**; **ARN ribosómico (ARNr)** y **ARN de transferencia (ARNt)**.

Este proceso es diferente en procariotas y eucariotas.

MADURACIÓN DEL ARN EN PROCARIOTAS

- En organismos procariotas los **ARNt** y **ARNr** se sintetizan en forma de largas moléculas de ARN, denominadas **transcritos primarios**, que contienen numerosas copias de cada uno de ellos.
- Estos transcritos son cortados después por enzimas específicas para dar lugar a los distintos tipos de **ARNt** y **ARNr**.
- Por el contrario el **ARNm** transcrito no requiere ninguna modificación posterior

MADURACIÓN DEL ARN EN EUCARIOTAS

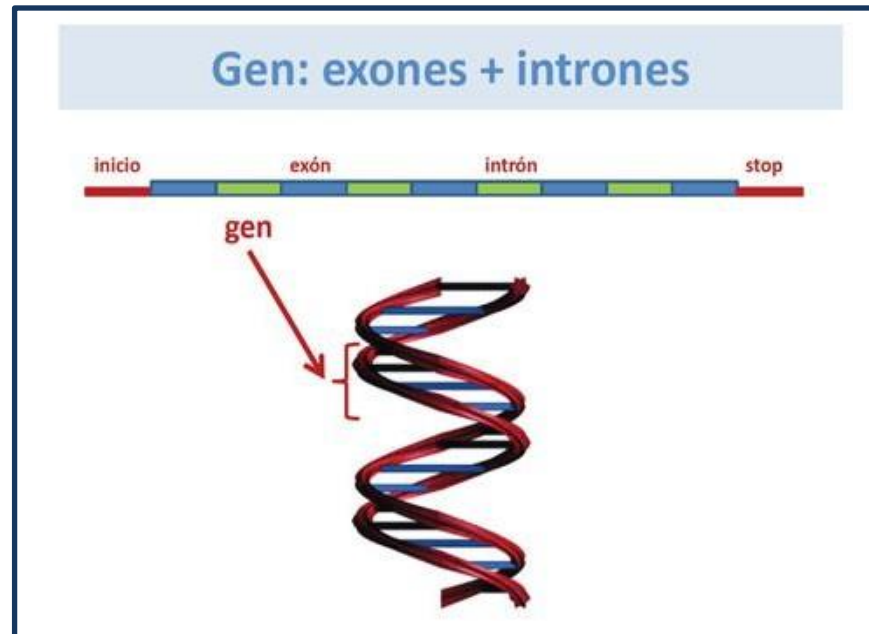
En los organismos eucariotas, la maduración de los **ARNt** y **ARNr** es similar a como sucede en procariontes, pero por el contrario el **ARNm** requiere un proceso complejo de maduración antes de poder traducir a proteína.

TRANSCRIPCIÓN DEL ADN A ARN

MADURACIÓN DEL ARN

En la mayoría de los genes eucariotas se alternan dos tipos de secuencias:

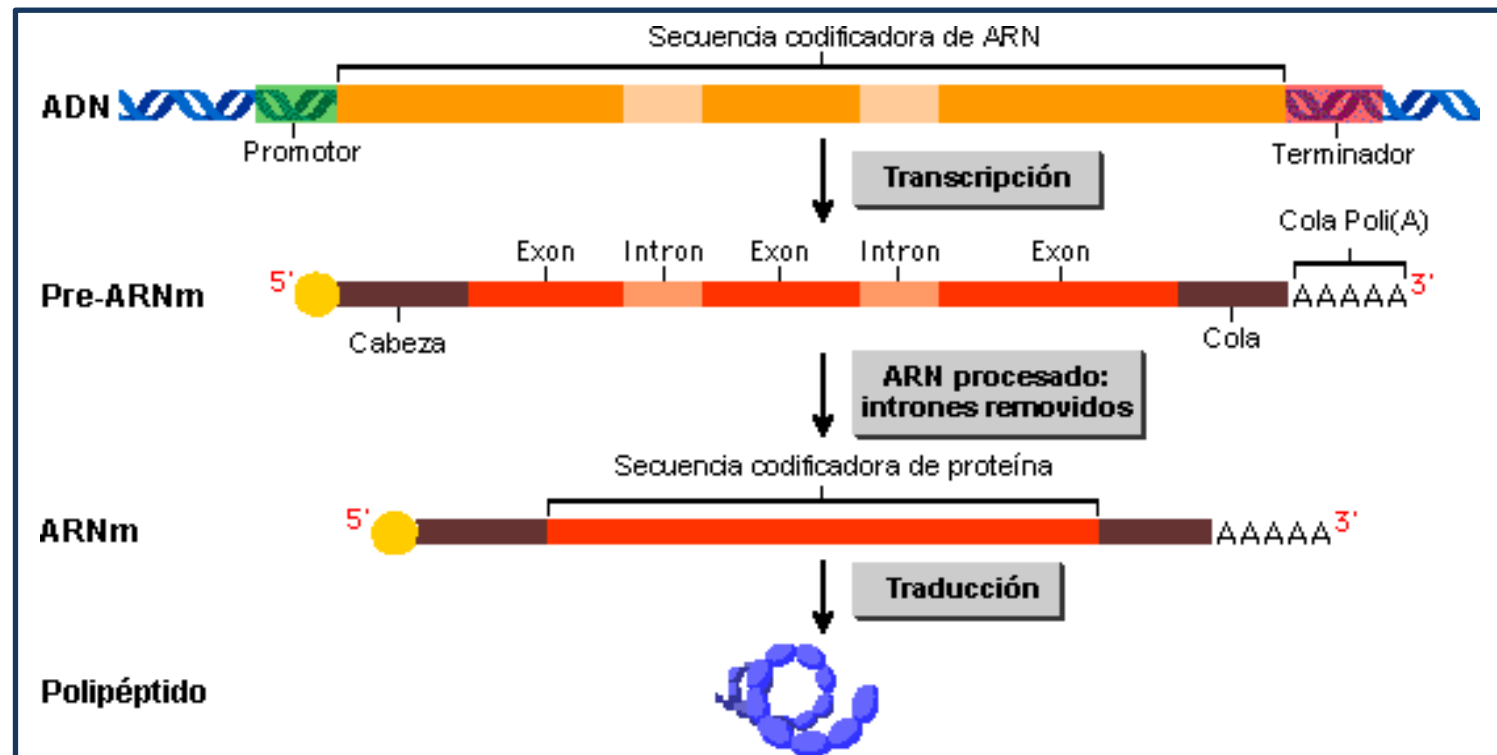
- **EXONES**: son secuencias que se transmiten y se traducen, ya que portan información para la síntesis de una región de una proteína.
- **INTRONES**: son secuencias que se transcriben pero no se traducen, puesto que no codifican para una cadena de aminoácidos y, por lo tanto, hay que eliminarlos antes de la traducción.



TRANSCRIPCIÓN DEL ADN A ARN

MADURACIÓN DEL ARN

- El ARN sintetizado directamente mediante el proceso de transcripción se denomina **ARN heterogéneo nuclear (ARNhn)** o **pre-ARNm**.
- Este ARNhn, además de contener intrones no codificantes, no puede salir del núcleo para ir hacia el citoplasma, que es donde se encuentra la maquinaria de la síntesis de proteínas.



TRANSCRIPCIÓN DEL ADN A ARN

MADURACIÓN DEL ARN

La maduración del ARNm se puede esquematizar en tres pasos:

- **ADICIÓN DE UNA CAPERUZA EN 5'**: La maduración se inicia ya durante la fase de elongación de la transcripción, mediante la adición de una “caperuza” (7-metilguanosina) o “casquete” en el extremo 5' libre de la cadena en crecimiento
- **ADICIÓN DE UNA COLA DE POLI-A EN 3'**: Una vez la molécula de ARN se ha separado del ADN y de la ARN polimerasa, una enzima denominada Poli-A polimerasa añade una cola de poli-A al extremo 3' de la nueva cadena de ARN.
- **ELIMINACIÓN DE LOS INTRONES**: Tiene lugar mediante un proceso de corte y empalme denominado empalme o splicing.

Finalmente, la cadena de ARN se corta en la base del bucle y se empalman los exones para dar lugar al ARNm maduro.

ARN mensajero



Funciones **cola POLI A**

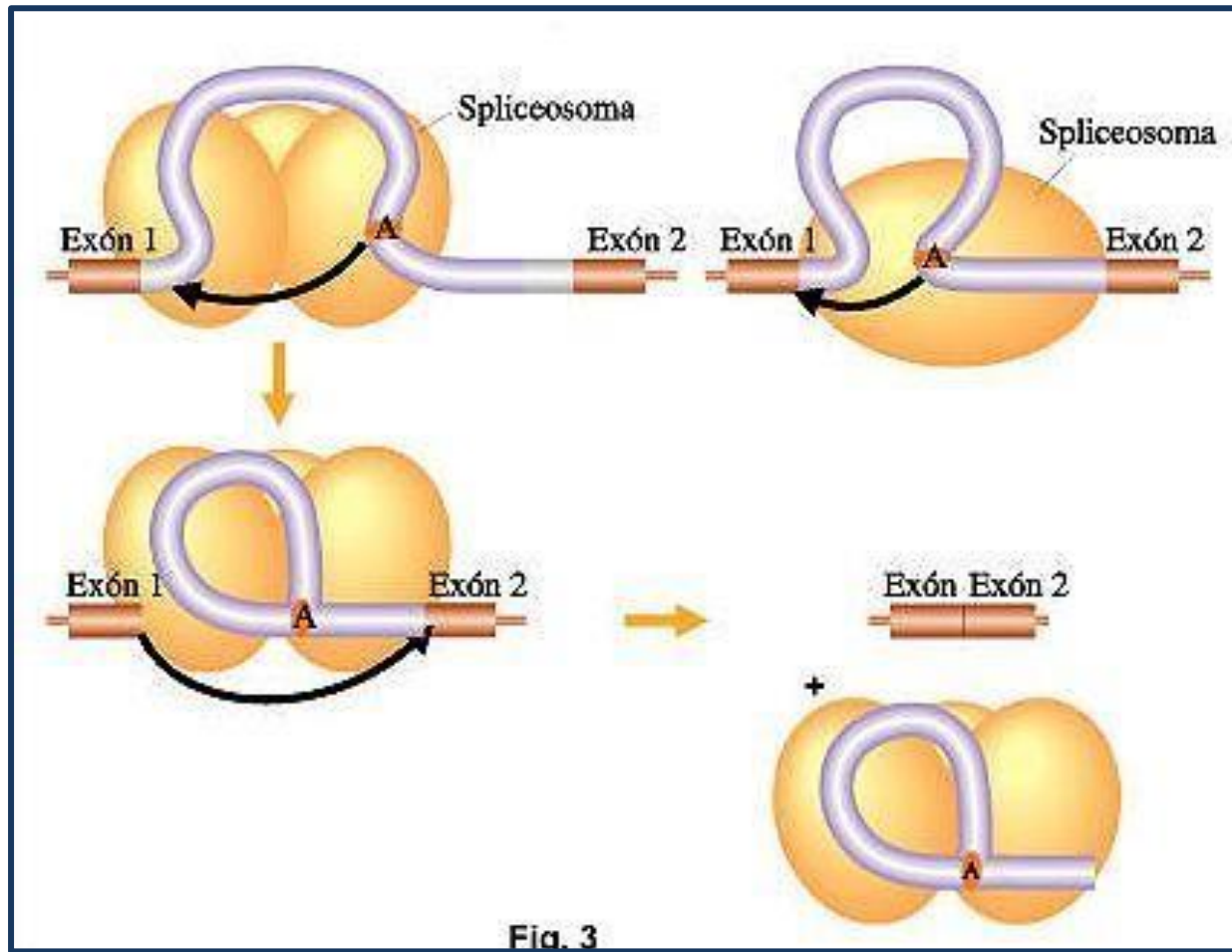
- Evita la degradación de la cadena

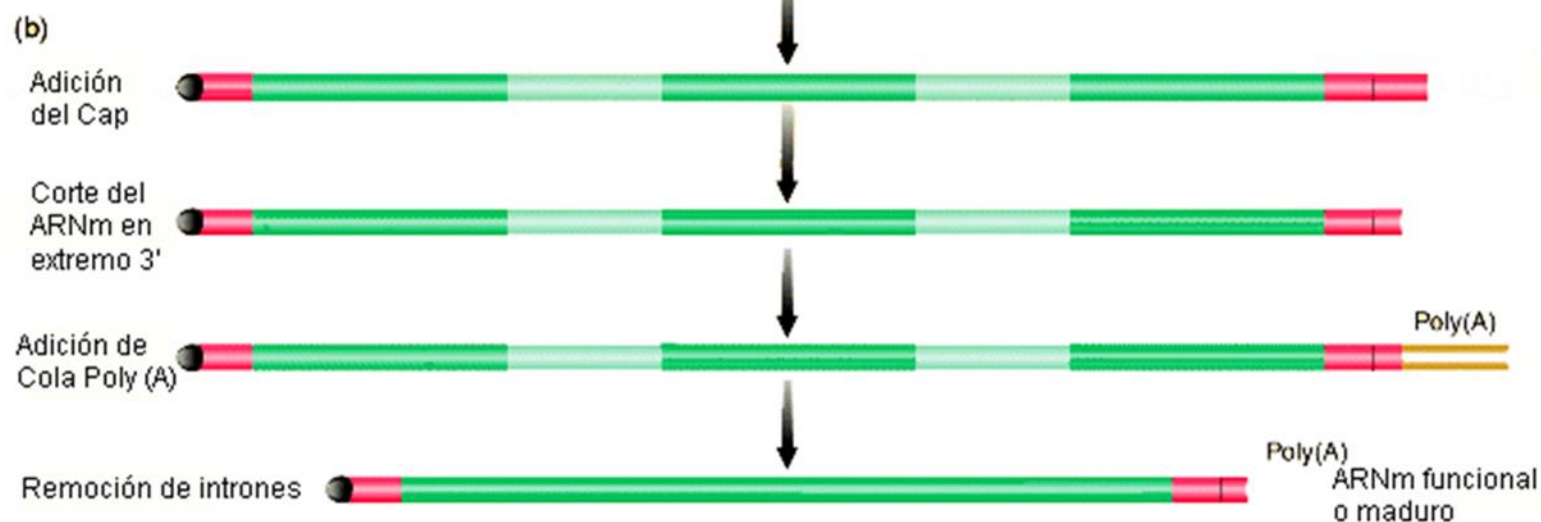
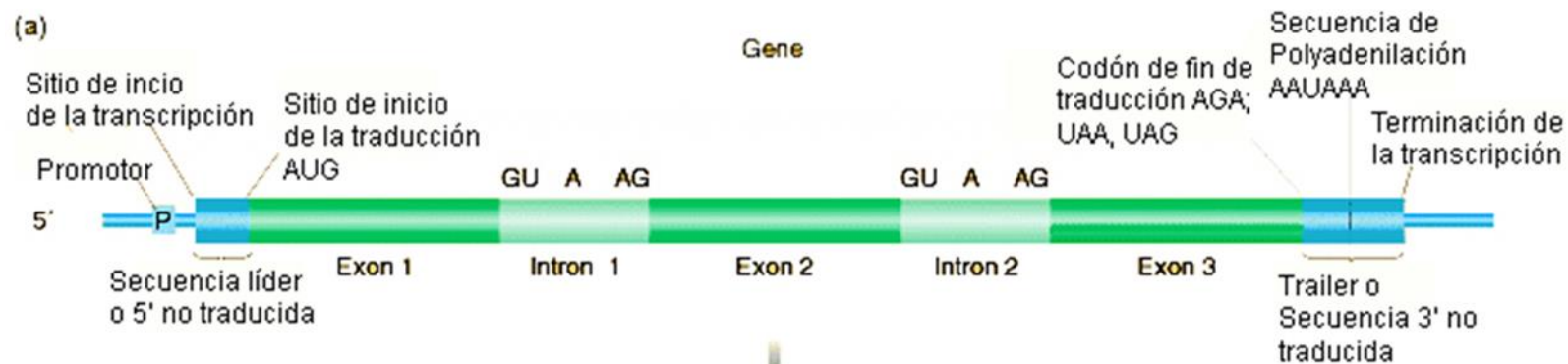
Funciones **CAP**

- Permite la salida del ARNm al citosol
- Protege de la degradación enzimática
- Es reconocible por los ribosomas

MADURACIÓN DEL ARN

CORTE Y EMPALME DEL ARN EN EUKARIOTAS





TRADUCCIÓN DEL ARNm

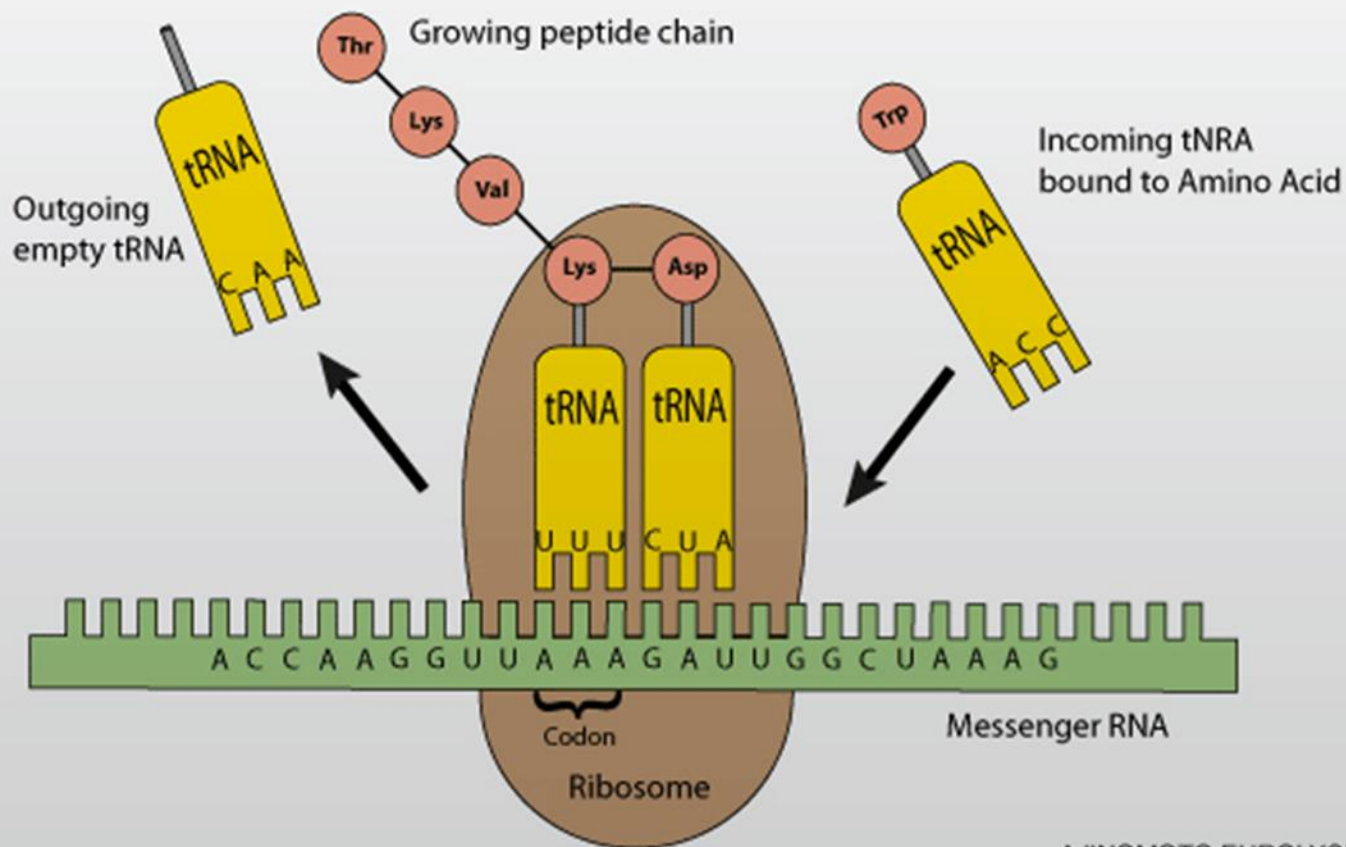
La **traducción** es el proceso por el cual a partir de una molécula de ARNm se sintetiza una proteína.

Durante la traducción los aminoácidos se van incorporando secuencialmente de manera precisa a la cadena polipéptidica en crecimiento de acuerdo con la información contenida en la secuencia de nucleótidos del ARNm.

¿CÓMO SE PASA DE UN “LENGUAJE” DE TRES LETRAS (TRES BASES NITROGENADAS DE ARN) A UN “LENGUAJE” DE 20 LETRAS (20 AMINOÁCIDOS QUE FORMAN LAS PROTEINAS)?



EL CÓDIGO GENÉTICO



EL CÓDIGO GENÉTICO

El **código genético** es el diccionario que permite traducir una secuencia de bases nitrogenadas a una secuencia de aminoácidos. Se basa en que una secuencia de tres bases nitrogenadas codifica un aminoácido.

Cada triplete de bases nitrogenadas que codifican un aminoácido se llama **codón**. De los 64 codones que se pueden formar por las variaciones con repetición de cuatro bases tomadas de tres en tres, **61 codifican aminoácidos y 3 son codones de terminación**

Alanina	Ala	A
Arginina+	Arg	R
Asparagina	Asn	N
Ac. Aspartico	Asp	D
Cisteina	Cys	C
Glutamina	Gln	Q
Ac. glutámico	Glu	E
Glicina	Gly	G
Histidina +	His	H
Isoleucina*	Ile	I

Leucina *	Leu	L
Lisina*	Lys	K
Metionina*	Met	M
Fenilalanina*	Phe	F
Prolina	Pro	P
Serina	Ser	S
Treonina*	Thr	T
Triptofano*	Trp	W
Tirosina	Tyr	Y
Valina*	Val	V

+: Esencial en la niñez
***:Esencial durante toda la vida**

EL CÓDIGO GENÉTICO

		Segunda Base				
		U	C	A	G	
Primera Base	U	UUU } Fenil-alanina UUC } UUA } Leucina UUG }	UCU } Serina UCC } UCA } UCG }	UAU } Tirosina UAC } UAA Stop codon UAG Stop codon	UGU } Cysteine UGC } UGA Stop codon UGG Tryptophan	U C A G
	C	CUU } Leucina CUC } CUA } CUG }	CCU } Prolina CCC } CCA } CCG }	CAU } Histidina CAC } CAA } Glutamina CAG }	CGU } Arginina CGC } CGA } CGG }	U C A G
	A	AUU } Isoleucina AUC } AUA } AUG Metionina start codon	ACU } Treonina ACC } ACA } ACG }	AAU } Asparagina AAC } AAA } Lisina AAG }	AGU } Serina AGC } AGA } Arginina AGG }	U C A G
	G	GUU } Valina GUC } GUA } GUG }	GCU } Alanina GCC } GCA } GCG }	GAU } Ácido Aspártico GAC } GAA } Ácido Glutâmico GAG }	GGU } Glicina GGC } GGA } GGG }	U C A G

CARACTERÍSTICAS DEL CÓDIGO GENÉTICO

- **Es universal:** el *código genético es el mismo para todos los organismos*.
 - Es decir, un codón específico codifica el mismo aminoácido en un eucarionte, en un procarionte y en un virus.
 - Una excepción es el código genético mitocondrial, en el que algunos codones concretos codifican un aminoácido distinto.
- **No es ambiguo.** Cada *codón codifica un único aminoácido*.
- **Es degenerado.** Hay 20 aminoácidos y 61 codones codificantes, es evidente que el código genético tiene redundancia → Esto es, *la mayor parte de los aminoácidos están codificados por más de un codón*.

Los distintos codones que codifican un mismo aminoácido se denominan **codones sinónimos**.
- **Es continuo y no solapado.** En la cadena de ARNm, *los codones se disponen de manera secuencial uno a continuación de otro*, sin espacios ni comas y sin compartir ninguna base.
- Todas las secuencias de ARNm que se van a traducir empiezan con el **codon de inicio AUG**, que codifica para **metionina**.
- Los codones **UAA, UAG y UGA** son **codones de terminación**.

PROCESO DE TRADUCCIÓN

Para que se lleve a cabo la síntesis de polipéptidos se requiere:

- Una **molécula de ARNm**, que contiene la información de la secuencia de aminoácidos.
- Los **20 aminoácidos** que son los componentes de las proteínas.
- Los **ribosomas** que son los orgánulos en los que se realiza el proceso y están constituidos por ARNr y proteínas.
- Los **ARNt**, que transportan los aminoácidos hasta la proteínas.
- Las **enzimas** que catalizan la unión entre aminoácidos.

Cada aminoácido se une a su respectivo ARNt por la acción de una enzima **aminoacil- ARNt-sintetasa**, específica.

Cada ARNt tiene en el lazo anticodón un triplete de bases nitrogenadas complementarias del codón que codifica el aminoácido que porta.

PROCESO DE TRADUCCIÓN

Los ribosomas constan de dos subunidades de distinto tamaño: la subunidad menor y la subunidad mayor.

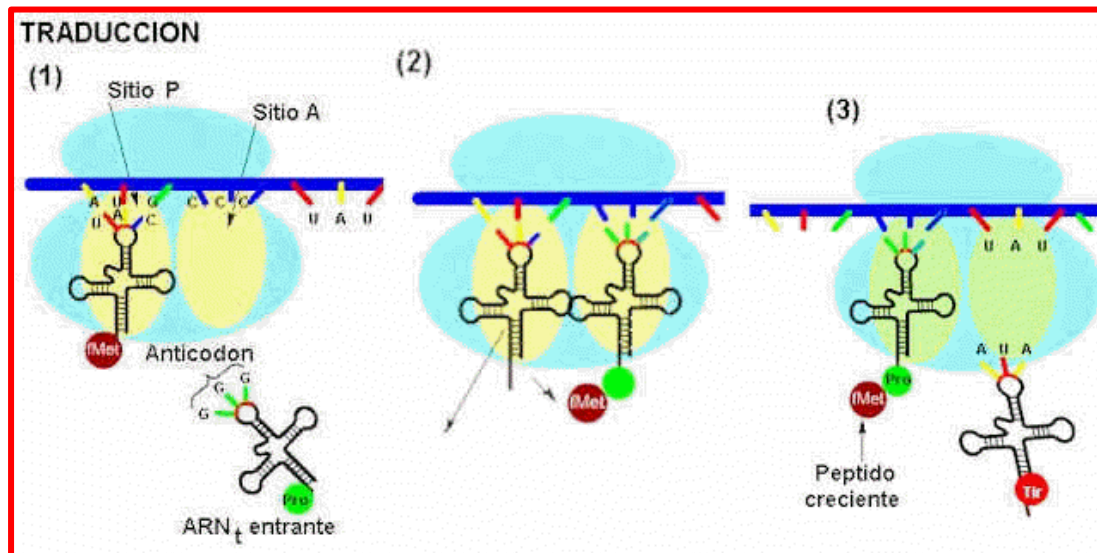
- **Subunidad menor**: tiene un sitio de unión al ARNm

- **Subunidad mayor**: tiene tres sitios de unión a los ARNt

- El **sitio peptidil o sitio P**: donde se sitúa el ARNt que porta la cadena polipeptídica en crecimiento.

- El **sitio aminoacil o sitio A**, donde se sitúa el ARNt que porta el siguiente aminoácido que se va a incorporar a la cadena.

- El **sitio aminoacil o sitio E**, por donde el ARNt abandona el ribosoma.



ARN de transferencia (ARN_t)

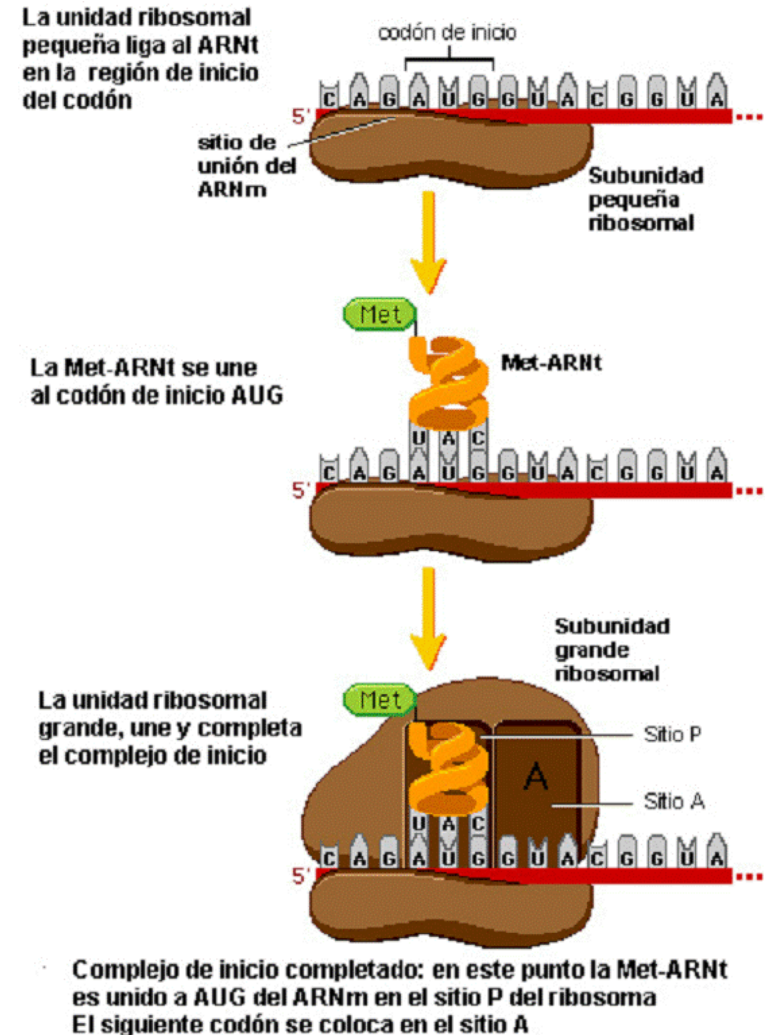
AcademiaVasquez



PROCESO DE TRADUCCIÓN

FASE DE INICIACIÓN

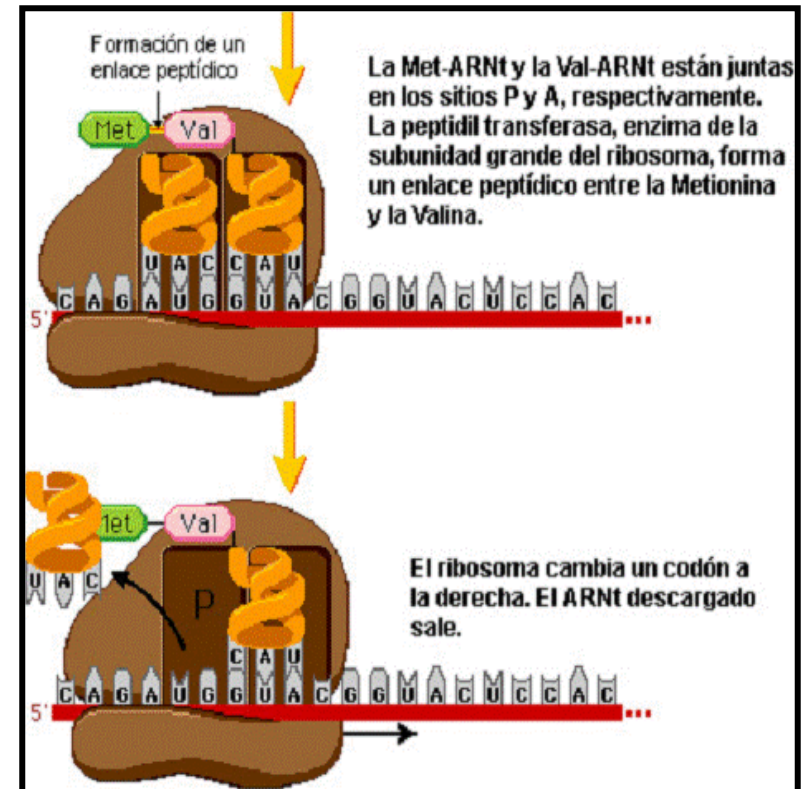
- El proceso se inicia con la unión de la subunidad menor del ribosoma a un ARNm, a la altura de un codón de inicio AUG.
- Un ARNt con un anticodón UAC (complementario del codón AUG) se incorpora al conjunto mediante la formación de puentes de hidrógeno entre las bases del codón-anticodón.
- Este ARNt transporta el aminoácido **MET** (metionina). A este complejo se le denomina **complejo de iniciación**.
- Se incorpora la subunidad grande del ribosoma, de manera que el ARNt-Met se sitúa en el sitio P.



PROCESO DE TRADUCCIÓN

FASE DE ELONGACIÓN

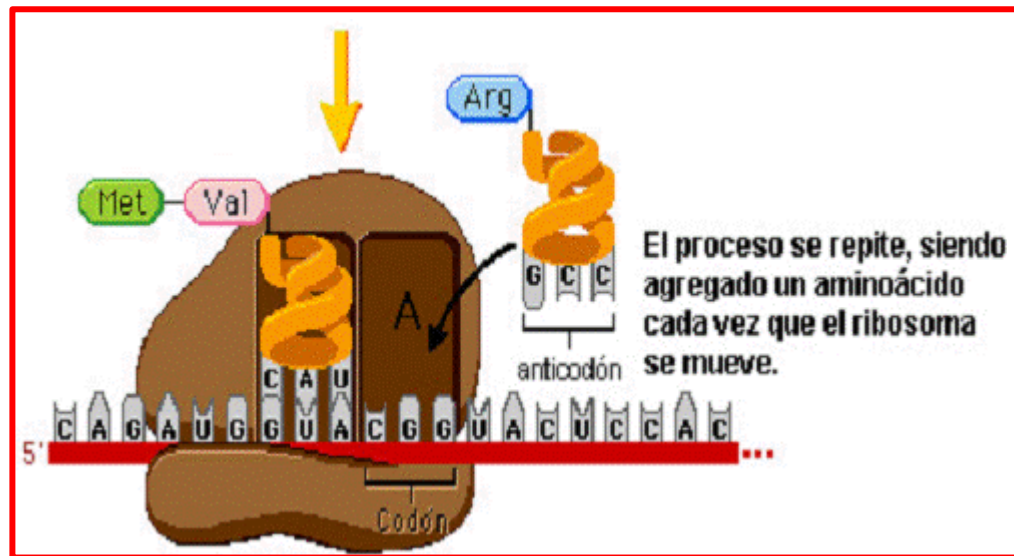
- Comienza con la incorporación en el sitio A de un ARNt que tiene un anticodón complementario al segundo codón del ARNm.
- La enzima peptidil-transferasa cataliza la formación de un enlace peptídico entre la metionina (en el sitio P) y el aminoácido que se encuentra en el sitio A.
- De esta manera, el ARNt del sitio P queda sin aminoácido y el ARNt del sitio A está ahora unido a un dipéptido.
- Una vez formado el enlace peptídico, el ribosoma se desplaza a lo largo de la molécula de ARNm en dirección 5' ----- 3', en un movimiento denominado traslocación.



PROCESO DE TRADUCCIÓN

FASE DE ELONGACIÓN

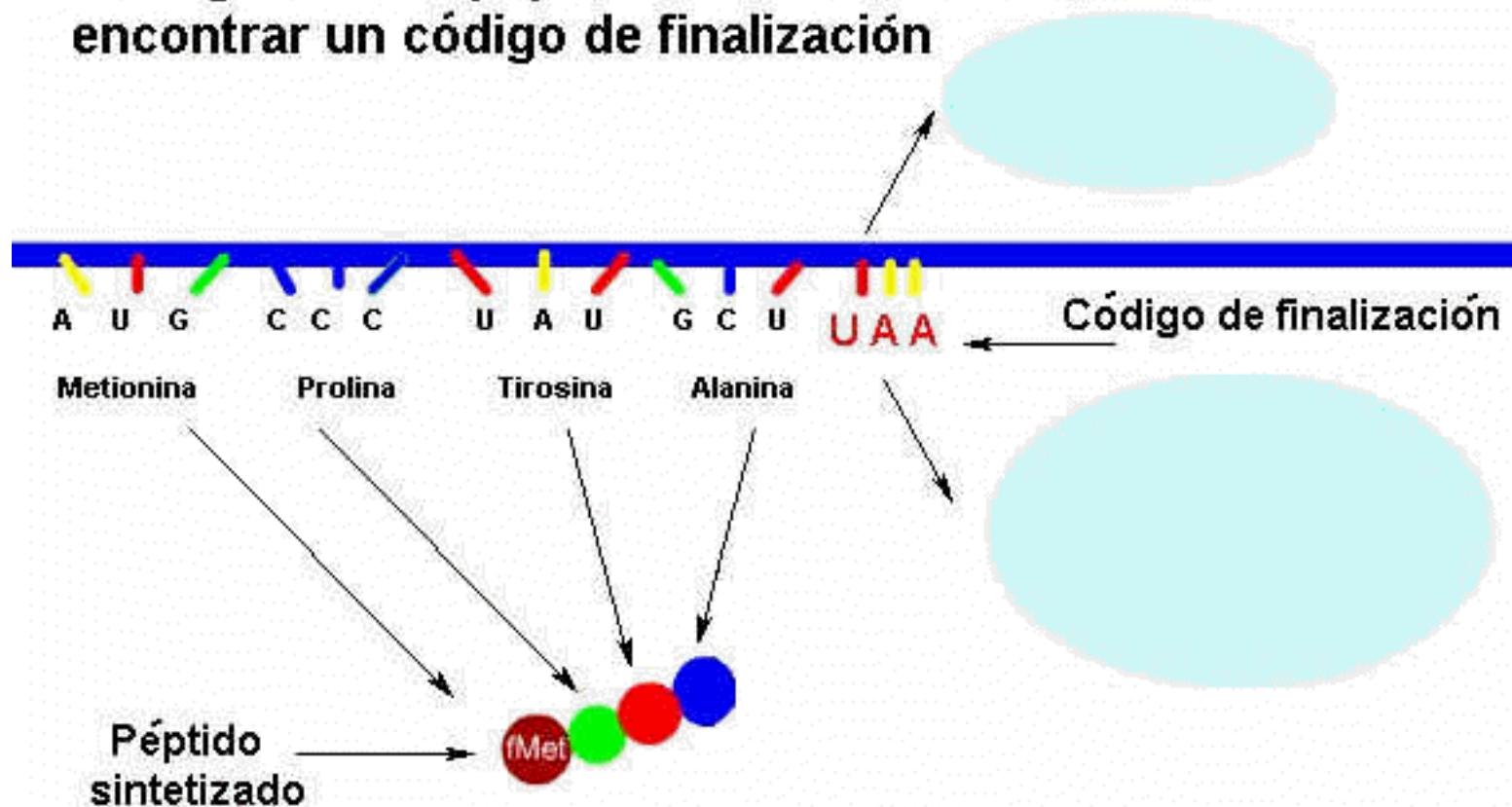
- El primer ARNt, ahora sin aminoácido, se separa del complejo; el ARNt que porta el dipéptido se traslada al sitio P y en el sitio A entra un nuevo aminoacil-ARNT con un anticodón complementario al tercer codón del ARNm.
- Cada vez que se repite este ciclo se incorpora un nuevo aminoácido a la cadena polipeptídica en crecimiento.



PROCESO DE TRADUCCIÓN

FASE DE TERMINACIÓN

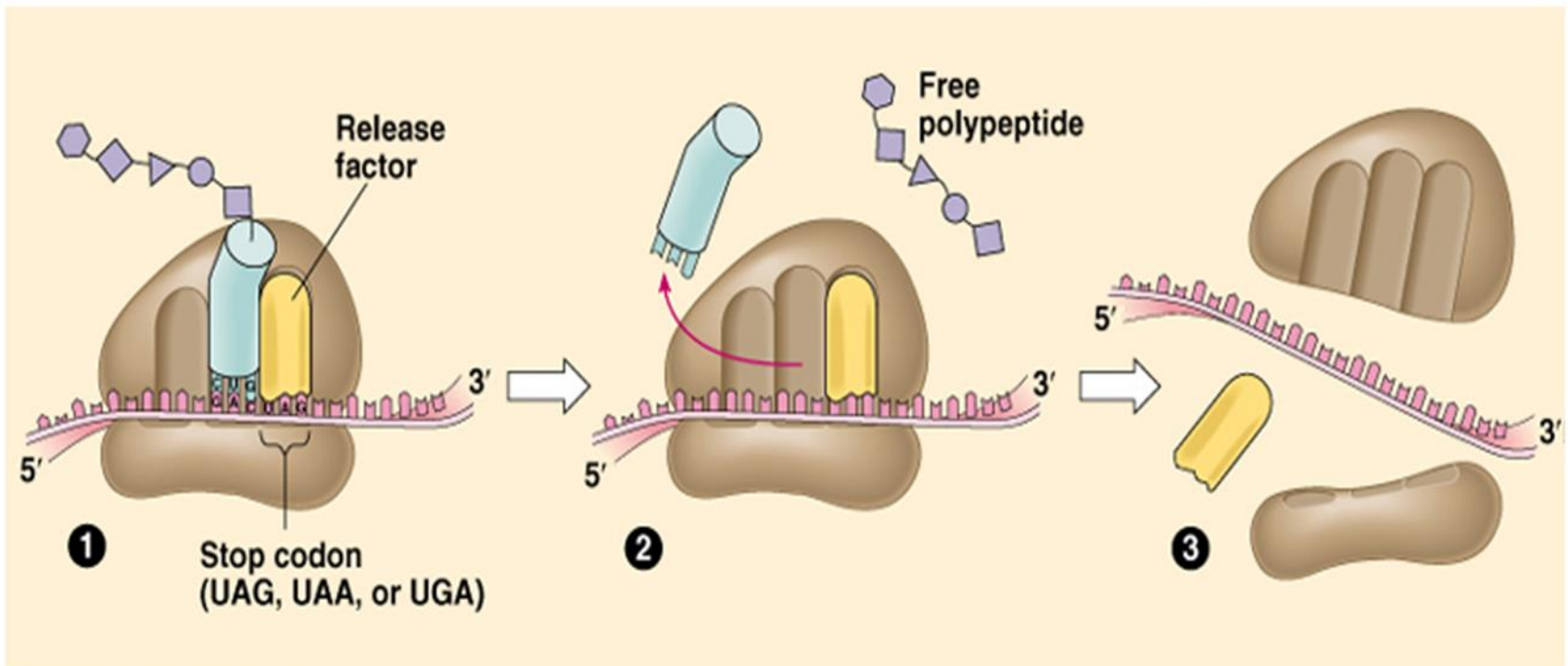
La elongación del péptido continua hasta encontrar un código de finalización



PROCESO DE TRADUCCIÓN

FASE DE TERMINACIÓN

- Se produce cuando el ribosoma alcanza en el ARNm un codón de terminación (UAA, UGA o UAG).
- No existe ningún ARNt que tenga un anticodón complementario de algún codón de terminación.
- Existen los llamados factores de liberación que sí reconocen estas secuencias, se sitúan en el sitio A y hacen que la peptidil-transferasa hidrolize la unión entre la cadena polipeptídica y el ARNt que la porta en el sitio P con lo que dicha cadena se libera del complejo.
- Se disocia todo el complejo: las dos subunidades del ribosoma se separan y los factores de liberación, el ARNm y el ARNt se liberan.



©1999 Addison Wesley Longman, Inc.

<https://youtu.be/bu0FXyRNptg?si=tllbHeVSVFWsO8Bf>

<https://youtu.be/UDOwljO6zZA>