Colegio de
San Francisco de Paula

Tema 2. Ácido nucleicos

2.3 Traducción[DP/PAU]

Germán Tenorio
Biología NS-Diploma BI

International Baccalaureate

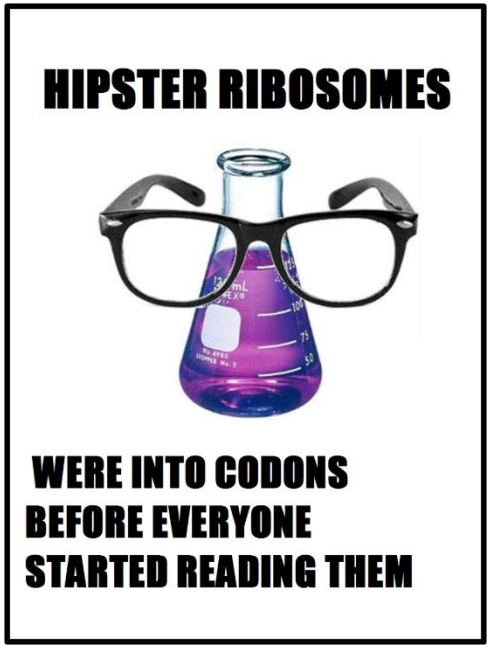


IMAGEN: sciencejokesdaily.com

Idea Fundamental: La información transferida del ADN al ARNm se traduce en una secuencia de aminoácidos.

Programación DP/PAU

7.3 Traducción

Naturaleza de las ciencias:

El progreso en la informática trae consigo el progreso en la investigación científica: el uso de computadores ha permitido a los científicos avanzar en el campo de las aplicaciones bioinformáticas, como por ejemplo en la localización de genes dentro de los genomas o la identificación de secuencias conservadas. (3.7)

Comprensión:

- La iniciación de la traducción implica la agregación de los componentes que llevan a cabo el proceso.
- La síntesis del polipéptido implica un ciclo repetitivo de eventos.
- Tras concluir la traducción se produce la disgregación de los componentes.
- Los ribosomas libres sintetizan proteínas principalmente para su uso en el interior de la célula.
- Los ribosomas ligados sintetizan proteínas fundamentalmente para su secreción o para su uso en lisosomas.
- La traducción puede producirse inmediatamente tras la transcripción en procariotas, debido a la ausencia de una membrana nuclear.
- La traducción es la síntesis de polipéptidos en los ribosomas.
- La secuencia de aminoácidos de los polipéptidos está determinada por el ARNm de acuerdo con el código genético.
- Los codones de tres base en el ARNm se corresponden con un aminoácido en un polipéptido.
- La traducción depende del apareamiento de bases complementarias entre los codones en el ARNm y los anticodones en el ARNt.

Aplicaciones y habilidades:

- Aplicación: Producción de insulina humana en bacterias como un ejemplo de la universalidad del código genético, lo cual permite la transferencia de genes entre especies.
- Habilidad: Uso de una tabla del código genético para deducir la correspondencia entre codones y aminoácidos.
- Habilidad: Uso de una tabla de codones de ARNm y sus aminoácidos correspondientes para deducir la secuencia de aminoácidos codificados por una cadena corta de ARNm de una secuencia de bases conocida.
- Aplicación: Las enzimas activadoras del ARNt ilustran la especificidad enzima-sustrato y la función de la fosforilación.
- Habilidad: Identificación de polisomas en micrografías electrónicas de procariotas y eucariotas.
- Habilidad: Uso de software de visualización molecular para analizar la estructura de los ribosomas eucarióticos y una molécula de ARNt.

Traducción DP/PAU

- Se necesitan dos procesos para la síntesis de proteínas, la transcripción, y en segundo lugar, la traducción.
- Se puede definir la **traducción como la síntesis de polipeptidos en los ribosomas**.
- El polipéptido sintetizado tiene una determinada secuencia de aminoácidos que viene determinada por la secuencia de ribonucleótidos en el ARNm, la cual a su vez está determinada por la secuencia de nucleótidos en el gen que codifica para dicha proteína.

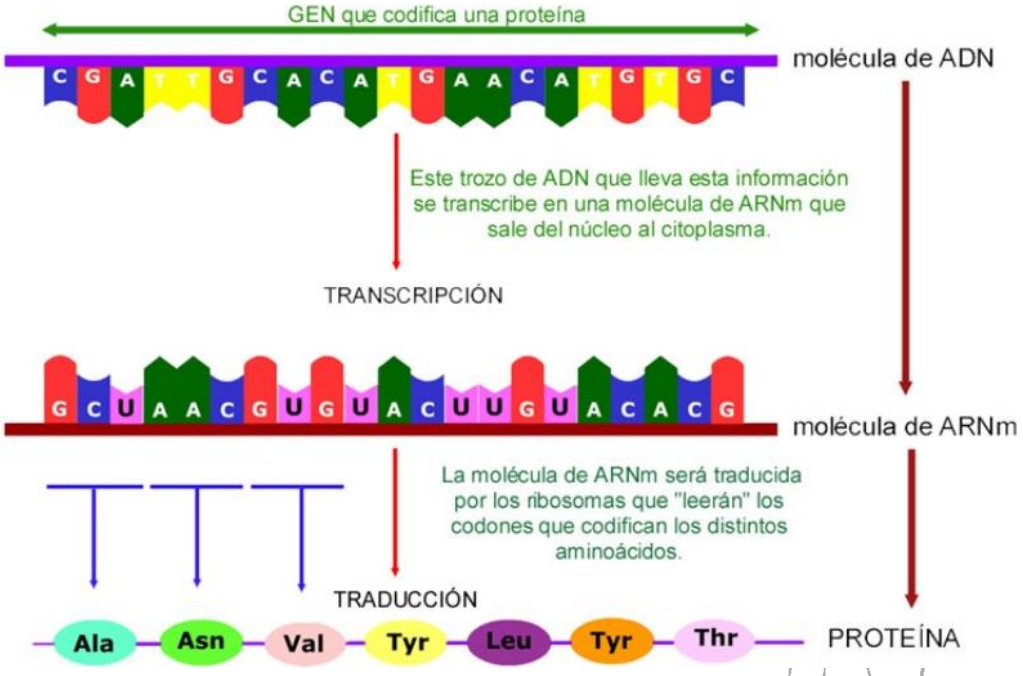


IMAGEN: lamalledesvt.chispasdesal.es

- **La secuencia de aminoácidos de los polipéptidos está determinada por el ARNm de acuerdo con el código genético**.

El código genético[DP/PAU]

- El **codigo genético** es la relación existente entre la secuencia de bases del ARNm y la secuencia de aminoácidos que constituye una proteína.
- El código genético es la clave que permite la **traducción** del mensaje genético a su forma funcional, las proteínas.
- Como sólo hay 4 bases nitrogenadas, mientras que hay 20 aminoácidos, ¿cuál es la correspondencia entre ambos?

1 base = 1 Aa, entonces sólo se producen 4 Aa distintos

2 bases = 1 Aa, entonces 4^2 = 16 Aa distintos

3 bases = 1 Aa, entonces 4^3 = 64 Aa distintos (más que suficientes)

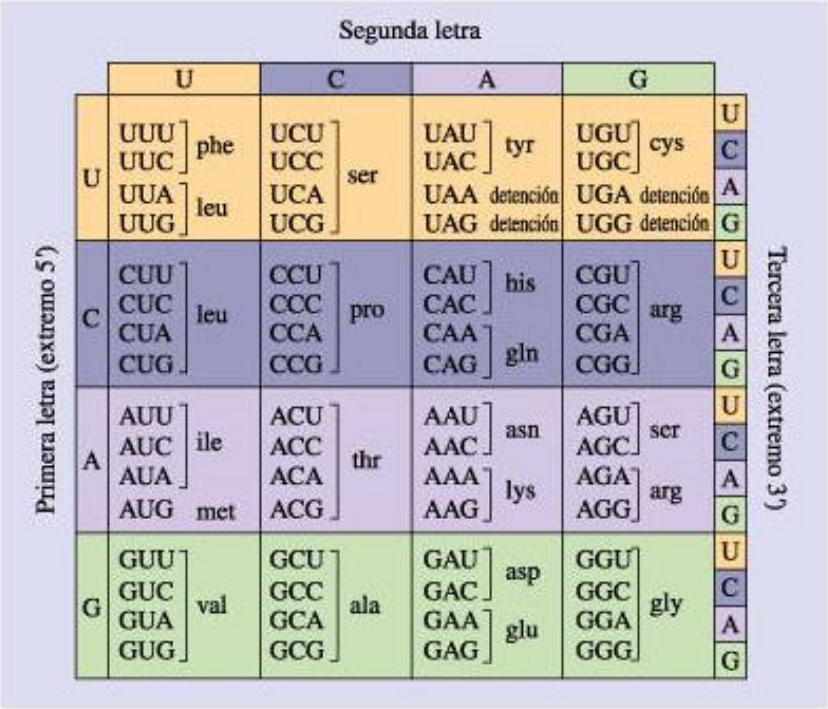
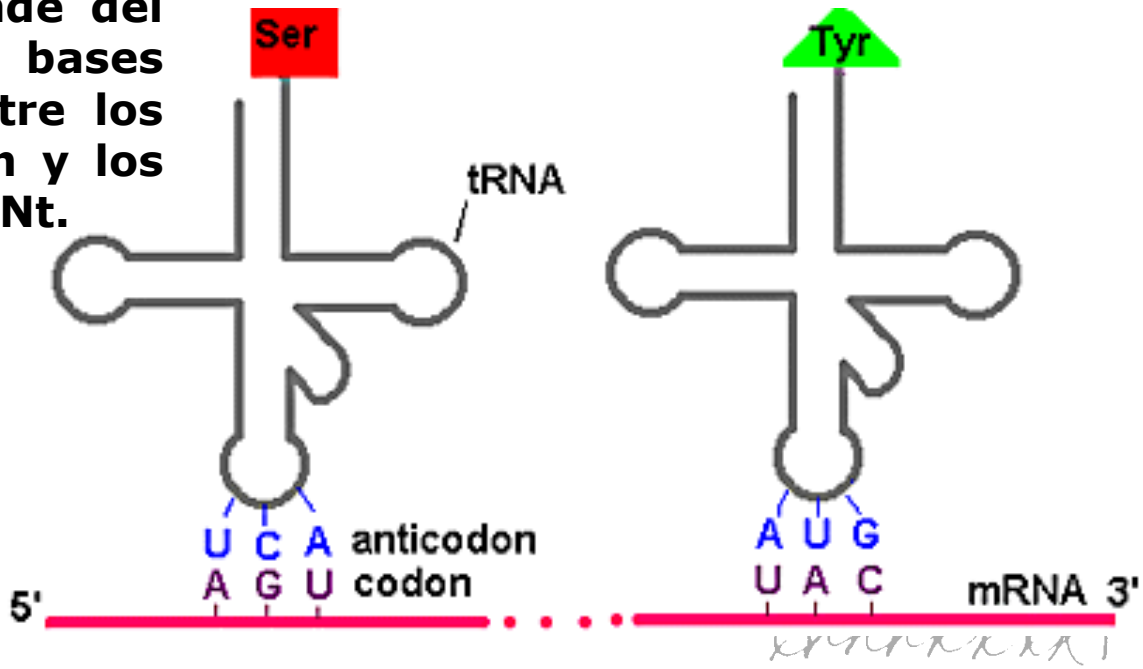


IMAGEN: anaisabelromerasanchez.blogspot.com

El código genético[DP/PAU]

- Cada **triplete** de bases en el ARNm que codifica a un determinado aminoácido se denomina **codón**.
- Los codones de tres bases en el ARNm se corresponden con un aminoácido en un polipeptido.
- Cada codón se aparerá durante la síntesis de proteínas con tres bases complementarias del ARNt denominadas **anticodón**.
- **La traducción depende del apareamiento de bases complementarias entre los codones en el ARNm y los anticodones en el ARNt.**



Video1

Características del código genético[DP/PAU]

1. Universal. Es el mismo código para todas las células de todas las especies (incluso virus). Este hecho, constituye una prueba más a favor del origen de todos los seres vivos a partir de un ancestro común. Se han descubierto algunas excepciones en mitocondrias, algunos protistas ciliados y micoplasmas.

```
gorila
humano      GTGCCCATCCAAAAAGTCCAAGATGACACCAAAACCCTCATCAAGACAATTGTCACCAGG
chimpancé   GTGCCCATCCAAAAAGTCCAGGATGACACCAAAACCCTCATCAAGACAATTGTCACCAGG

humano      ATCAATGACATTTCACACACGCAGTCAGTCTCCTCCAAACAGAAAGTCACCGGTTTGGAC
chimpancé   ATCAATGACATTTCACACACGCAGTCAGTCTCCTCCAAACAGAAGGTCACCGGTTTGGAC
gorila

gorila
humano      TTCATTCCTGGGCTCCACCCTATCCTGACCTTATCCAAGATGGACCAGACACTGGCAGTC
chimpancé   TTCATTCCTGGGCTCCACCCTATCCTGACCTTATCCAAGATGGACCAGACACTGGCAGTC

humano      TACCAACAGATCCTCACCAGTATGCCTTCCAGAAACCTGATCCAAATATCCAACGACCTG
chimpancé   TACCAACAGATCCTCACCAGTATGCCTTCCAGAAACTTGATCCAAATATCCAACGACCTG
gorila

humano      GAGAACCTCCGGGACCTTCTTCAGGTGCTGGCCTTCTCTAAGAGCTGCCACTTGCCCTGG
chimpancé   GAGAACCTCCGGGACCTTCTTCAGGTGCTGGCCTTCTCTAAGAGCTGCCACTTGCCCTGG
gorila
```

IMAGEN: ayudahispano-3000.blogspot.com

APLICACIÓN: Producción de insulina[DP/PAU]

- Las personas diabéticas tipo I se caracterizan por ser incapaces de producir insulina por el páncreas. La insulina es una hormona implicada en la absorción de glucosa por las células. Es una proteína formada por dos cadenas, una de 21 aminoácidos y otra de 30, unidas por fuentes disulfuro.
- La diabetes puede tratarse con inyecciones de insulina, la cual ha sido tradicionalmente de origen porcino o bovino, dado que la insulina humana solo difiere en uno y tres aminoácidos, respectivamente, por lo que ambas pueden unirse a los receptores de insulina humanos.

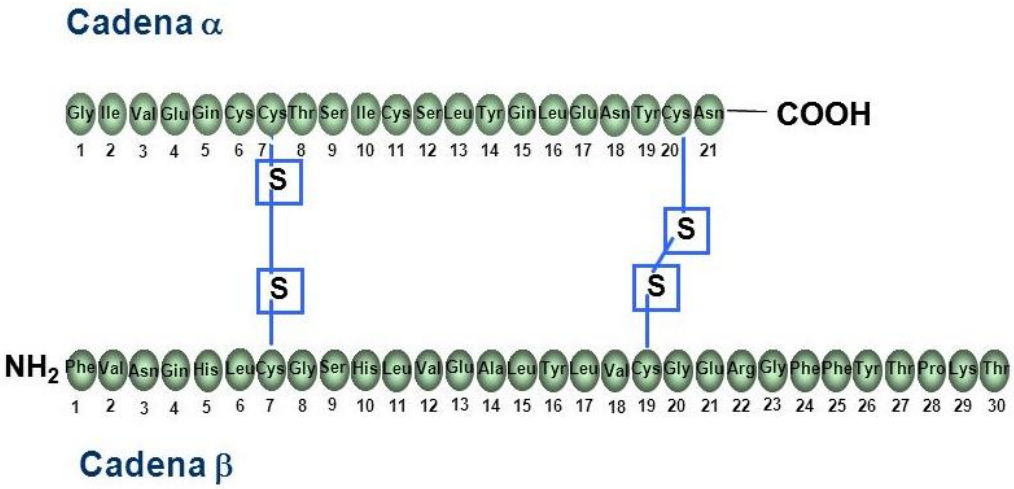


IMAGEN: http://argantoniointegrado.blogspot.com.es

- Sin embargo, esta insulina de origen animal ha causado reacciones alérgicas en algunas personas, por lo que es preferible usar la humana.

APLICACIÓN: Producción de insulina[DP/PAU]

- La insulina humana llegó a estar comercialmente disponible por primera vez en 1982, usando una cepa de *E. coli* modificada genéticamente, al intriducirle un plásmido conteniendo secuencia génica para la producción de insulina humana.
- La insulina humana recombinante fue elaborada originalmente mediante la expresión, por separado, de los dos genes que codifican para las cadenas A y B que forman esta hormona.
- Cada uno de los genes codificantes para cada cadena fueron sintetizados y ligados a un vector de expresión para que pudieran ser correctamente transcritos y traducidos en forma de una proteína de fusión con la enzima beta-galactosidasa.

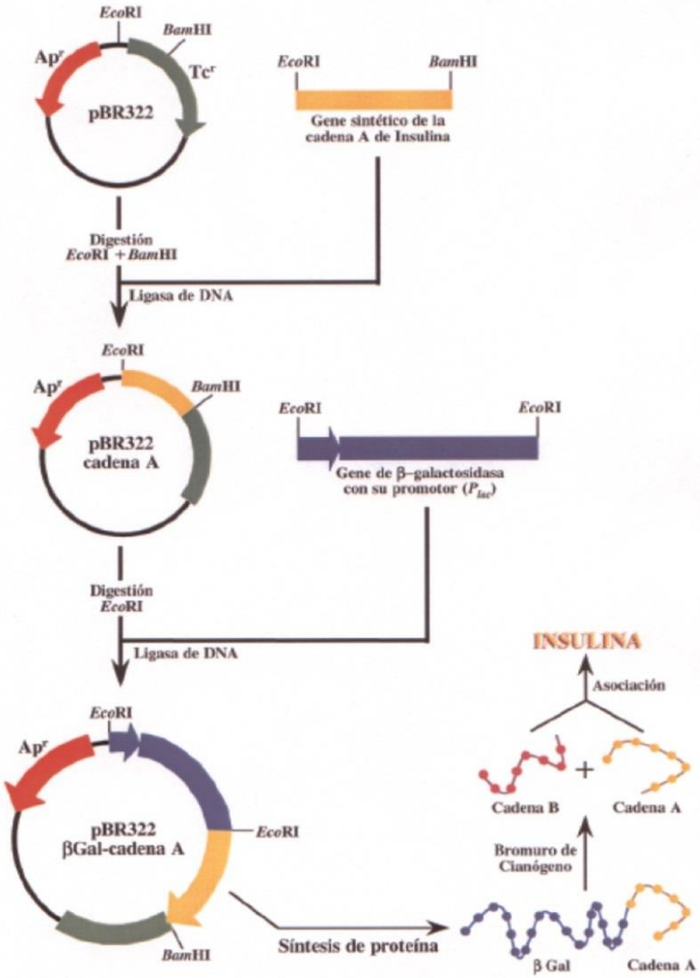
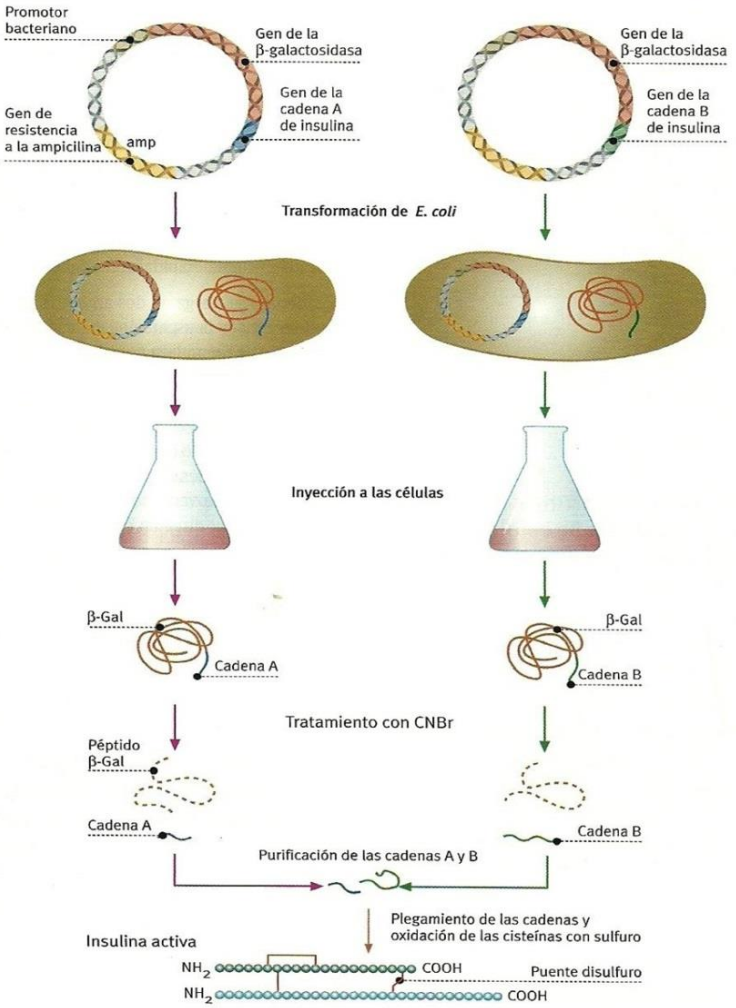


IMAGEN: apuntesbiologiamol.blogspot.com

APLICACIÓN: Producción de insulina[DP/PAU]

- El vector de expresión fue introducido en *E. coli*, y la proteína híbrida beta-gal-cadena A o B de insulina se sintetizó y se acumuló en el citoplasma de las bacterias productoras.
- Las células se cosecharon y cada una de las proteínas de fusión se purificó por separado. El tratamiento con bromuro de cianógeno permitió liberar a cada cadena de la insulina de la beta-galactosidasa.
- Posteriormente, las cadenas A y B se unen químicamente para producir insulina activa.

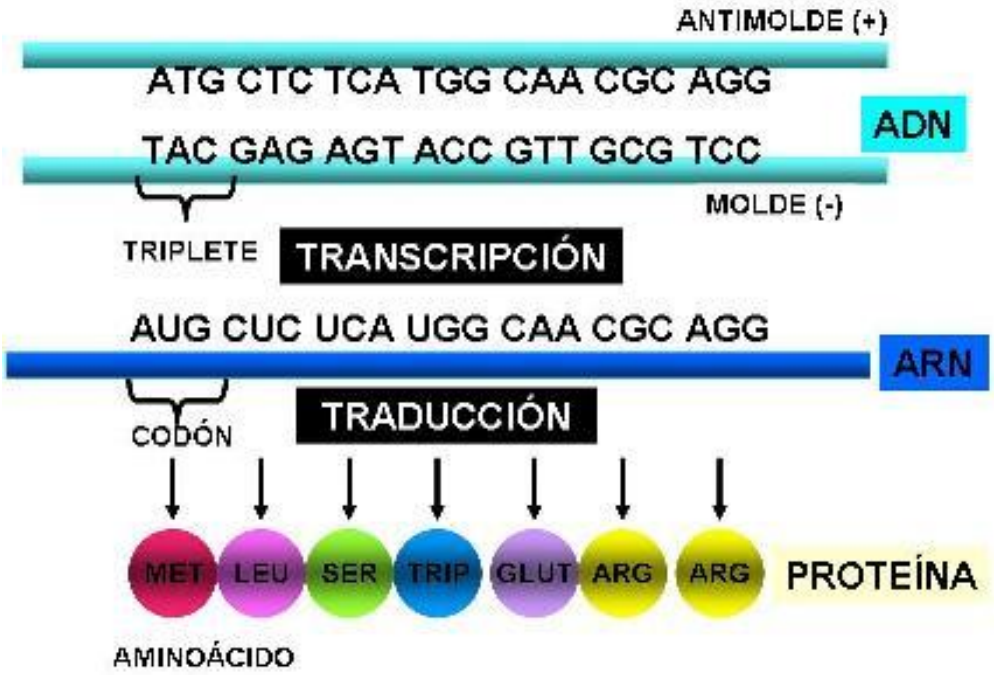


Animación1

IMAGEN: apuntesbiologiamol.blogspot.com

APLICACIÓN: Producción de insulina[DP/PAU]

- Cuando se transfieren genes entre distintas especies, la secuencia de aminoácidos de los polipéptidos traducida a partir de dichos genes no varia dado que el **código genético es universal**.
- Todos los seres vivos, salvo alguna excepción, poseen el mismo código genético, posibilitando que la secuencia de bases (gen) pueda ser transferida de un organismo a otro sin que cambie su función.
- **La producción de insulina humana en bacterias es un ejemplo de la universalidad del código genético, dado que permite la transferencia de genes entre especies.**

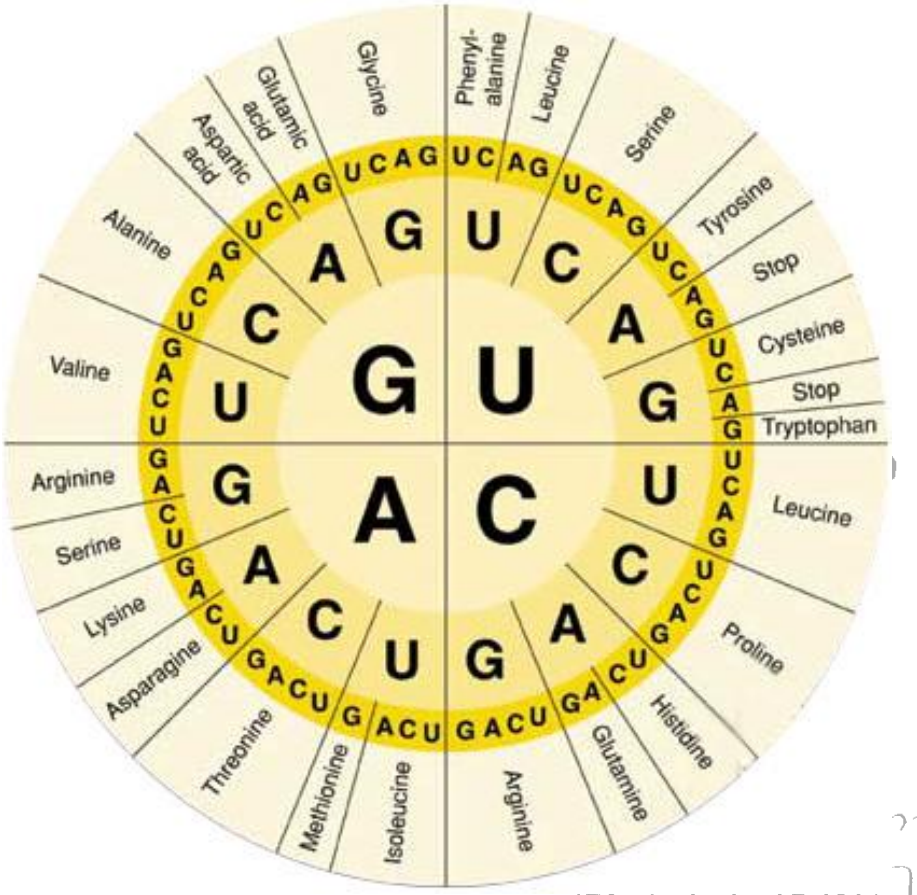


Características del código genético DP/PAU

2. Degenerado. No existe el mismo número de codones (64 tripletes posibles) que de aminoácidos (20 posibles). Esto significa que salvo la metionina y el triptófano, codificados por un sólo triplete, el resto de Aa está codificado por más de uno.

-Aa con 2 ó más posibles tripletes, sólo difieren en la última letra.

- Esto reduce 1/3 el efecto de posibles mutaciones, ya que sólo si ocurre en las dos primeras bases tendrá efecto.



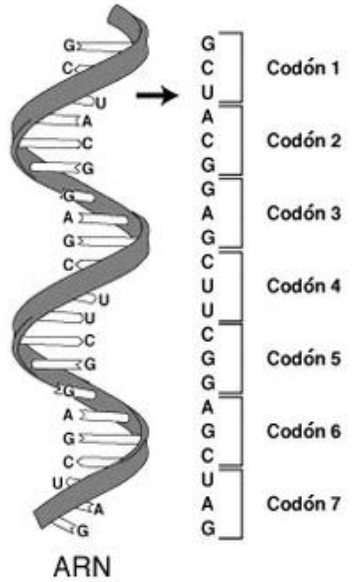
Características del código genético DP/PAU

3. Carece de solapamiento. Los codones se disponen de manera lineal y continua, sin espacios entre ellos y sin compartir bases nitrogenadas.

4. No hay ambigüedad. Ningún triplete codifica para más de un aminoácido, es decir, cada codón solo codifica para un aminoácido.

2.» letra

1.» letra	U		C		A		G		3.» letra
U	UUU	Fen	UCU	Ser	UAU	Tir	UGU	Cis	U
	UUC	Fen	UCC	Ser	UAC	Tir	UGC	Cis	C
	UUA	Leu	UCA	Ser	UAA	Stop	UGA	Stop	A
	UUG	Leu	UCG	Ser	UAG	Stop	UGG	Trp	G
C	CUU	Leu	CCU	Pro	CAU	His	CGU	Arg	U
	CUC	Leu	CCC	Pro	CAC	His	CGC	Arg	C
	CUA	Leu	CCA	Pro	CAA	Gln	CGA	Arg	A
	CUG	Leu	CCG	Pro	CAG	Gln	CGG	Arg	G
A	AUU	Ile	ACU	Tre	AAU	Asn	AGU	Ser	U
	AUC	Ile	ACC	Tre	AAC	Asn	AGC	Ser	C
	AUA	Ile	ACA	Tre	AAA	Lis	AGA	Arg	A
	AUG	Met	ACG	Tre	AAG	Lis	AGG	Arg	G
G	GUU	Val	GCU	Ala	GAU	Asp	GGU	Gli	U
	GUC	Val	GCC	Ala	GAC	Asp	GGC	Gli	C
	GUA	Val	GCA	Ala	GAA	Glu	GGA	Gli	A
	GUG	Val	GCG	Ala	GAG	Glu	GGG	Gli	G



Ácido ribonucleico

5. Inicio y fin de mensaje. El triplete AUG (metionina) indica el comienzo de la traducción, mientras que 3 posibles triplestes (UAA, UAG, y UGA) indican su final.

HABILIDAD: Uso del código genético[DP/PAU]

- Dada la siguiente secuencia de ARN mensajero:

5'.....GAGCGUGGGACUAGCUUUUAUGUC.....3'

a) Indique la secuencia de ADN bicatenario que sirvió de molde para este ARN mensajero, indicando cuál de las cadenas es sentido y cuál antisentido.

b) ¿Cuáles serán los anticodones de los ARN transferentes correspondientes?

c) Escriba la secuencia de aminoácidos que se puede originar.

d) Si la secuencia anterior pertenece a un polipéptido de 350 aa, ¿cuántos ribonucleótidos tendrá el fragmento completo de ARNm?

2ª posición del codón

1ª posición del codón	U	C	A	G	3ª posición del codón
U	Phe Phe Leu Leu	Ser Ser Ser Ser	Tyr Tyr STOP STOP	Cys Cys STOP Trp	U C A G
C	Leu Leu Leu Leu	Pro Pro Pro Pro	His His Gln Gln	Arg Arg Arg Arg	U C A G
A	Ile Ile Ile Met	Thr Thr Thr Thr	Asn Asn Lys Lys	Ser Ser Arg Arg	U C A G
G	Val Val Val Val	Ala Ala Ala Ala	Asp Asp Glu Glu	Gly Gly Gly Gly	U C A G

Traducción DP/PAU

- Consta de 3 etapas: inicio, elongación y terminación.

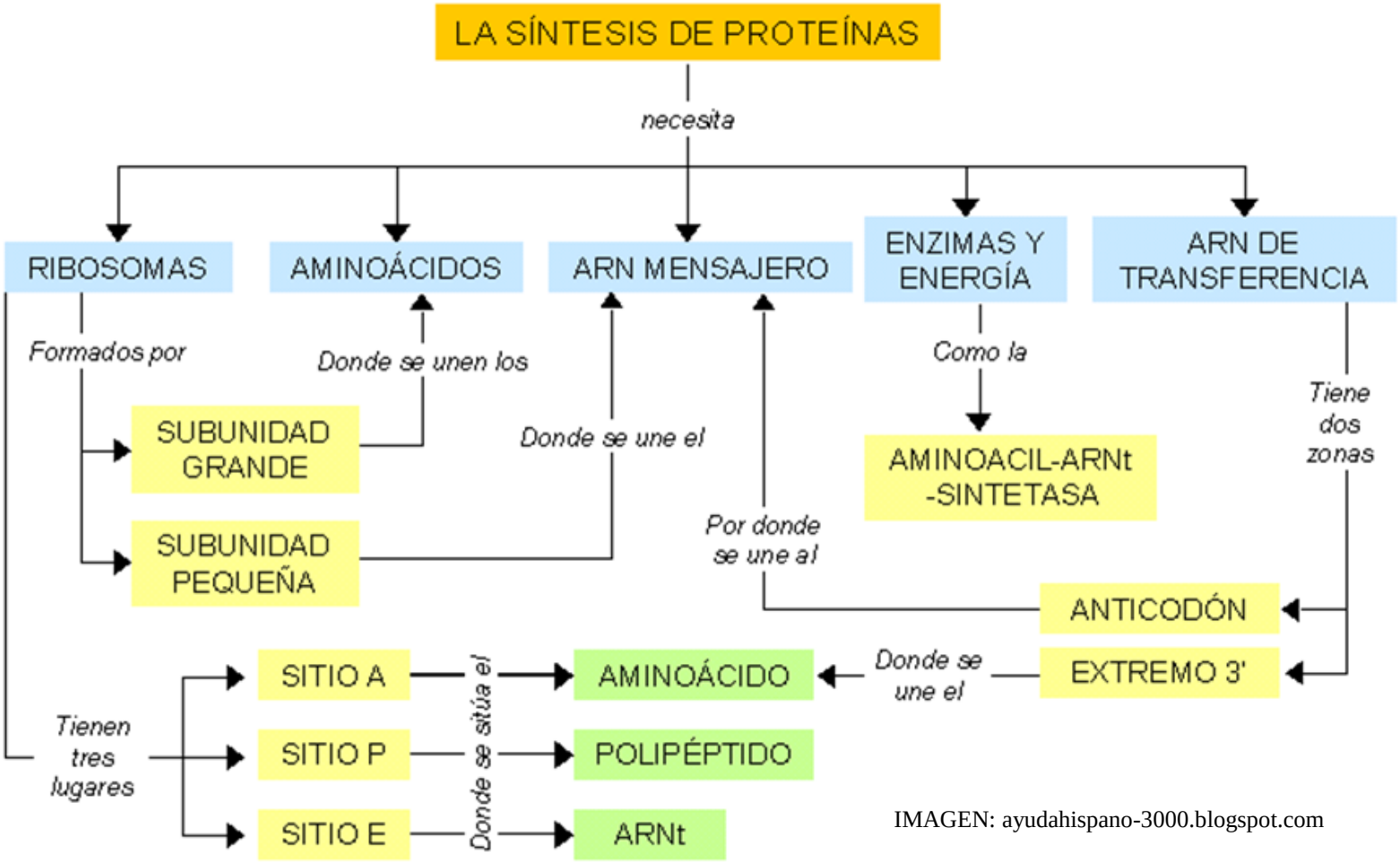
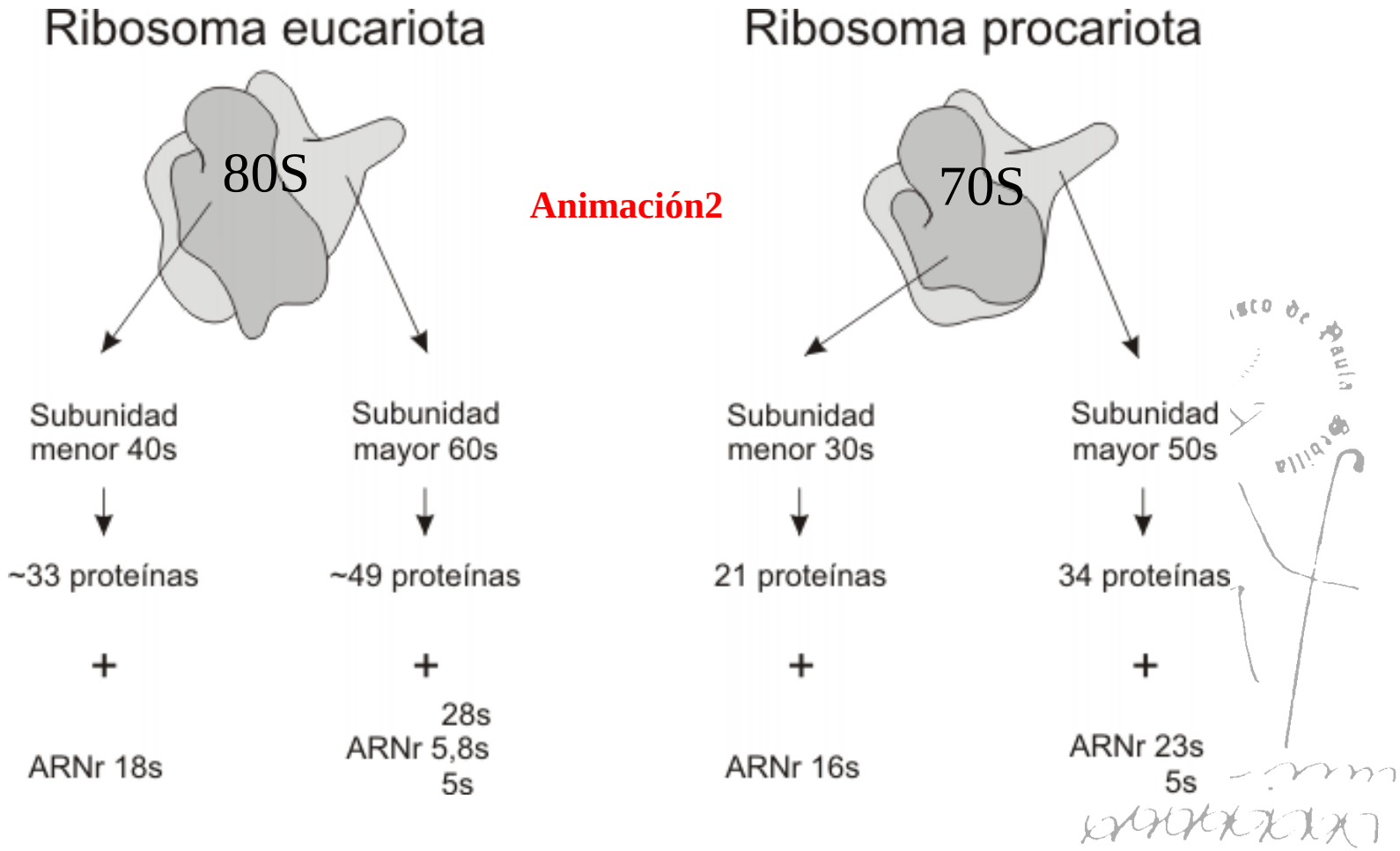


IMAGEN: ayudahispano-3000.blogspot.com

Traducción en procariotas: Estructura del ribosoma DP/PAU

- La **composición** de los ribosomas consta de proteínas y ARNr, y su **estructura** de dos subunidades, una mayor y otra menor.



Traducción en procariotas: Estructura del ribosoma DP/PAU

- Los ribosomas poseen **tres sitios de unión al ARNt en su subunidad mayor**, pudiendo estar dos ARNt unidos a la vez al ribosoma: El **sitio aminoacil (A)**, donde se forman los enlaces peptídicos durante la traducción, el **sitio peptidil (P)** donde se va colocando el ARNt que lleva al péptido en formación, y el **sitio de salida (E)** de los ARNt.
- Los ribosomas presentan un **sitio de unión al ARNm en su subunidad menor**.

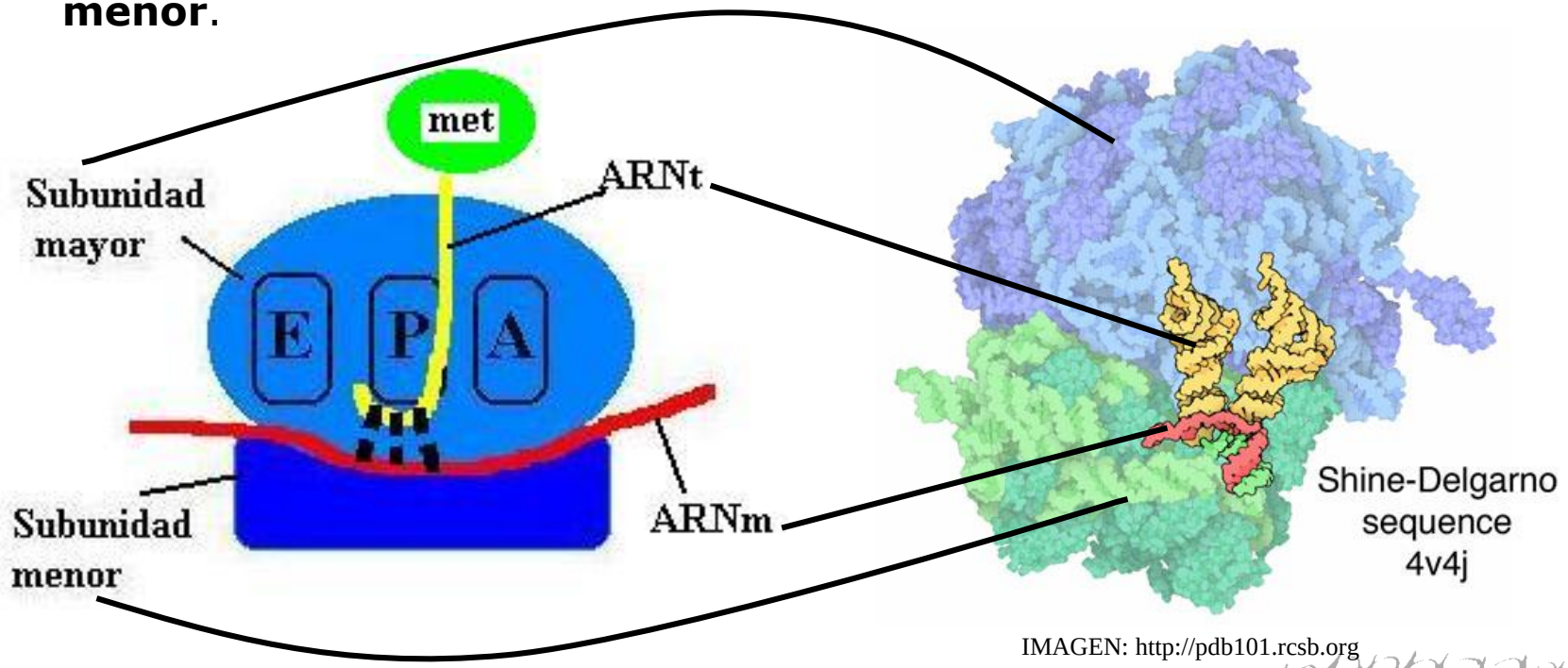


IMAGEN: http://pdb101.rcsb.org

Traducción en procariotas: Papel del ARNt[DP/PAU]

- La composición de un Aa y la de un codón de ARNm no tienen ningún parecido.
- Se necesita por tanto una molécula que por un lado lleve el Aa al ribosoma, y que por otro lado, reconozca a los codones del ARNm, es decir, moléculas que "hablen" los dos idiomas.
- **Todos los ARNt tienen las siguientes caracerísticas**:

  - Presentan regiones de doble cadena, debido al apareamiento de bases complementarias, que les proporciona una estructura en forma de trébol donde se distinguen brazos.

  - En su extremo 3', presenta las bases CCA sin aparear, y es por este **brazo acceptor** por donde los ARNt llevan al Aa.

  - En el extremo opouesto, en su **brazo anticodón**, llevan las tres bases complementarias al codón del ARNm.

  - Presentan otros dos brazos, uno para unirse al ribosoma (el T) y otro a la enzima activadora que les une el Aa (el D).

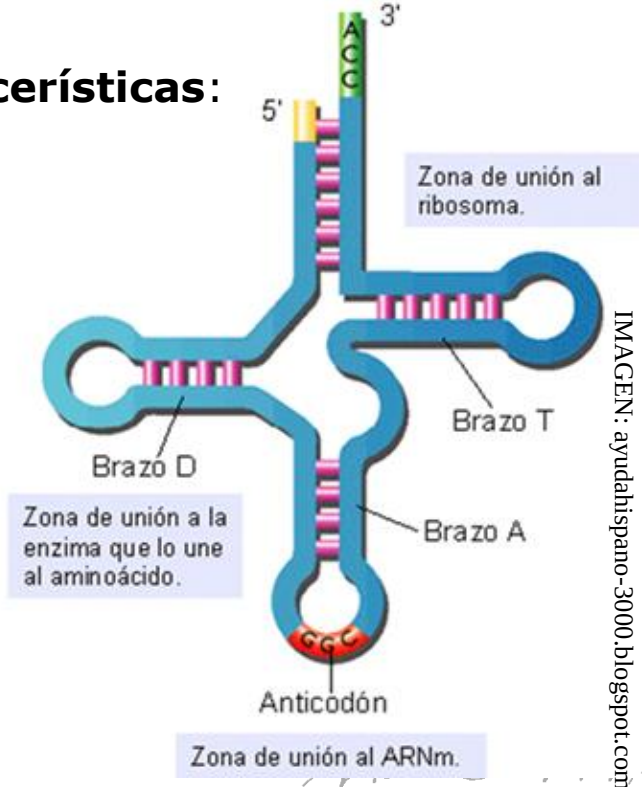


IMAGEN: ayudahispano-3000.blogspot.com

Animación3

Traducción en procariotas: Papel del ARNt[DP/PAU]

- La complementariedad entre el codón y el anticodón solo es estricta en lo que se refiere a las dos primeras bases del anticodón (leídas en sentido 3´→ 5´) mientras que puede haber cierta relajación respecto a la tercera base del anticodón.
- Se llama **balanceo** el apareamiento defectuoso de la tercera base del anticodón y es la causa de la degeneración del código.

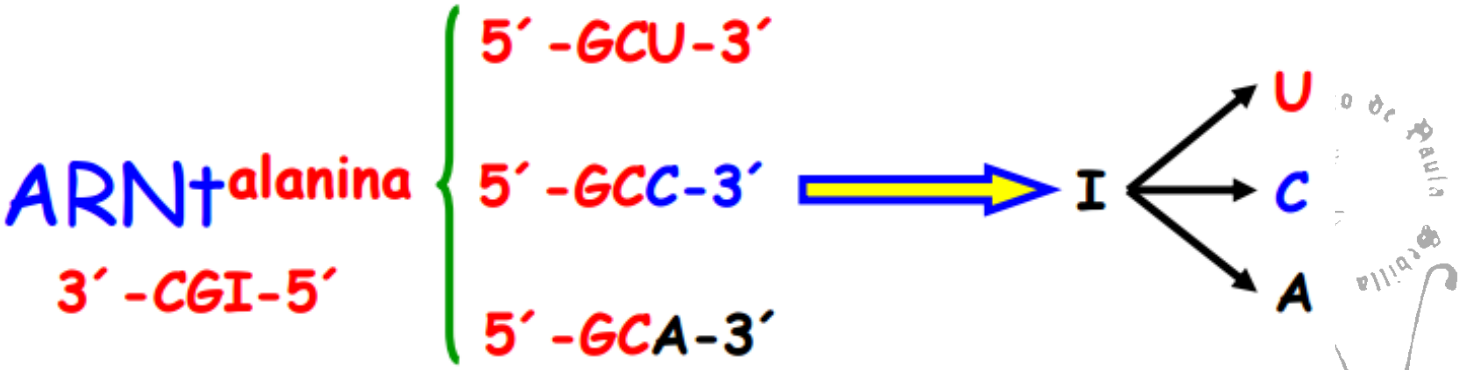


IMAGEN: http://personal.us.es/csm/docs/teoria/

- En el código genético, muchos Aa que tienen varios codones para ellos comparten las dos primeras bases, la que cambia es la tercera. Se denominan **isoaceptores** a los diferentes ARNt con anticodones distintos que aceptan el mismo Aa.

HABILIDAD: Uso de software de visualización molecular[DP]

- Existe una amplia variedad de programas que permiten la visualización de moléculas, y entre ellos, **Jsmol**.
- Este programa permite visualizar la estructura del ARNt y del ribosoma.

ACTIVIDAD

1) Entra en el siguiente link de la Universidad de Alcalá de Henares Redonde se muestra la estructura 3D del ARNt: http://biomodel.uah.es/model1j/rna/t-rna.htm
2) aliza cada una de las acciones que se piden en el tutorial a la derecha de la imagen.
3) Ahora, desde el menú principal, visualiza la estructura del ribosoma de la bacteria *Thermus thermophiles*, y realiza cada una de las acciones que se piden en el tutorial a la derecha de la imagen.

Traducción en procariotas: Activación de aminoácidos DP/PAU

- Antes de que se inicie la síntesis de las proteínas, es necesario que los distintos Aa que van a ser unidos se activen. Esta fase ocurre en el citoplasma, **fuera del ribosoma**.
- Cada Aa se une específicamente a su ARNt por acción de las **aminoacil-ARNt-sintetasas** (**enzimas activadoras del ARNt**) con consumo de energía. El proceso ocurre en dos pasos:

  1. Formación del complejo Aa-AMP, con gasto de 1 molécula de ATP:

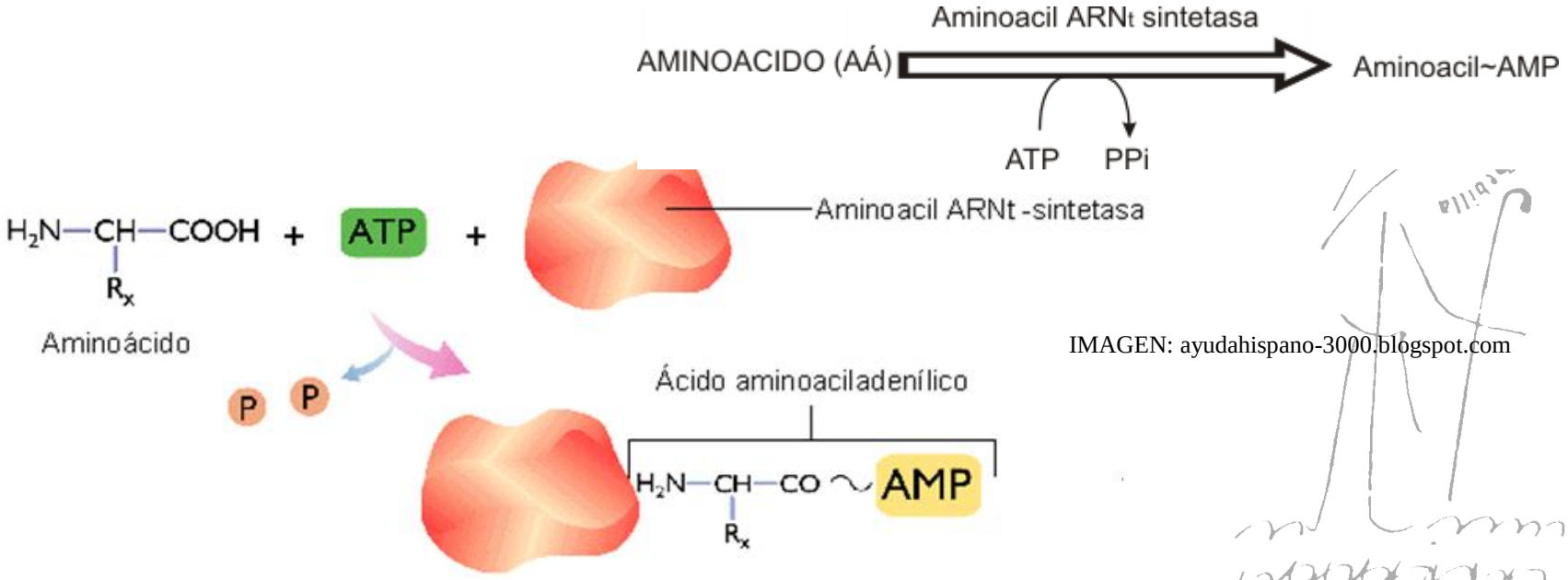


IMAGEN: ayudahispano-3000.blogspot.com

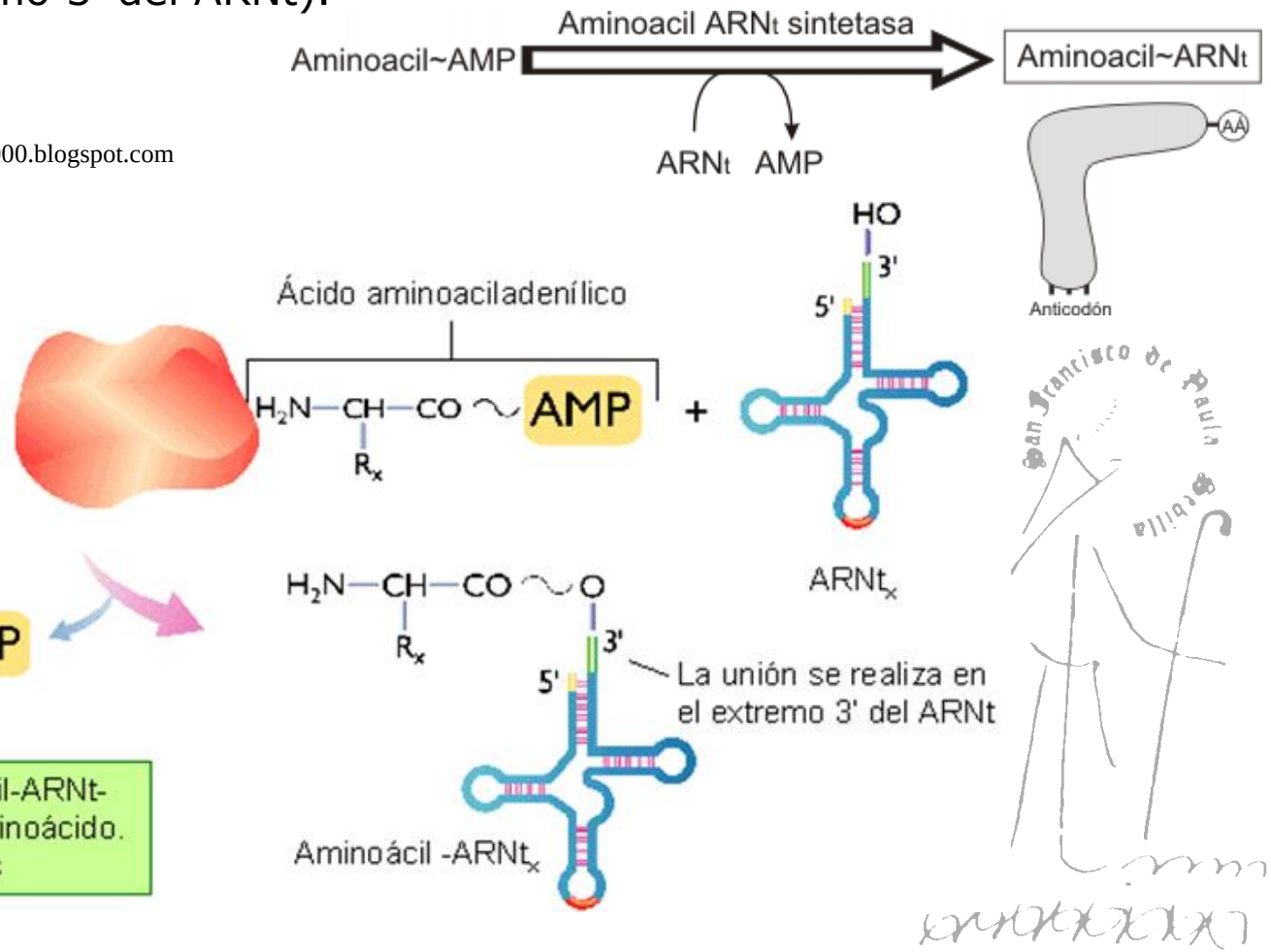
Traducción en procariotas: Activación de aminoácidos DP/PAU

2. Transferencia del Aa a su ARNt correspondiente (se une por su grupo carboxilo al extremo 3’ del ARNt).

IMAGEN: ayudahispano-3000.blogspot.com

Web1

Animación4



Existen al menos 20 aminoacil-ARNt-sintetasas, una para cada aminoácido. Son enzimas muy específicas

APLICACIÓN: Las enzimas activadoras del ARNt DP/PAU

- **Las enzimas activadoras del ARNt ilustran la especificidad enzima-sustrato.**
- Hay 20 enzimas activadoras del ARNt diferentes, específicas para cada uno de los 20 aminoácidos y la molécula correcta de ARNt.
- El **sitio activo** de la enzima activadora es **específico** para el aminoácido y ARNt correctos.

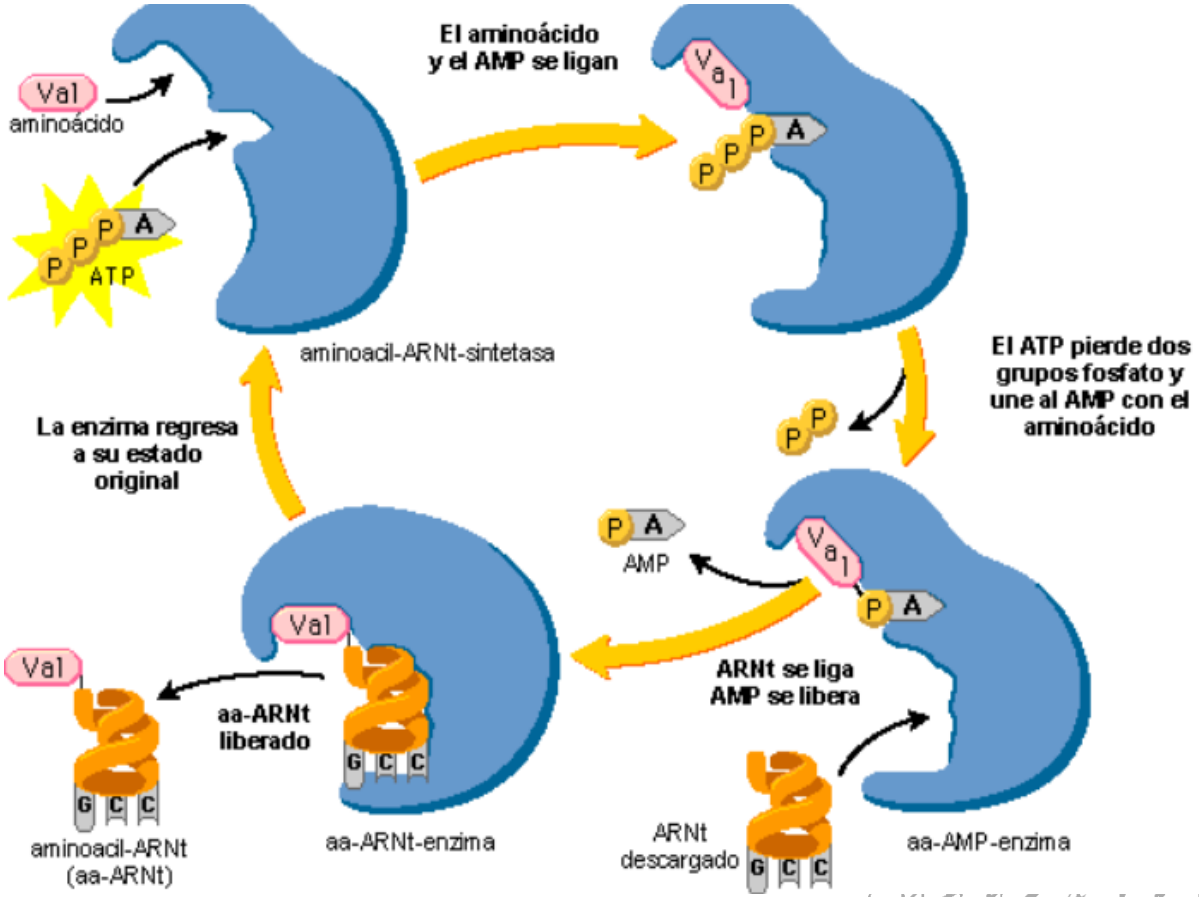


IMAGEN: http://centros.edu.xunta.es

APLICACIÓN: Las enzimas activadoras del ARNt DP/PAU

- **Las enzimas activadoras del ARNt también ilustran la función de la fosforilación.**

IMAGEN: http://centros.edu.xunta.es

- La energía del ATP es necesaria para la unión de los aminoácidos al ARNt.
- Una vez que el ATP y un aminoácido se unen al sitio activo del enzima, el aminoácido es activado mediante la formación de un enlace entre la enzima y el AMP. Entonces, el aminácido activado es unido covalentemente al ARNt.

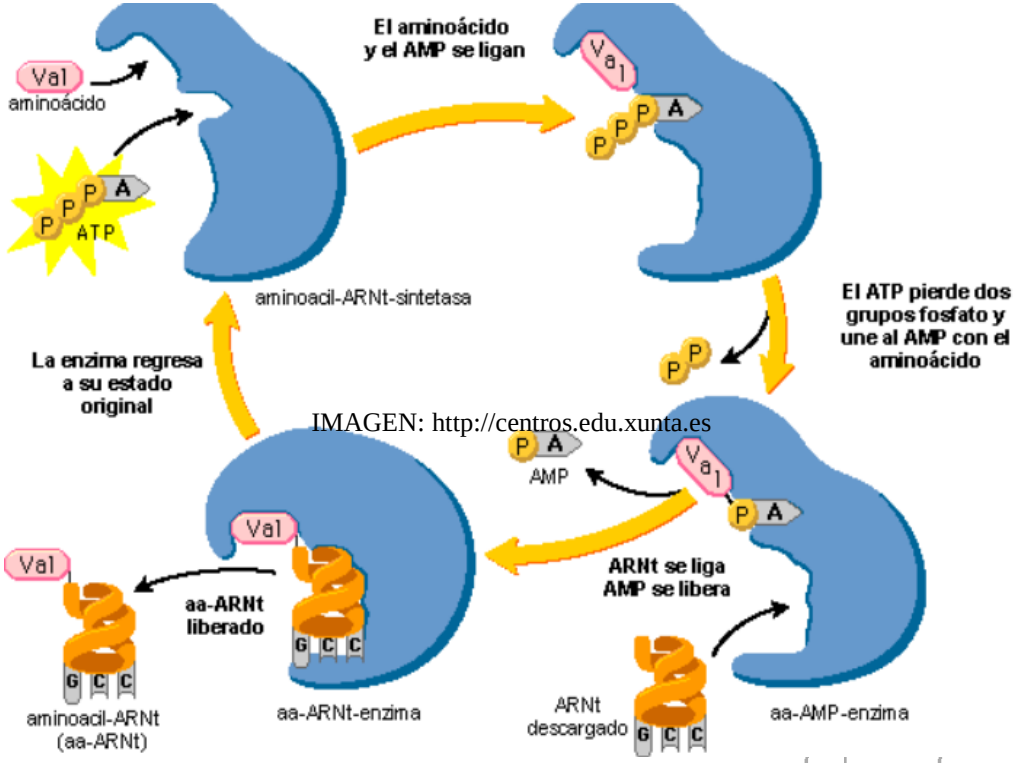


IMAGEN: http://centros.edu.xunta.es

- La energía de este enlace es usada posteriormente para unir el aminoácido a la cadena polipeptídica durante la traducción.

Traducción en procariotas: Iniciación[DP/PAU]

- Mientras que en eucariotas la transcripción está separada de la traducción, **la traducción puede producirse inmediatamente tras la transcripción en procariotas, debido a la ausencia de una membrana nuclear.**
- **La iniciación de la traducción implica la agregación de los componentes que llevan a cabo el proceso.**

1. **Unión del ARNm por su extremo 5' a la subunidad menor del ribosoma**, gracias a un **factor proteico de iniciación IF3**.

Animación4

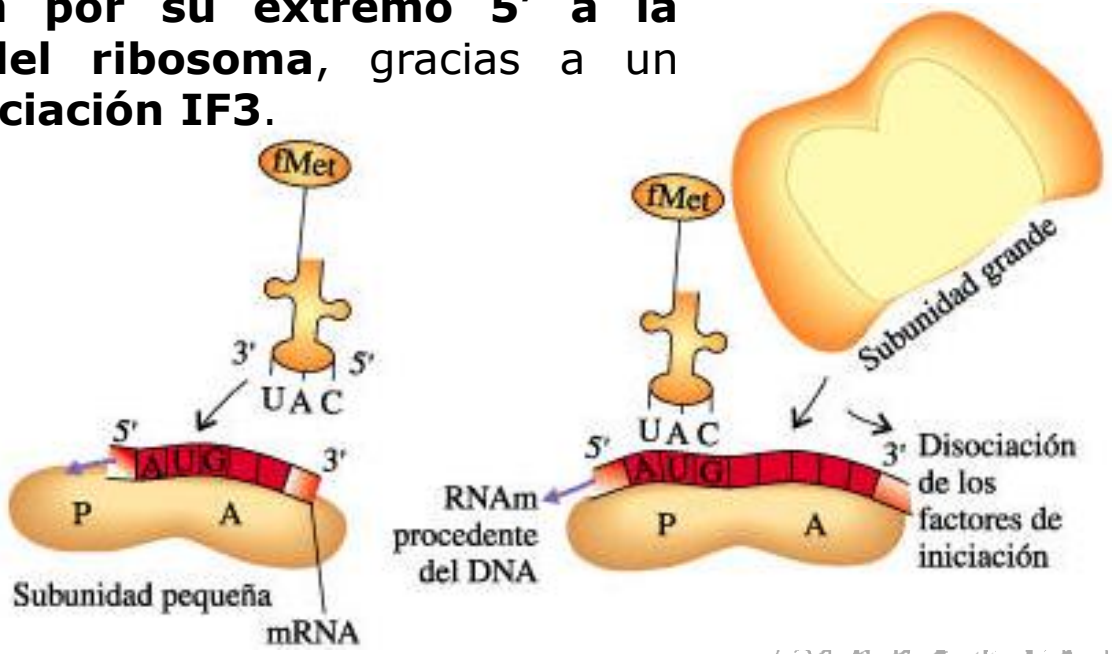


IMAGEN: docentes.educacion.navarra.es

Traducción en procariotas: Iniciación DP/PAU

2. **Unión del primer aminoacil-ARNt** por la formación de puentes de hidrógeno entre las bases complementarias del **anticodón** del ARNt y las del **codón** del ARNm (sitio P).

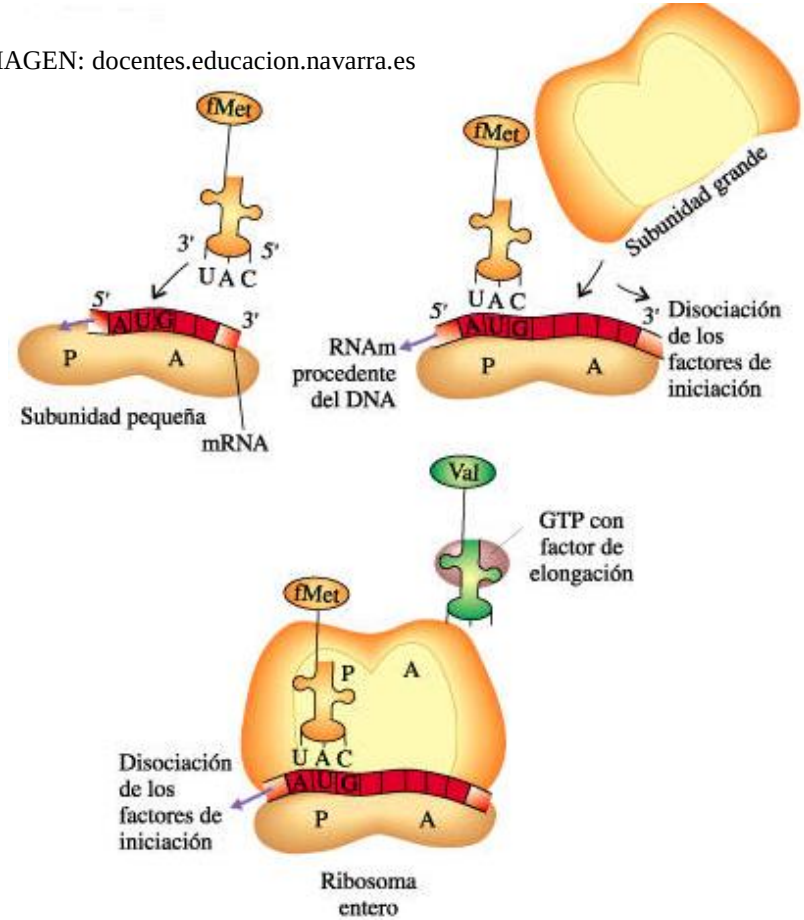
El primer codón (de iniciación) es siempre **5' AUG 3'**, por lo que el Aa que lleva el primer ARNt es **formil metionina**.

En la unión entre el ARNt y el ARNm interviene otro **factor de iniciación IF2**.

3. Por último, se produce el **acoplamiento de la subunidad mayor del ribosoma**, para lo que se necesita otro **factor de iniciación IF1**. Este conjunto se denomina **complejo de iniciación**.

El proceso de iniciación requiere energía, que se obtiene por la hidrólisis del GTP.

IMAGEN: docentes.educacion.navarra.es



Traducción en procariotas: Elongación[DP/PAU]

- Tras la iniciación, tiene lugar la elongación del polipéptido. En esta etapa la cadena polipeptídica se sintetiza por la unión de los sucesivos Aa que se van situando en el ribosoma, transportandos por los correspondientes ARNt. Para ello es necesario el desplazamiento del ribosoma a lo largo de la cadena del ARNm. Es decir, l**a síntesis del polipéptido implica un ciclo repetitivo de eventos.**

1. **Unión de un aminoacil-ARNt al sitio A**. En esta etapa se gasta otro GTP y se necesitan dos **factores de elongación EF**.

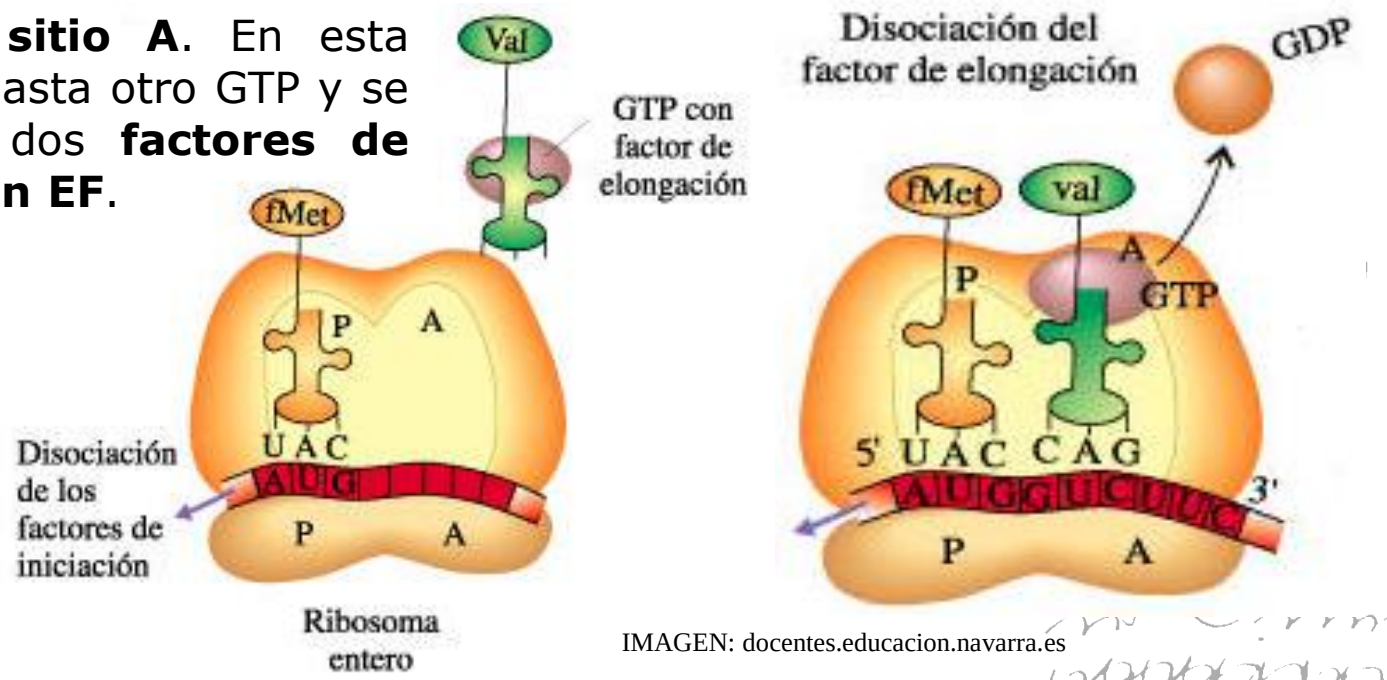


IMAGEN: docentes.educacion.navarra.es

Traducción en procariotas: Elongación[DP/PAU]

2. **Formación del enlace peptídico**. Se produce la unión entre los dos Aa por acción de la enzima **peptidil transferasa**, localizada en la subunidad mayor del ribosoma. Queda libre el ARNt del primer Aa, que se libera del ribosoma.

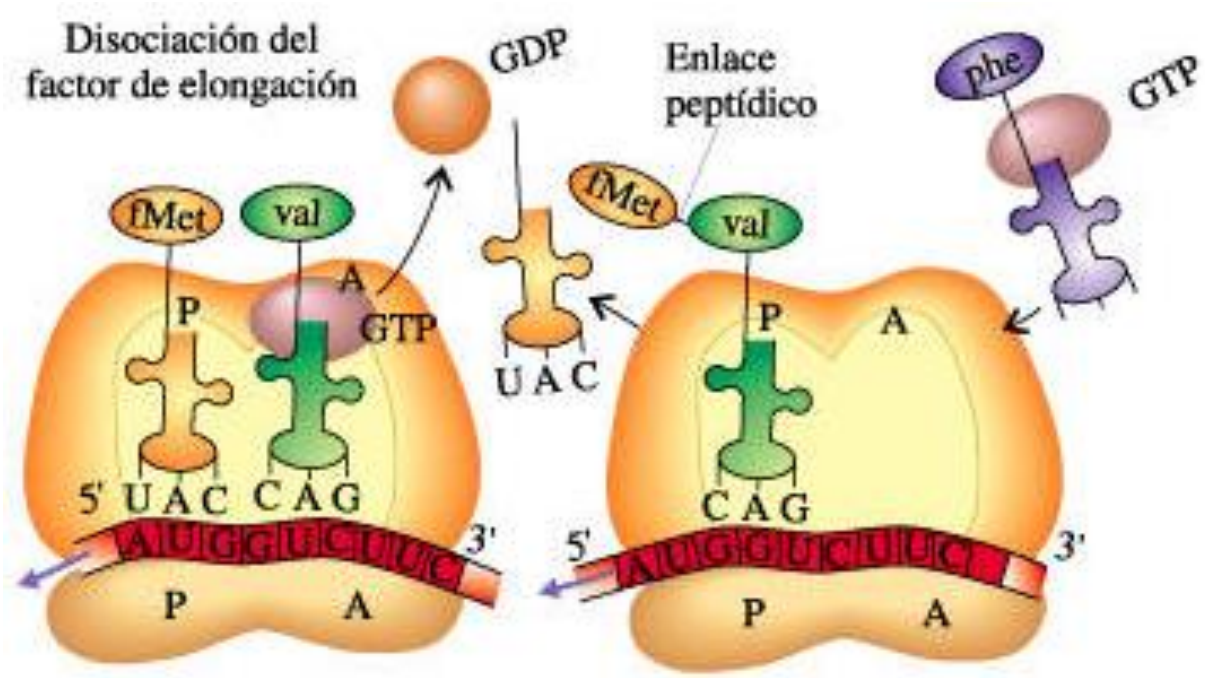


IMAGEN: docentes.educacion.navarra.es

Traducción en procariotas: Elongación[DP/PAU]

3. **Translocación del dipéptido al sitio P**. El ribosoma se desplaza 3 nucleótidos sobre el ARNm en sentido 5'-3', con lo que el segundo codón, con el ARNt fijado a él, pasa al sitio P, quedando libre el sitio A, que es ocupado por el tercer codón del ARNm.

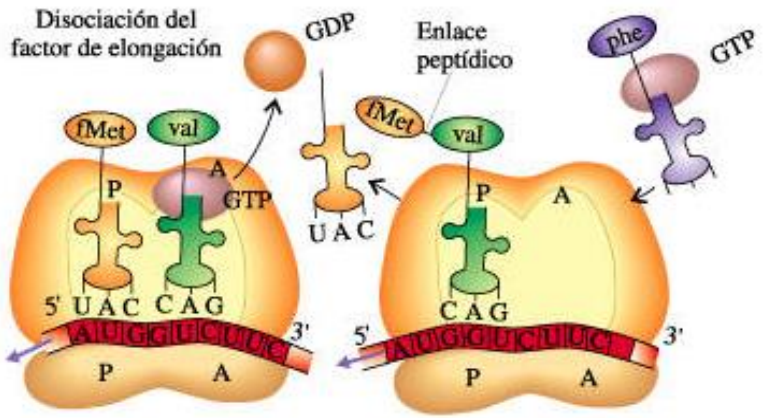
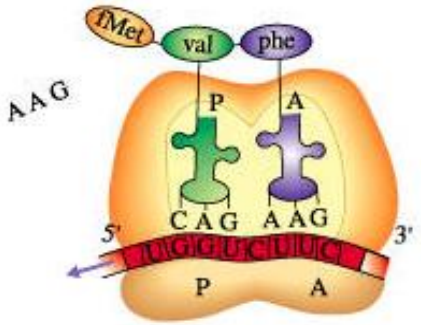
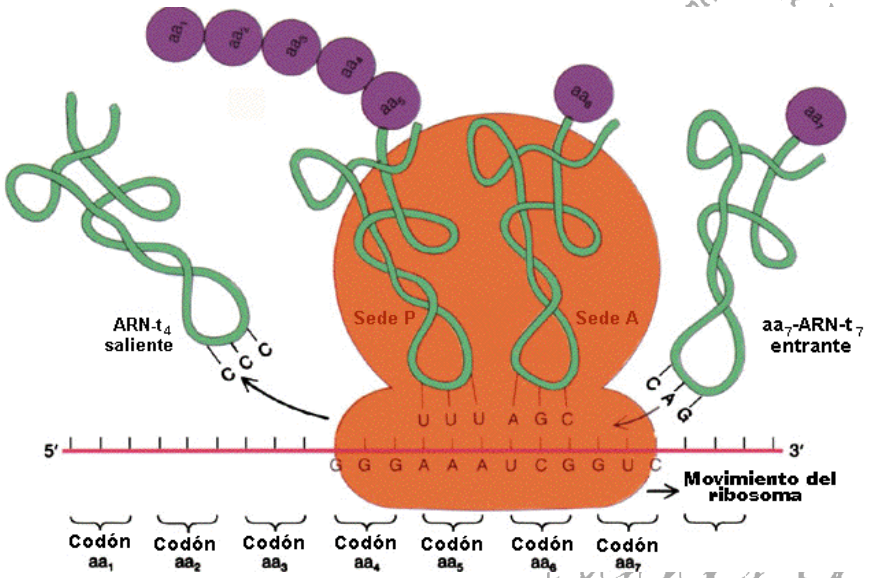


IMAGEN: docentes.educacion.navarra.es

Sobre este condón se fija un nuevo aminoacil ARNt, con la participación de otro **factor de elongación EF**. En la fijación de cada nuevo ARNt, se utiliza la energía aportada por el GTP.





Traducción en procariotas: Terminación DP/PAU

- Existen 3 codones de **fin de mensaje** o de terminación (**UAA**, **UAG** y **UGA**) en el ARNm para los que no hay ARNt con los correspondientes anticocodones.
- Cuando uno de ellos llega al sitio A del ribosoma, los llamados **factores de liberación** hacen que el enzima peptidil transferasa libere el péptido del ARNt al que está unido, al hacer que reaccione el grupo carboxilo del último Aa con agua, con gasto de otro GTP.
- **Tras concluir la traducción se produce la disgregación de los componentes.**

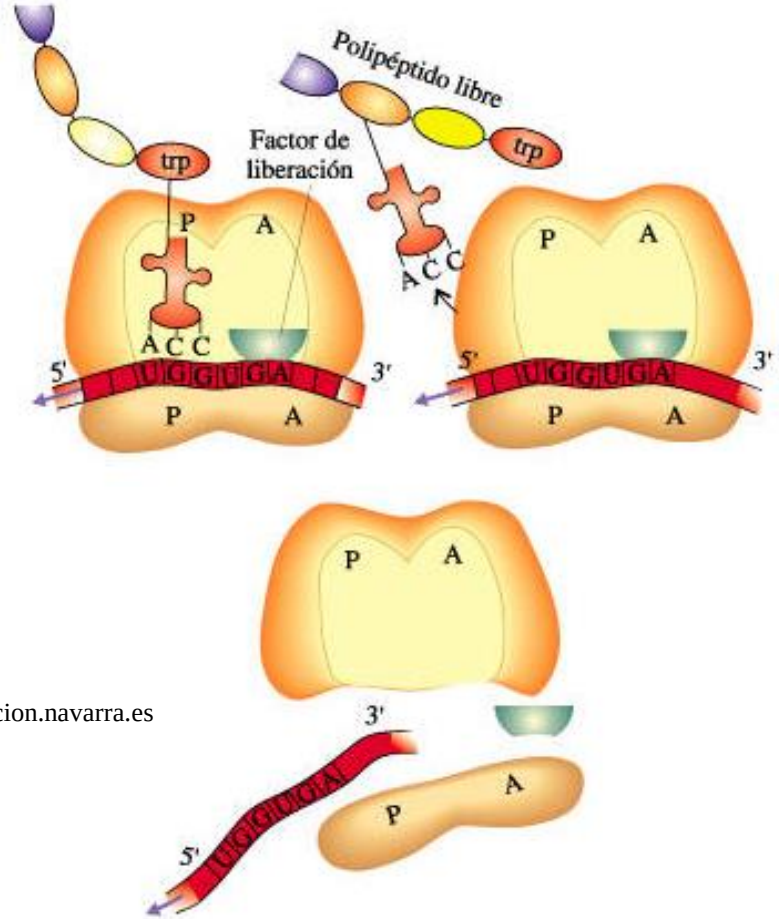
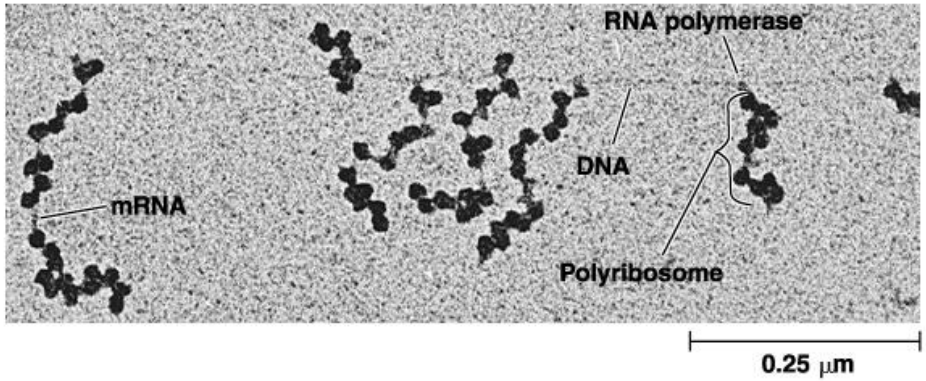


IMAGEN: docentes.educacion.navarra.es

Animación5/6

HABILIDAD: Identificación de polisomas^{DP}

- La cadena proteica a medida que se va sintetizando (1400 Aa/minuto), va adquiriendo su estructura secundaria y terciaria característica.
- Una cadena de ARNm suele ser leída por más de un ribosoma simultáneamente (**polirribosomas o polisomas**), con lo que se sintetizan muchas copias del polipéptido a la vez.
- **Los polisomas pueden ser identificados en micrografías electrónicas de procariotas y eucariotas.**



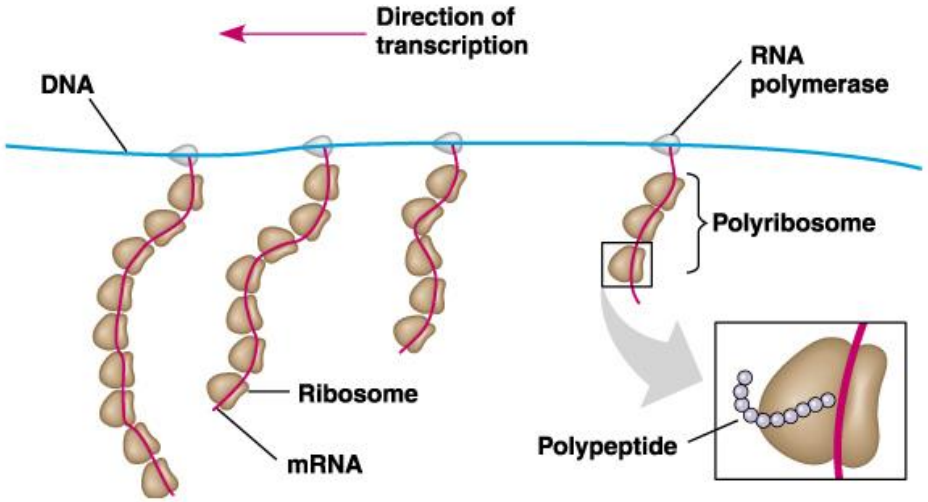


IMAGEN: mun.ca

Reprinted with permission from O. L. Miller , Jr., B. A. Hamkalo, and C. A. Thomas, Jr., Science 169 (1970):392. Copyright © 1970 American Association for the Advancement of Science.
©1999 Addison Wesley Longman, Inc.

HABILIDAD: Identificación de polisomas[DP]

- En **procariotas**, los polisomas se localizan en el citoplasma, donde se encuentran los ribosomas libres, sin embargo, en **eucariotas** los polisomas se localizan tanto en el citoplasma, donde hay ribosomas libres, como cerca del retículo endoplásmico rugoso, donde hay ribosomas ligados (unidos) a su membrana.

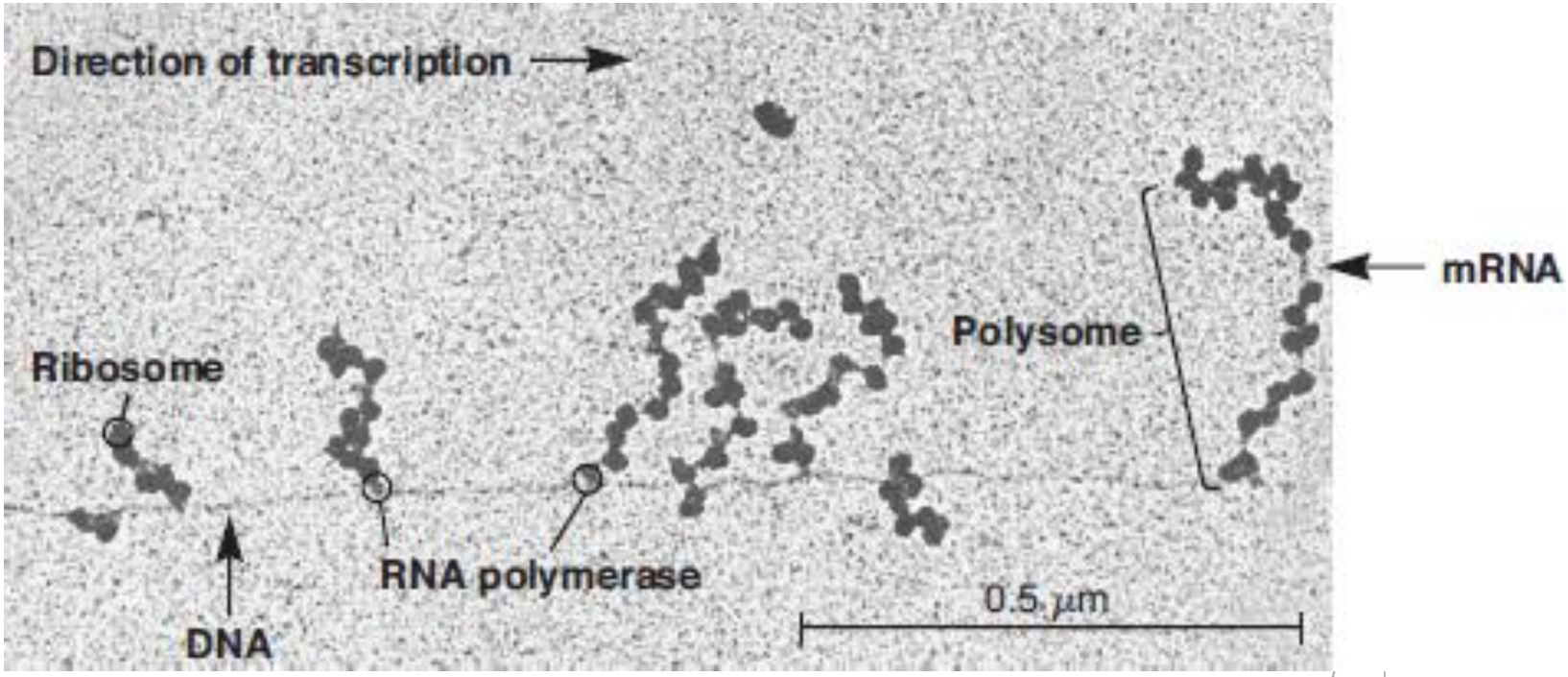


IMAGEN: http://www.chegg.com

Ribosomas libres DP/PAU

- Las proteínas sintetizadas por los **eucariotas** van a tener diferentes destinos dependiendo de su función.
- Así, **los ribosomas libres sintetizan proteínas principalmente para su uso en el interior de la célula**, como son aquellas cuyo destino es el citoplasma, la mitocondria o el cloroplasto.

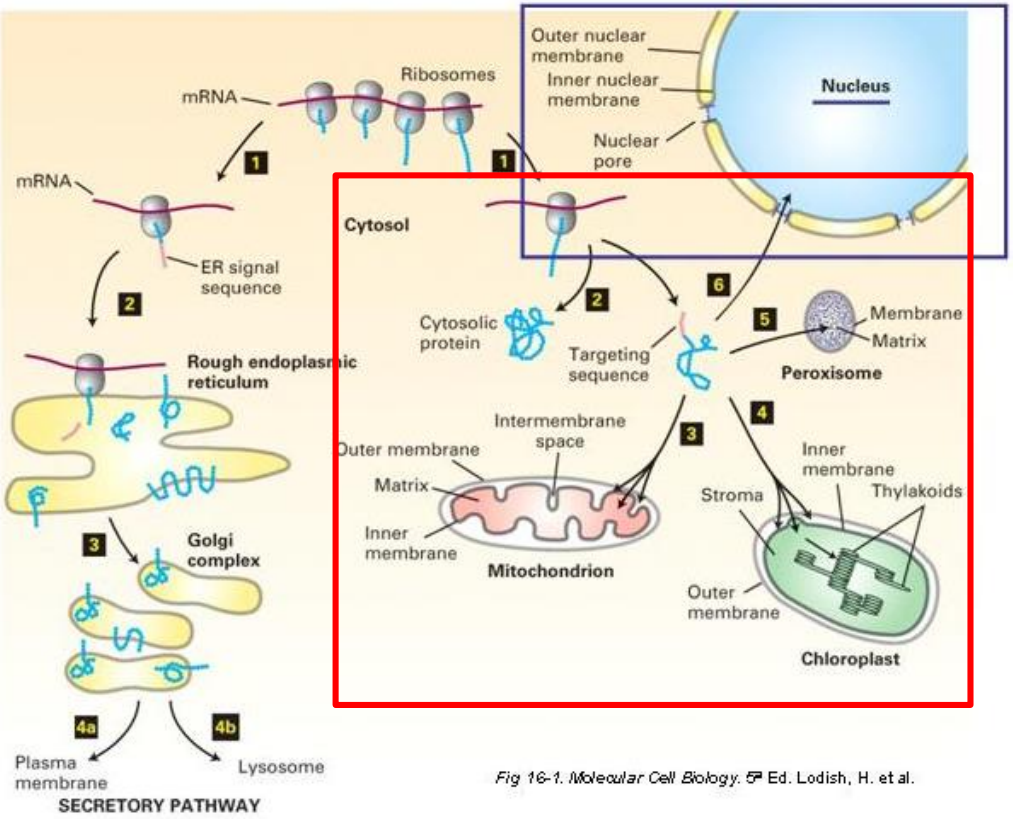


Fig 16-1. Molecular Cell Biology. 5ª Ed. Lodish, H. et al.

IMAGEN: www3.uah.es/biomolq/BM

Ribosomas ligados DP/PAU

- Las células eucariotas producen moléculas como hormonas, neurotransmisores, citocinas y enzimas que deben ser llevadas a otros lugares del interior celular o secretadas al exterior en el momento justo.
- Pequeñas vesículas rodeadas de membrana transportan distintos contenidos entre los orgánulos o se fusionan con la membrana celular para liberar su contenido al exterior.
- **En los eucariotas, los ribosomas ligados al Retículo Endoplásmico Rugoso (RER) sintetizan proteínas fundamentalmente para su secreción, su uso en lisosomas o la membrana plasmática.**

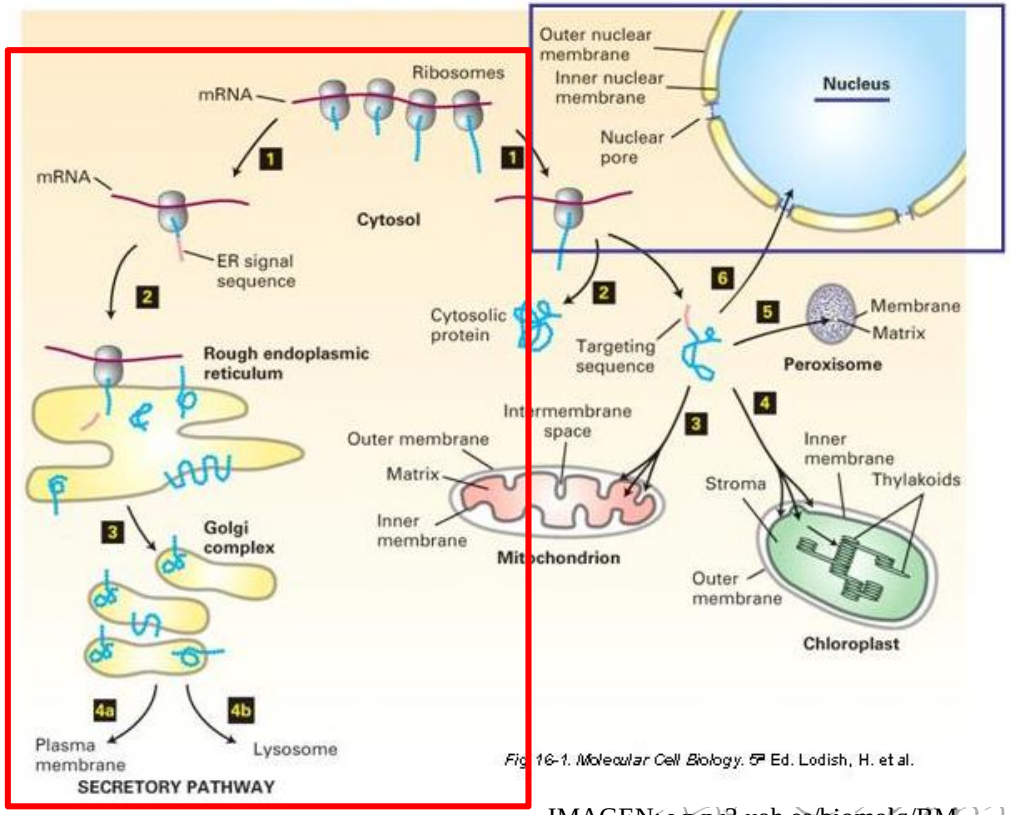


Fig 16-1. Molecular Cell Biology. 5ª Ed. Lodish, H. et al.

IMAGEN: www3.uah.es/biomolq/BM

Ribosomas ligados DP/PAU

- Si el ribosoma se va a encontrar libre en el citoplasma o ligado al RER, depende de la presencia de una secuencia de Aa **(péptido señal)** en el péptido que está siendo traducido.
- En el momento en el que el péptido señal aparece, la **partícula de reconocimiento de señal (SRP)** se une a ella deteniendo la traducción, hasta que se une a un receptor en la superficie de RER.

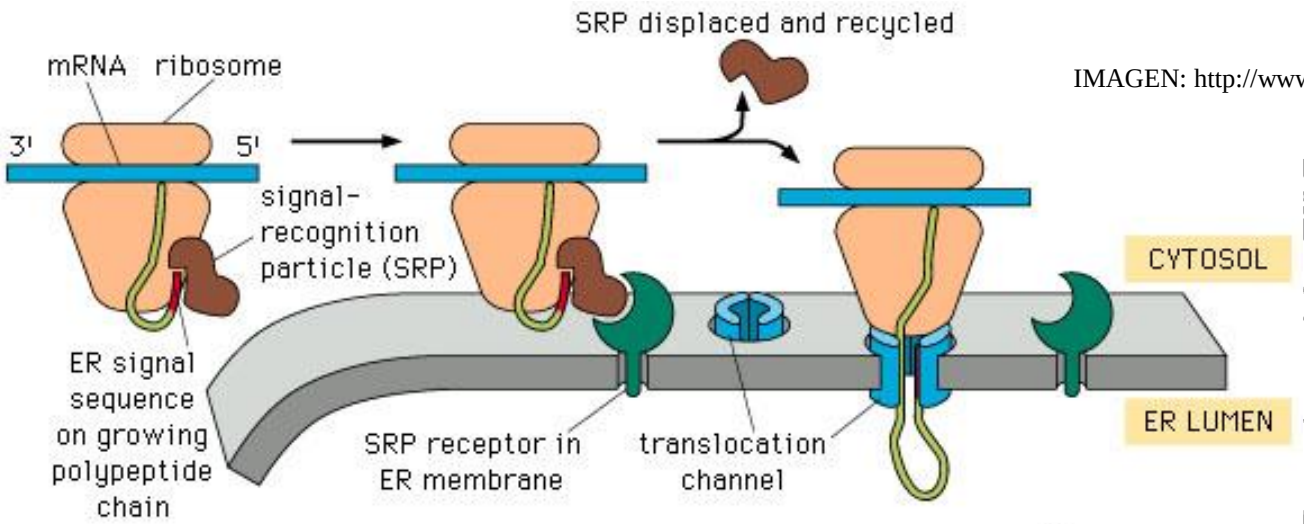
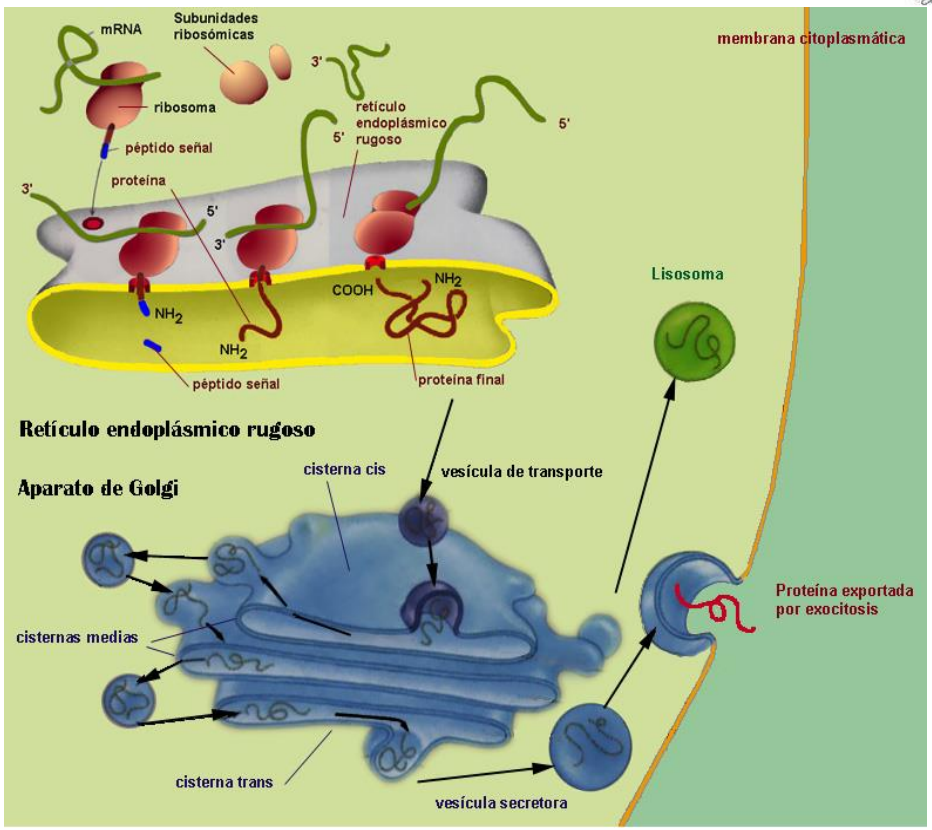


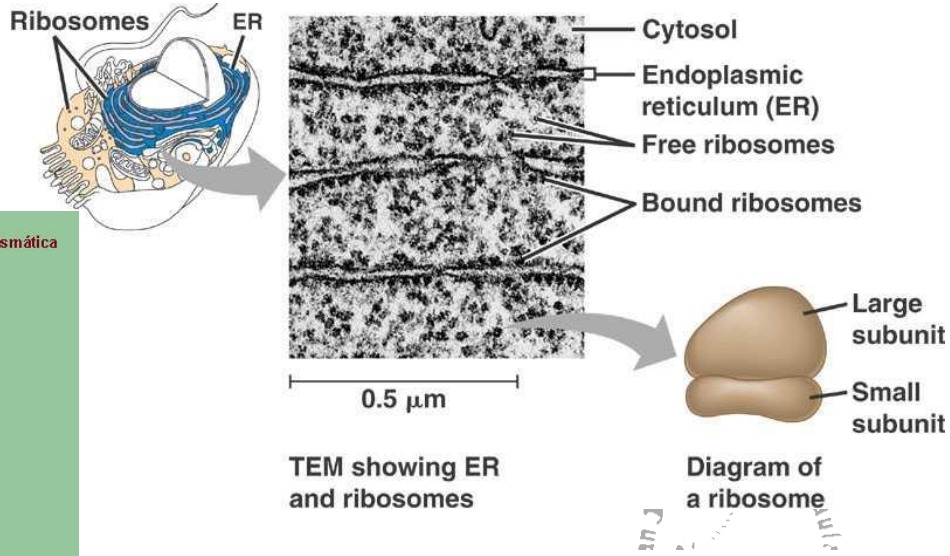
IMAGEN: http://www.zoology.ubc.ca

- Una vez que se une al receptor, es transferido a un translocador de proteínas que transloca el péptido en la membrana del retículo endoplasmático rugoso y continuando así su traducción.

Ribosomas ligados DP/PAU

IMAGEN: http://bio1151.nicerweb.com

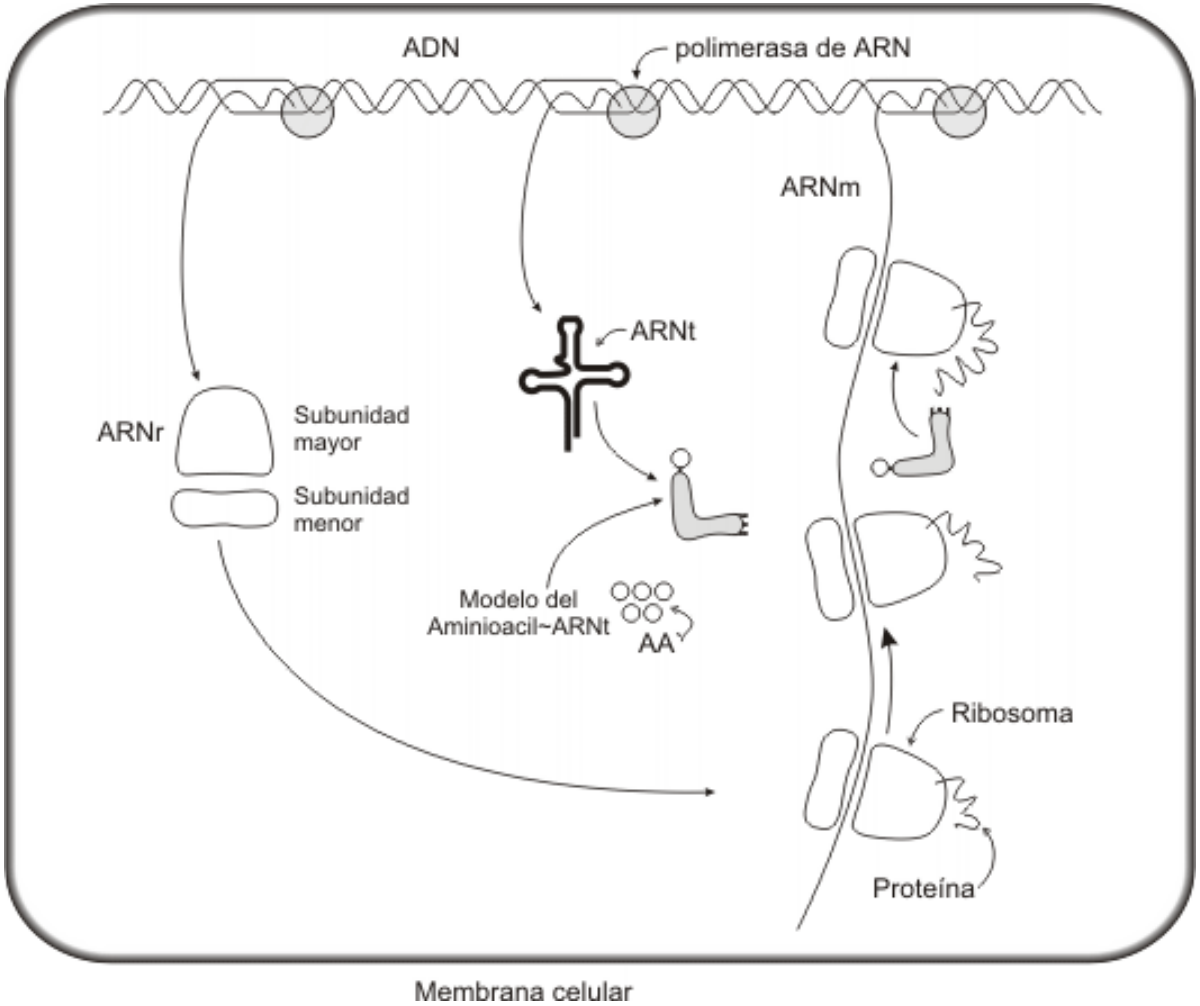




- Posteriormente, el péptido es enviado mediante vesículas al Aparato de Golgi, donde sufre las modificaciones necesarias, y desde allí hasta la membrana o el lisosoma.

Web4

Esquema general de la traducción en procariotas DP/PAU



Web5

IMAGEN: genomasur.com

Traducción en eucariotas[DP/PAU]

- Respecto a lo explicado en procariotas, se observan las **siguientes diferencias**:

  1. La transcripción del ADN a ARNm ocurre en el núcleo, así como la maduración del ARNm transcrito primario hasta dar el ARNm maduro. La traducción ocurre en el citoplasma.

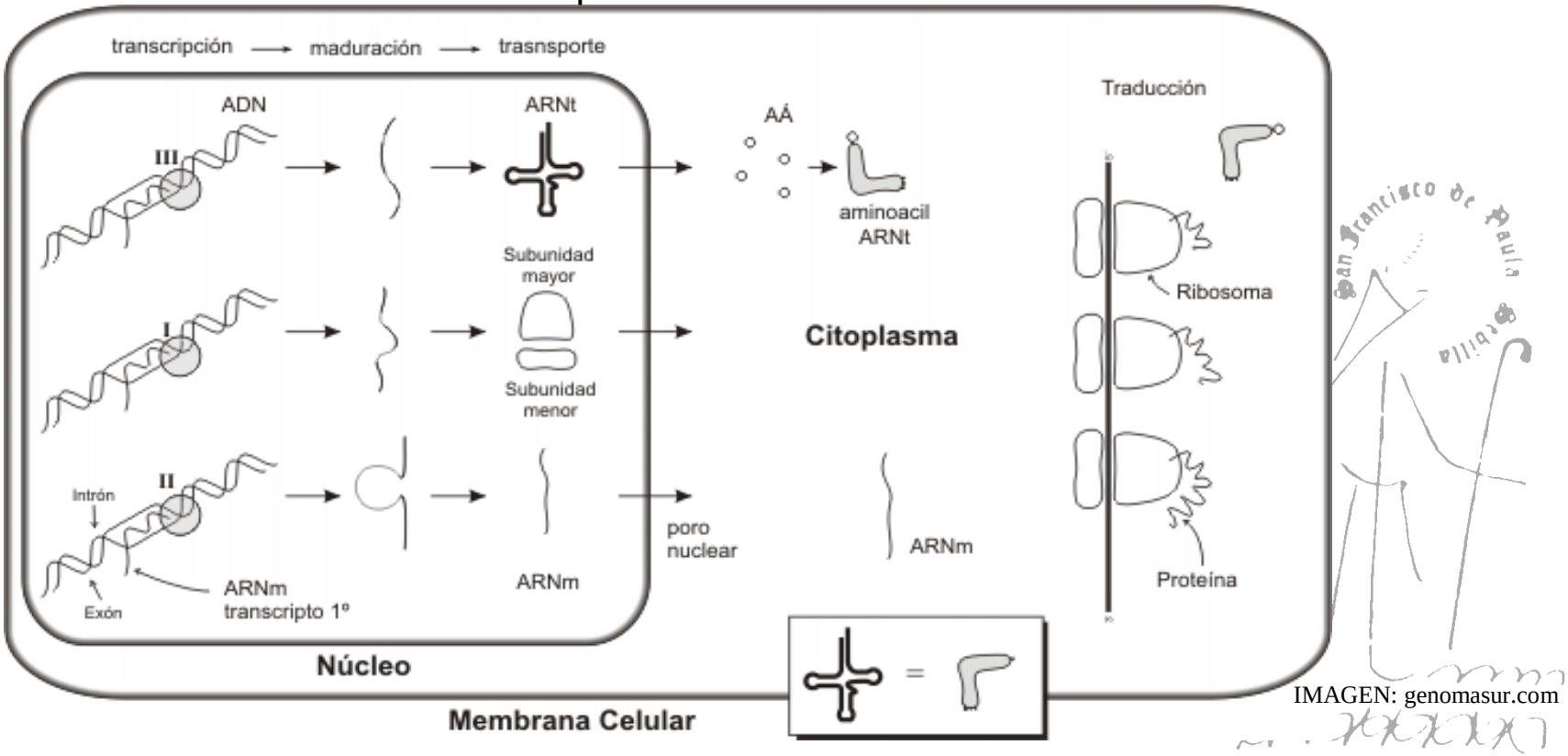


IMAGEN: genomasur.com

Traducción en eucariotas DP/PAU

2. Los ARNm son más estables que los de procariotas, tienen una mayor vida media. Además son **monocistrónicos**, es decir, cada molécula de ARN produce un péptido, mientras que los de procariotas suelen ser **policistrónicos**, donde a partir de una misma molécula de ARN se sintetizan varios péptidos.

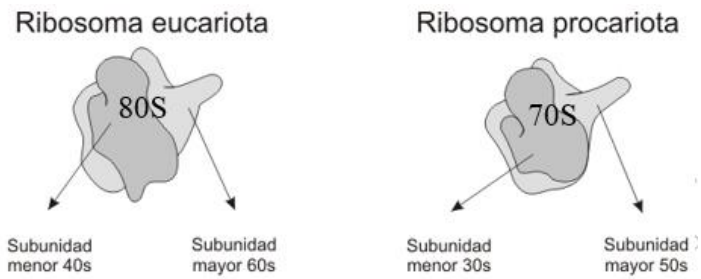
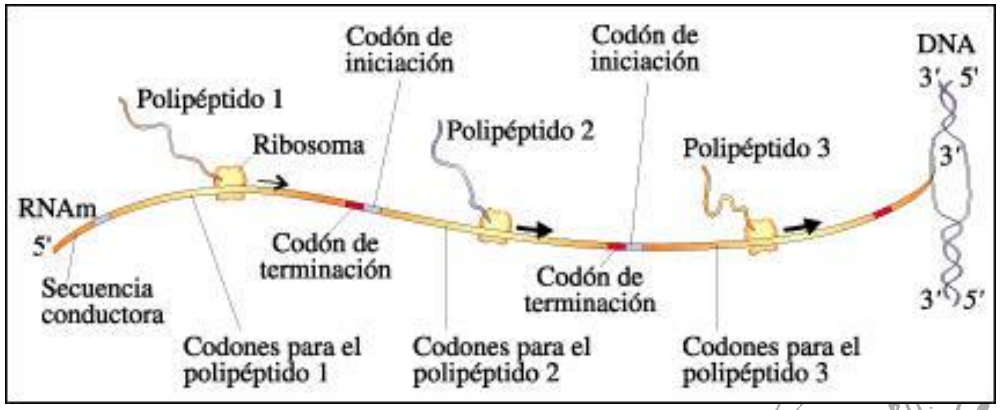


IMAGEN: genomasur.com



3. El ARNm eucariota tiene en su inicio 5' un capuchón de metilguanina trifosfato, para ser identificado por la subunidad pequeña del ribosoma.

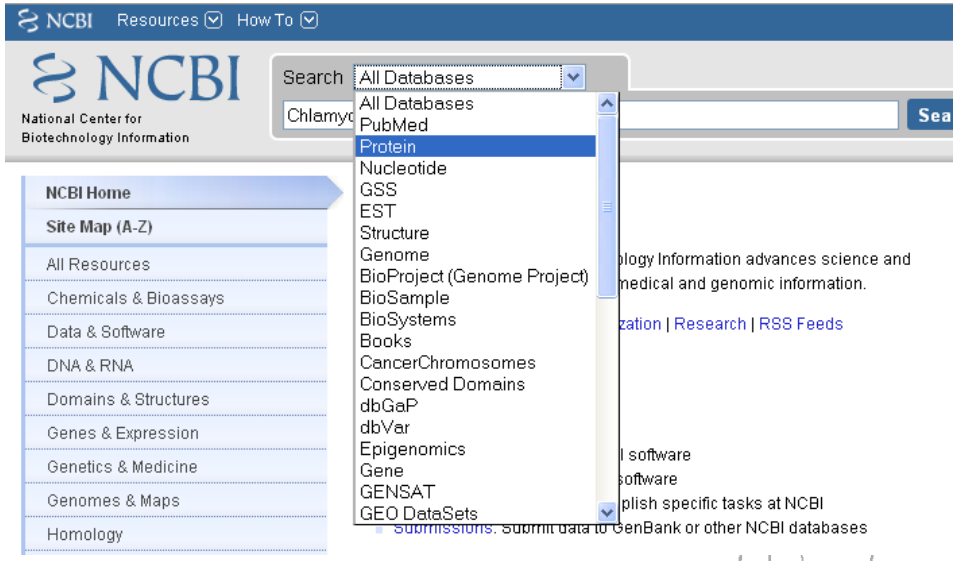
4. Los ribosomas son 80S.

5. El primer ARNt no lleva formil metionina, sino metionina, y se une antes a la subunidad pequeña del ribosoma que al ARNm.

6. Los factores de iniciación y elongación son distintos.

NATURALEZA CIENCIAS: El progreso de la informática trae consigo el progreso de la investigación científica[DP]

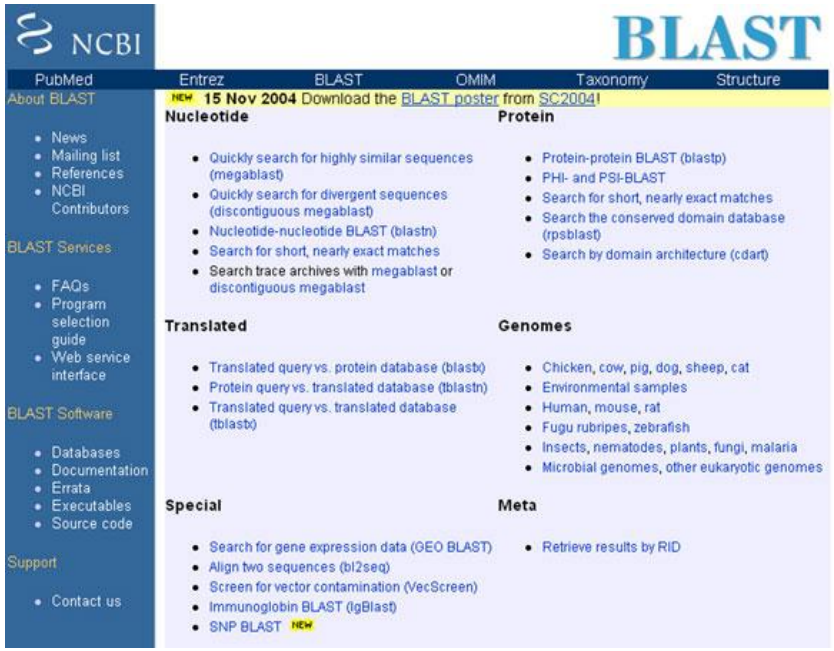
- La **bioinformática** implica el uso de ordenadores para almacenar y analizar una gran cantidad de datos generados a partir de la secuenciación de diferentes genomas, y la identificación de genes y de sus respectivas proteínas.
- Esta información es almacenada de forma estructurada en **bases de datos** disponibles para la comunidad científica y el público en general, como la de secuencias de nucleótidos (EMBL), de proteínas (SwissProt), o de estructura 3D de proteínas (PDB).



- **El uso de computadores ha permitido a los científicos avanzar en el campo de las aplicaciones bioinformáticas, como por ejemplo en la localización de genes dentro de los genomas o la identificación de secuencias conservadas.**

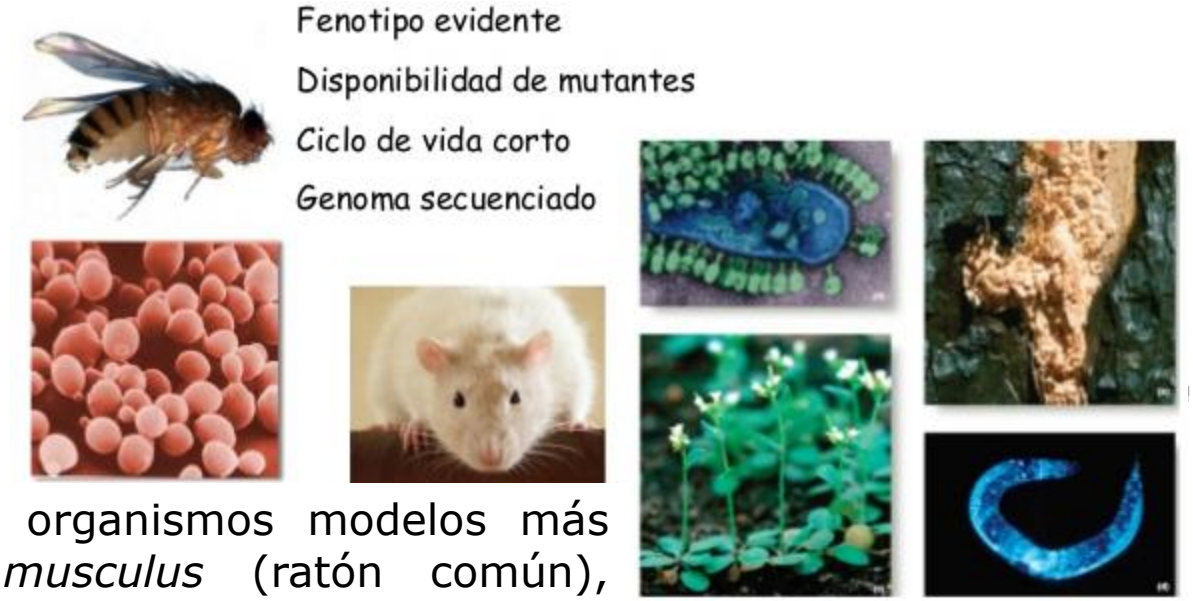
NATURALEZA CIENCIAS: El progreso de la informática trae consigo el progreso de la investigación científica[DP]

- Una vez que un investigador identifica por primera vez una secuencia de interés, ya sea tras secuenciar un gen, identificar un marco abierto de lectura o encontrar unos altos niveles de ARNm, el siguiente paso es realizar una **búsqueda con software BLAST para identificar secuencias similares (homólogas) en organismos diferentes.**
- El acrónimo BLAST viene del inglés "Basic Local Alignment Search Tool". Este programa informático lleva a cabo un algoritmo matemático que permite encontrar regiones de similitud entre secuencias (nucleótidos o aminoácidos) alojadas en las bases de datos.
- Cuando las secuencias homólogas son muy parecidas entre las distintas especies, se denominan **secuencias conservadas**.



NATURALEZA CIENCIAS: El progreso de la informática trae consigo el progreso de la investigación científica[DP]

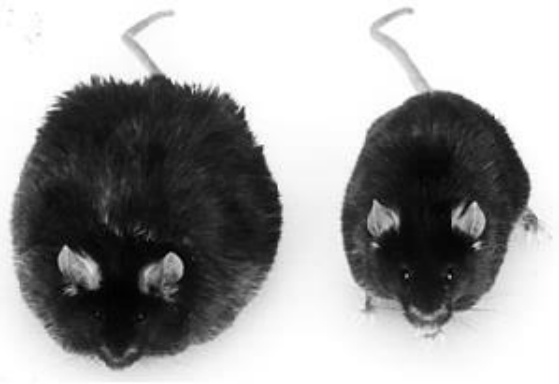
- El que estas secuencias estén conservadas en diferentes especies, sugiere que juegan un papel crucial. Por dicho motivo, la función de estas secuencias conservadas se investiga en **organismos modelos**.



- Algunos de estos organismos modelos más estudiados *Mus musculus* (ratón común), *Drosophila melanogaster* (mosca de la fruta), *Caenorhabditis elegans* (gusano), *Arabidopsis thaliana* (jaramago), *Escherichia coli* (bacteria) y *Saccharomyces cerevisiae* (levadura).

NATURALEZA CIENCIAS: El progreso de la informática trae consigo el progreso de la investigación científica[DP]

- Un método para determinar la función de un gen, es mediante el uso de la **tecnología de bloqueo de genes** (*gene knockout*) en ratones, uno de los organismos modelo.
- La pérdida de actividad del gen permitirá obtener un fenotipo observable en el ratón, lo que permitirá a los investigadores determinar la probable función del gen.
- Mediante esta técnica se evidenció que la hormona leptina juega un papel en la regulación de la deposición de grasa y el metabolismo energético.



Web6

IMAGEN: leptinoblachno.blogspot.com.es/

- Ademas de BLAST, existen otros programas, como **CLUSTALW**, que permite la alineación secuencias homólogas de distintos organismos para buscar cambios, así como la eleboración de un cladograma, diagrama que esquematiza la filogenia o historia evolutiva más probable de un grupo de organismos.