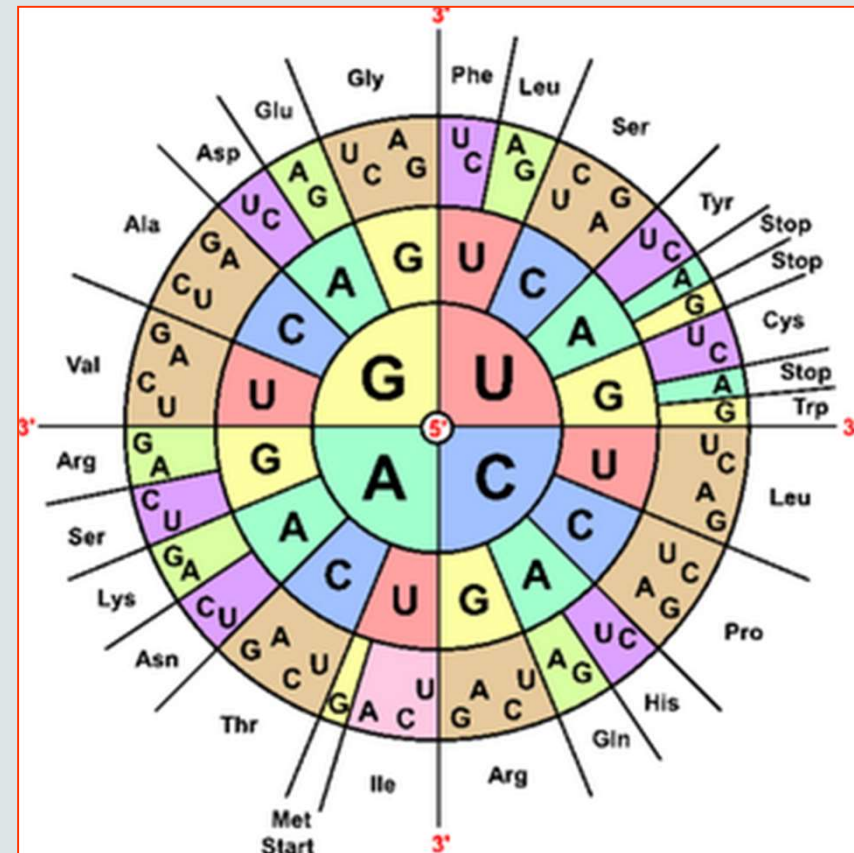


O CÓDIGO XENÉTICO

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



Carmen Cid Manzano

I.E.S. Otero Pedrayo. Ourense. Departamento Bioloxía e Xeoloxía.

Bloque 3. Xenética e evolución		
▪ B3.1. Xenética molecular. Importancia biolóxica do ADN como portador da información xenética. Concepto de xene.	▪ B3.1. Analizar o papel do ADN como portador da información xenética.	▪ BB3.1.1. Describe a estrutura e a composición química do ADN, e recoñece a súa importancia biolóxica como molécula responsable do almacenamento, a conservación e a transmisión da información xenética.
▪ B3.3. ARN: tipos e funcións. ▪ B3.5. Expresión dos xenes. Transcrición e tradución xenéticas en procariotas e eucarióticas. O código xenético na información xenética. ▪ B3.6. Resolución de problemas de xenética molecular.	▪ B3.4. Determinar as características e as funcións dos ARN.	▪ BB3.4.1. Diferencia os tipos de ARN e a función de cada un nos procesos de transcrición e tradución. ▪ BB3.4.2. Recoñece e indica as características fundamentais do código xenético, e aplica ese coñecemento á resolución de problemas de xenética molecular.
▪ B3.5. Expresión dos xenes. Transcrición e tradución xenéticas en procariotas e eucarióticas. O código xenético na información xenética. ▪ B3.6. Resolución de problemas de xenética molecular. ▪ B3.7. Regulación da expresión xénica.	▪ B3.5. Elaborar e interpretar esquemas dos procesos de replicación, transcrición e tradución, e a regulación da expresión xénica.	▪ BB3.5.1. Interpreta e explica esquemas dos procesos de replicación, transcrición e tradución. ▪ BB3.5.2. Resolve exercicios prácticos de replicación, transcrición e tradución, e de aplicación do código xenético. ▪ BB3.5.3. Identifica e distingue os encimas principais relacionados cos procesos de transcrición e tradución.

2021

ORIENTACIÓNS DO GRUPO DE TRABAJO

Bloque 3. Xenética e evolución

- Especificar as características do código xenético, mencionar a existencia dalgunhas excepcións ás mesmas (mitocondrias e ciliados).

Duplicación  **ADN**

Transcripción



ARN_m

Traducción



Proteínas

DESCUBRIMIENTO DO CÓDIGO XENÉTICO

Os científicos buscaban comprender de que xeito o ARN_m podía codificar a secuencia de aminoácidos que forman unha proteína.

Temos que recordar que hai 20 aminoácidos proteicos e o ARN_m ten 4 bases diferentes (A, U, C, G).

**Código
dunha base**

AMINOÁCIDOS	BASE
Aminoácido 1	A
Aminoácido 2	U
Aminoácido 3	C
Aminoácido 4	G
16 Aminoácido restantes	?

Código de dúas bases

AMINOÁCIDOS	BASE
Aminoácido 1	AA
Aminoácido 2	AC
Aminoácido 3	AG
Aminoácido 4	AU
Aminoácido 5	CA
Aminoácido 6	CC
Aminoácido 7	CG
Aminoácido 8	CU
Aminoácido 9	UA
Aminoácido 10	UC
Aminoácido 11	UG
Aminoácido 12	UU
Aminoácido 13	GA
Aminoácido 14	GC
Aminoácido 15	GG
Aminoácido 16	GU
Aminoácido 17	¿
Aminoácido 18	¿
Aminoácido 19	¿
Aminoácido 20	¿

Cantas bases un aminoácido?

$$\text{VR } 4,1 = 4^1 = 4$$

$$\text{VR } 4,2 = 4^2 = 16$$

$$\text{VR } 4,3 = 4^3 = 64$$

http://www.dailymotion.com/video/xgyy4z_el-codigo-practico_school#.UMX1AuTatnM

O DESCIFRADO DO CÓDIGO XENÉTICO:

UN ALARDE DOS 60

Severo Ochoa e Arthur Kornberg: premios Nobel de 1959, polos seus traballos sobre a síntese dos ácidos nucleicos

Holley, Khorana y Nirenberg, premios Nobel de 1968 polos seus traballos sobre o descifrado do código xenético

A asignación dun aminoácido a cada triplete ou o desciframento da clave xenética, levouse a cabo fundamentalmente gracias ó esforzo de tres grupos de investigación, o grupo de **M. Nirenberg**, o grupo de **S. Ochoa** e o equipo de **H. G. Khorana**.



Severo Ochoa



M.Nirenberg



H. G. Khorana



Marshall Nirenberg

Unnumbered 27 p1067
Lehninger Principles of Biochemistry, Fifth Edition
© 2008 W. H. Freeman and Company



H. Gobind Khorana

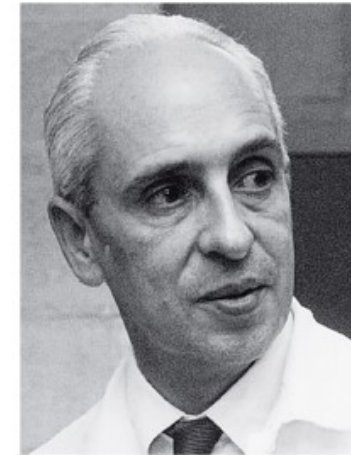
Unnumbered 27 p1068
Lehninger Principles of Biochemistry, Fifth Edition
© 2008 W. H. Freeman and Company



**Robert W. Holley,
1922–1993**

Unnumbered 27 p1080
Lehninger Principles of Biochemistry, Fifth Edition
© 2008 W. H. Freeman and Company

Nobel Prize in Physiology or Medicine **1968** was awarded jointly to Robert W. Holley, Har Gobind Khorana and Marshall W. Nirenberg *"for their interpretation of the genetic code and its function in protein synthesis"*.



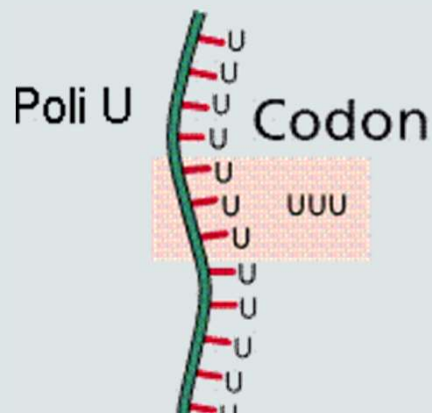
Severo Ochoa, 1905–1993

The Nobel Prize in Physiology or Medicine **1959** was awarded to Severo Ochoa and Arthur Kornberg *"for the mechanisms in the synthesis of ribonucleic acid and deoxyribonucleic acid"*

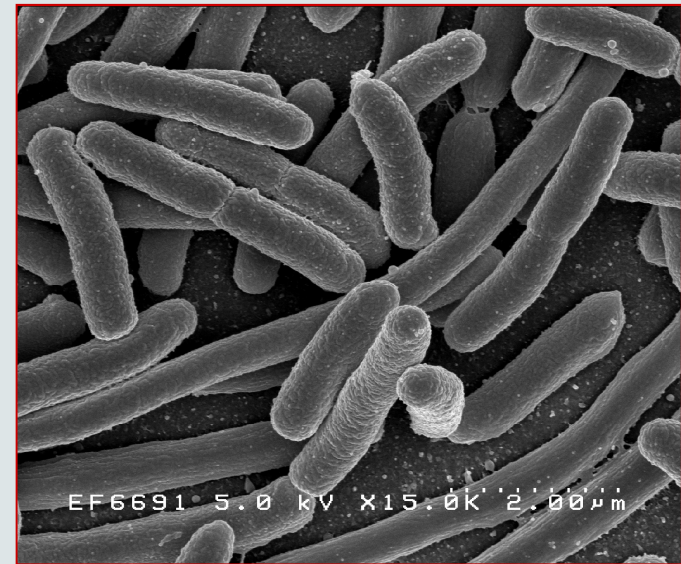
Ochoa descubrió la polinucleótido fosforilasa

O grupo de S. Ochoa (1955) illou unha encima denominada **Polirribonucleótido fosforilasa** que cataliza a síntese de ARN, sen necesidade de ADN molde. Esta encima ía tomando ó azar os ribonucleótidos do medio para orixinar un ARN.

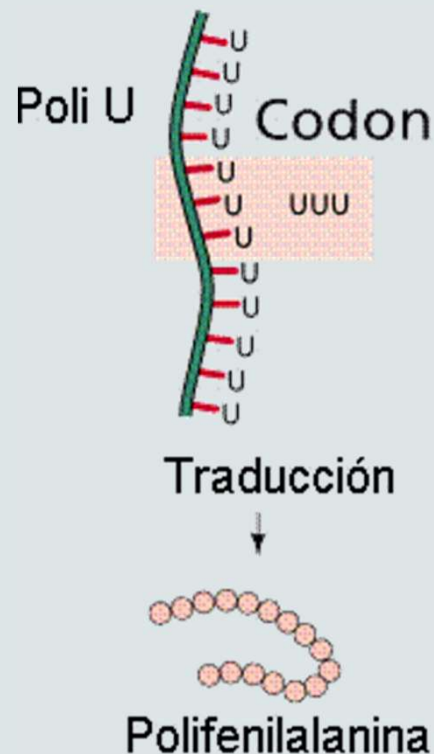
Ochoa desenvolveu un procedemento de laboratorio co que obtivo un ARN ó que chamou **poli U**, pois estaba formado exclusiva por uracilo.



O descifrado do código xenético realizouse fundamentalmente na bacteria *E. coli*

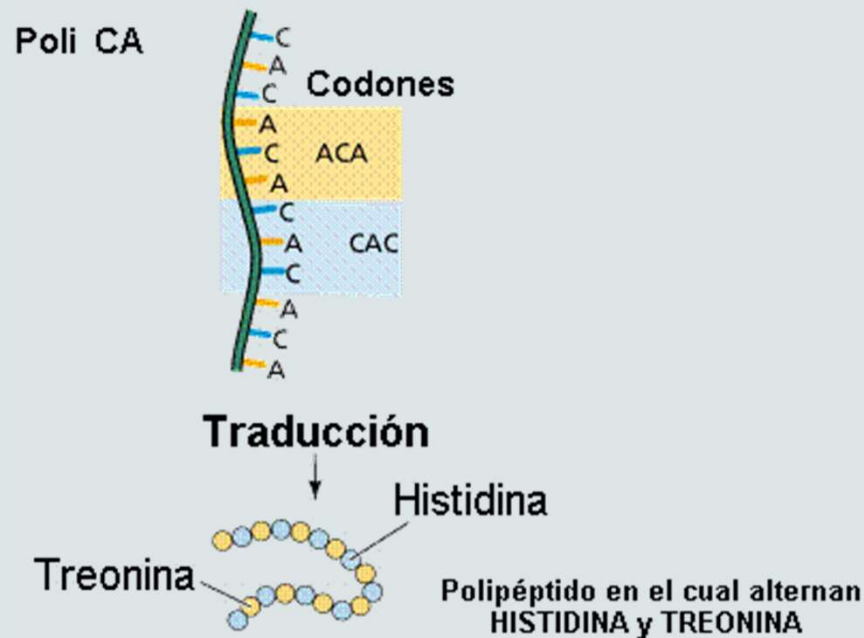


Matthei e Nirenberg (1961) conseguiron sintetizar polipéptidos "*in vitro*". Usando a Polirribonucleótido fosforilasa sintetizaron poli-uridílico (poli-U: UUUUUUUUUUUUUUU...). Cando empregaron este ARN sintético no seu sistema acelular de traducción daba lugar á formación dun polipéptido que só contiña o aminoácido fenilalanina (Poli-fenilalanina: phe-phe-phe-phe-..). Polo tanto, o triplete UUU codificaba para fenilalanina (phe).



O ARN Poli C (Poli-citidílico: CCCCCCCCCC....) daba lugar a un polipéptido que contiña só prolina (Poli-prolina: pro-pro-pro-pro-pro-...), por tanto, o codón CCC significaba prolina (pro).

Co Poli-adenílico (Poli-A: AAAAAAAAAA....) observouse que o polipéptido que aparecía só tiña o aminoácido lisina (Poli-lisina: lys-lys-lys-lys-....). Polo tanto o triplete AAA codificaba para o aminoácido lisina (lys).



O descifrado do código xenético é un exemplo do progreso da ciencia e da colaboración de distintos grupos de investigación.

O CÓDIGO XENÉTICO DE 3 BASES

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

O CÓDIGO XENÉTICO é a chave que estabelece a correspondencia entre tres bases nitroxenadas de ARNm (CODONS) con cada un dos 20 aminoácidos que forman as proteínas.

Existen 64 posibles codóns diferentes e hai 20 aminoácidos

Hai codóns que codifican o mesmo aminoácido

Codón de iniciación AUG

Codóns de terminación:

UGA (ámbar)

UAG (ópalo)

UAA (ocre)

CARACTERÍSTICAS DO CÓDIGO XENÉTICO

- É **universal**, pois o utilizan case todos os seres vivos coñecidos. Só existen algunhas excepcións concretamente nas mitocondrias e algúns protozoos.
- Non é **ambiguo**, pois cada triplete ten o seu propio significado, cada triplete codifica un só aminoácido
- Non presenta imperfección**, ningún codón codifica máis dun aminoácido.
- Todos **os tripletes teñen sentido**, todos teñen unha función, ben codifican un aminoácido ou ben indican terminación de lectura.
- É **dexenerado**, pois hai varios tripletes para un mesmo aminoácido, é dicir hai codóns sinónimos.

La lectura del ARNm

- Carece de solapamento**, é dicir os tripletes non comparten bases nitroxenadas.
- **Non presenta signos de puntuación**, non hai espazos en branco entre os tripletes.
- É **unidireccional**, pois os tripletes se len no sentido 5'-3'.

Codón	Uso habitual	Uso alternativo	Casos en los que se produce el uso alternativo
AGA AGG	Arg	Detención, Ser	Algunas mitocondrias de animales, algunos protozoos
AUA	Ile	Met	Mitocondrias
CGG	Arg	Trp	Mitocondrias de las plantas
CUU CUC CUA CUG	Leu	Thr	Mitocondrias de las levaduras
AUU GUG UUG	Ile Val Leu	Inicio (fMet)	Algunos procariotas ^a
UAA UAG	Detención	Glu	Algunos protozoos
UGA	Detención	Trp Selenocisteína	Mitocondrias, micoplasmas <i>E. coli</i> ^a

Un investigador da Universidade de Vigo descobre un novo código xenético de artrópodos, o maior grupo animal

Hasta ahora se creía que dentro de un grupo funcionaba el mismo código. David Posada, del área de Genética de la Universidad, es uno de los directores del proyecto, en el que también han participado otros tres expertos.

Desde la formulación del código genético universal en los 50 se han ido descubriendo excepciones y variantes a lo largo de los años, pero nunca dentro de un grupo tan numeroso como el de los artrópodos, al que pertenecen el 80% de las especies animales conocidas. Los responsables de este hallazgo son un grupo de cuatro investigadores dirigidos por David Posada, de la Universidade de Vigo, y Rafael Zardoya, del Museo Nacional de Ciencias Naturales. Los otros dos expertos son Federico Abascal y Robin Knight, de la Universidad de Colorado.

El código genético es "el lenguaje que se utiliza para traducir la información de los genes en información proteica" y hasta ahora no se habían encontrado excepciones dentro de un grupo de animales tan grande como el de los artrópodos, que incluye a insectos, arácnidos, crustáceos y miriápodos, entre otros. "Se creía que dentro del mismo grupo funcionaba el mismo código, pero nosotros hemos descubierto que éste sí cambia y que es mucho más flexible de lo que pensábamos. Es algo sorprendente y por eso el estudio ha resultado tan novedoso" comenta

Existen dos hipótesis para explicar estas mutaciones. Una es que estén relacionadas con la propia adaptación de las especies a su medio y la segunda las atribuye al azar. Para realizar este proyecto de bioinformática se analizaron 626 genomas mitocondriales y casi todos los cálculos se realizaron en el “clúster” de trece procesadores con que cuenta el Área de Genética de la Facultad de Ciencias, donde Posada trabaja como investigador del Programa Ramón y Cajal desde que regresó de EE UU en 2003. El objetivo original era estudiar el cambio de genomas en animales vertebrados e invertebrados. “Pero nos encontramos con esto”, añade.

“Un descubrimiento así sólo se podía hacer ahora porque disponemos de un volumen y unas bases de datos que hace diez años no existían y porque contamos con los instrumentos tecnológicos y la potencia necesarios para hacer los cálculos”, explica el biólogo vigués.

En cuanto a sus aplicaciones, Posada destaca su aporte al estudio de la evolución y a comprender mejor ciertas enfermedades mitocondriales. “El intentar entender de dónde venimos tiene algo filosófico”, apunta.

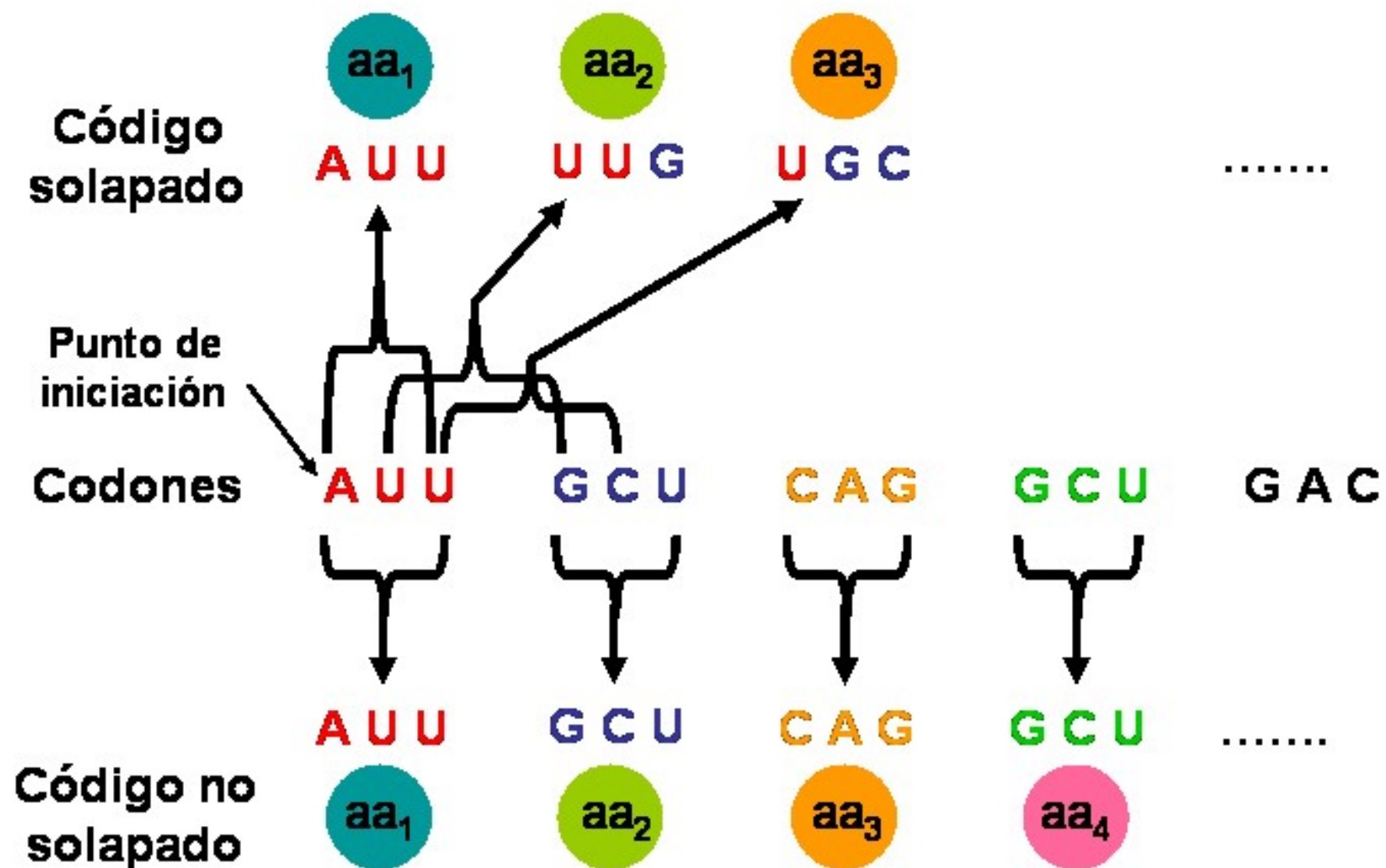
El estudio ya ha sido publicado en la revista PLOS Biology, “la número uno” en este campo. “Pertenece además a una nueva tendencia en las publicaciones científicas: son de carácter gratuito y en lugar de tener que suscribirte para poder leer los artículos, son los propios científicos los que pagan por publicarlos y qué éstos puedan estar a disposición de los interesados. Se trata de llevar la ciencia a todo el mundo”.

Fonte: Faro de Vigo (09/06/2006)

<http://corredoiras.bugalicia.org/?p=1552>

Post na categoría divulgación científica.

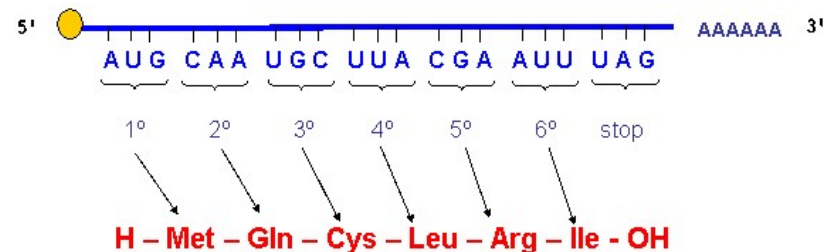
Por CBUG – 9 de Junio de 2006



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

Fonte:
http://web.educastur.princast.es/proyectos/biogeo_ov/

Ejemplo de codificación de un péptido con seis aminoácidos.



Consulta a página de autoavaliación:

http://www.educa.madrid.org/web/cc.nsdelasabiduria.madrid/Ejercicios/2b/Biologia/Genetica/codigo_genetico.htm