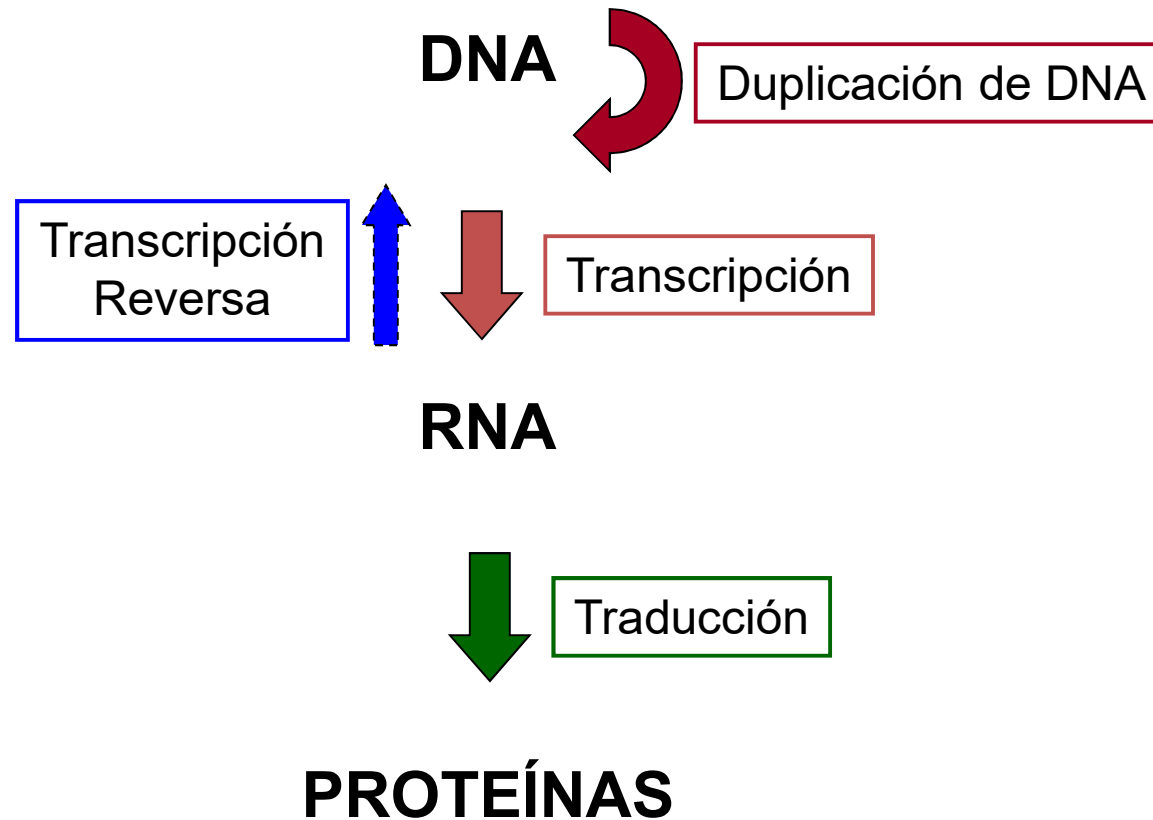
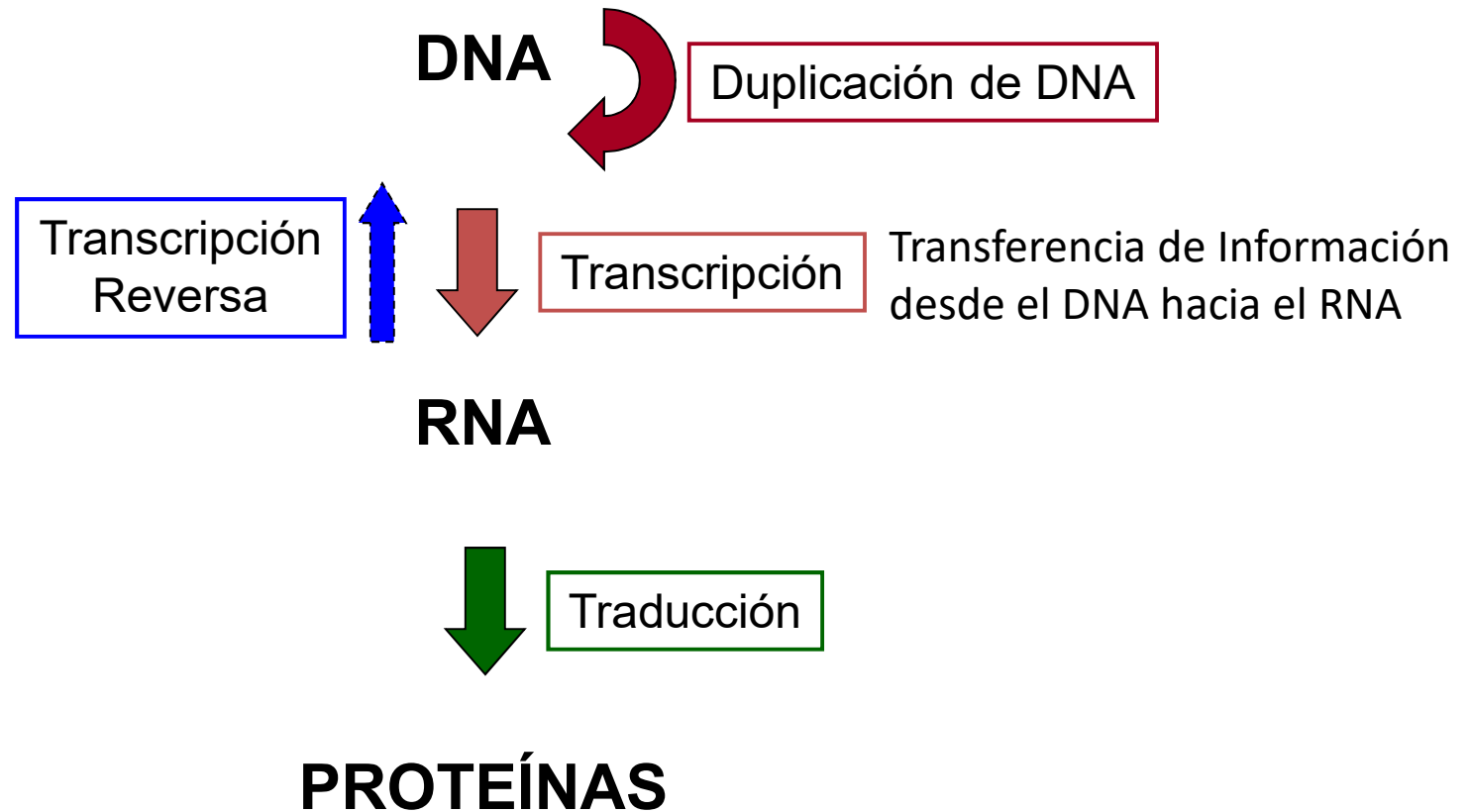


# Flujo de la Información Genética



# Flujo de la Información Genética



# Qué enzimas realizan este proceso?

La transcripción es el proceso mediante el cual se sintetiza una molécula de ARN a partir de una plantilla de ADN

En este proceso, participan varias enzimas y proteínas, pero la enzima clave que cataliza la síntesis del ARN es la ARN polimerasa. En las células, existen varios tipos de ARN polimerasas que están especializadas en la transcripción de diferentes tipos de ARN, como el ARN mensajero (ARNm), el ARN ribosomal (ARNr) y el ARN de transferencia (ARNt). Cada tipo de ARN polimerasa realiza la transcripción de genes específicos. Estas enzimas reconocen secuencias promotoras en el ADN, inician la síntesis de ARN y luego sintetizan la cadena de ARN complementaria al ADN molde.

Las secuencias promotoras, son regiones específicas de ADN que se encuentran en las proximidades de un gen y que tienen un papel fundamental en el inicio y la regulación de la transcripción génica. Estas secuencias funcionan como "interruptores" o señales que indican a la ARN polimerasa dónde debe comenzar la síntesis del ARN a partir de la plantilla de ADN.

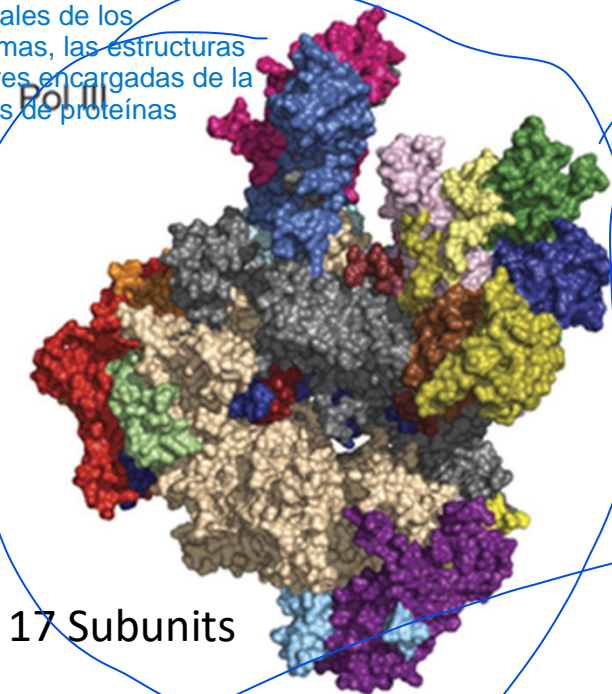
**Inicio de la Transcripción:** La ARN polimerasa, la enzima encargada de la transcripción, necesita una señal para identificar dónde comenzar a copiar el ADN en ARN. Las secuencias promotoras proporcionan esta señal de inicio.

**Ubicación en el ADN:** Las secuencias promotoras generalmente se encuentran "aguas arriba" del gen que están regulando, lo que significa que están hacia el extremo 5' del gen en la hebra de ADN molde.

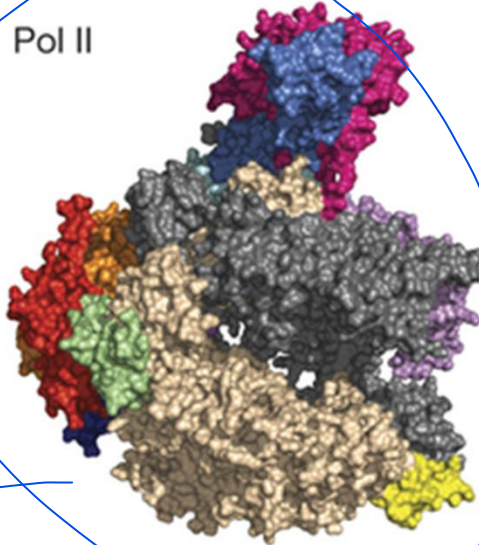
# Qué enzimas realizan este proceso?

## RNA Polimerasas

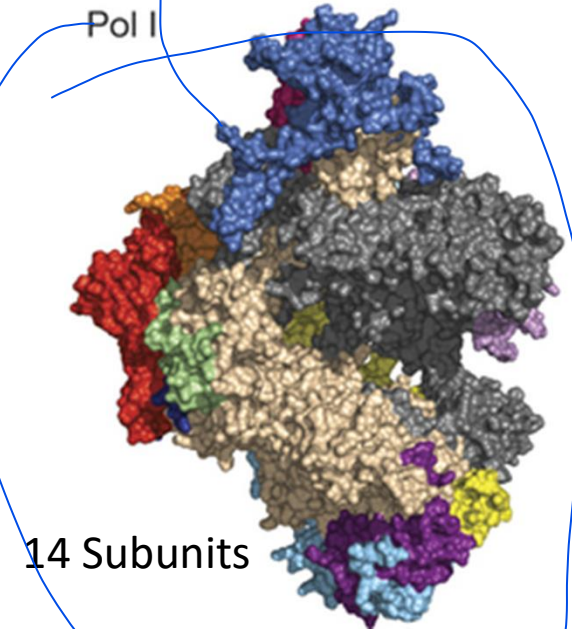
Función: ARN Polimerasa I es responsable de la transcripción de genes que codifican ARN ribosomal (ARNr) en el nucleolo de las células eucariotas. Los ARNr son componentes esenciales de los ribosomas, las estructuras celulares encargadas de la síntesis de proteínas



Pol II



Pol III



Función: ARN Polimerasa III transcribe genes que codifican ARN de transferencia (ARNt), ARN ribosomal 5S y varios otros ARN pequeños y estructurales. Los ARNt son esenciales para la traducción de proteínas y los ARN ribosomales 5S forman parte de los ribosomas

Fuente: Molecular structures of unbound and transcribing RNA polymerase III  
Nature 528, 231–236 (10 December 2015) doi:10.1038/nature16143

Función: ARN Polimerasa II es la ARN polimerasa principal responsable de la transcripción de genes que codifican ARN mensajero (ARNm) y algunos ARN pequeños en las células eucariotas. El ARN mensajero (ARNm) lleva información genética desde el ADN hasta los ribosomas, donde se traduce en proteínas

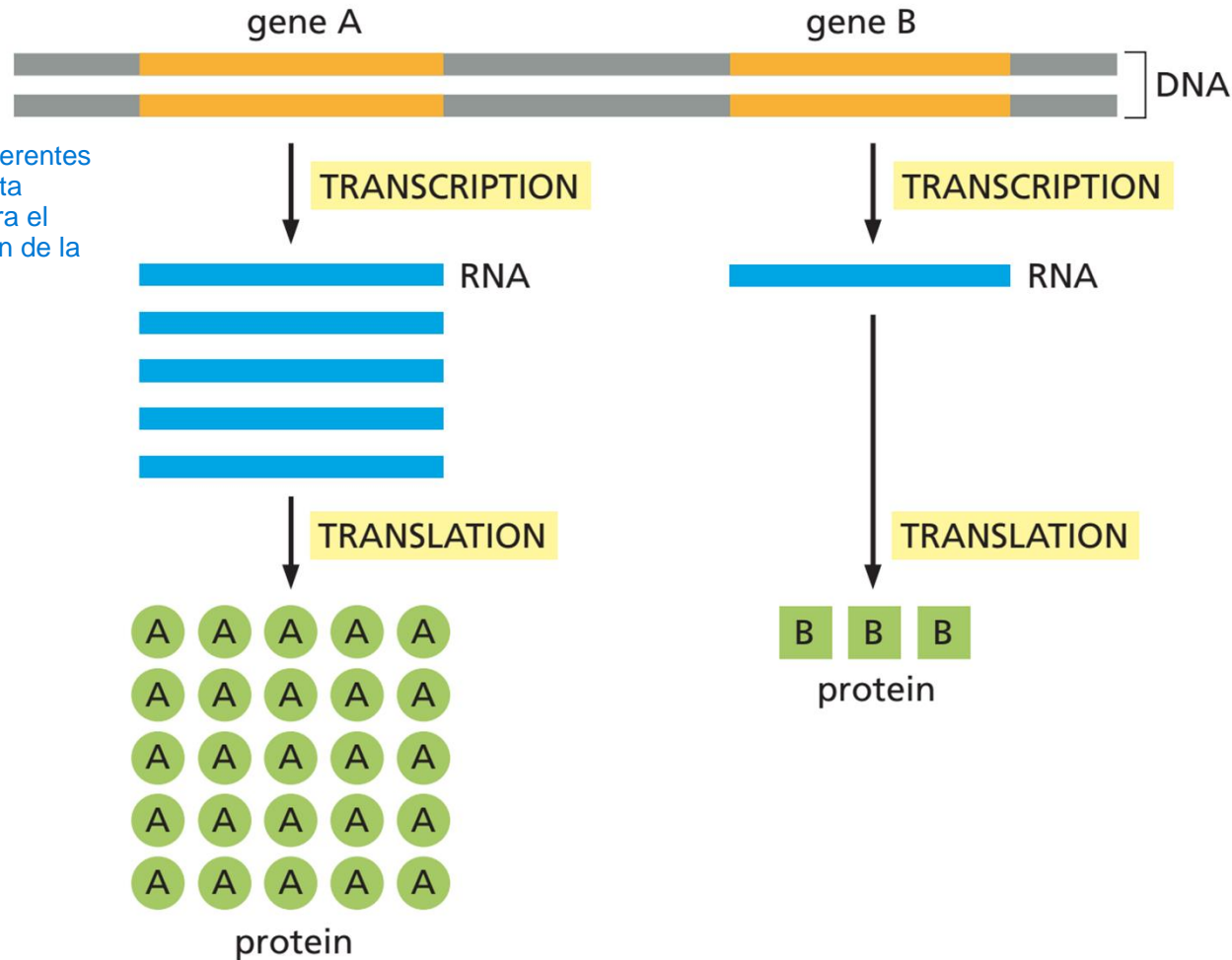
# Los Eucariotes tienen varios tipos de RNA-polimerasas

RNA polimerasa	Tipo de RNA Sintetizado
I	rRNA 5.8S, 18S, 28S (80% del RNA total en Mamíferos)
II	mRNA codificante para Proteínas, algunos snRNAs y scRNAs (5% del RNA Total en mamíferos)
III	rRNA 5S, tRNAs, algunos snRNAs y scRNAs (15% del RNA Total en mamíferos)
Mitocondrial	Genes Mitocondriales
Cloroplástica	Genes Cloropásticos

Fuente: COOPER, G. M. 2000 The Cell - A Molecular Approach Second Edition, ASM Press, Washington, D.C. & Sinauer Associates, Inc., Sunderland, Massachusetts.

# A cell can express different genes at different rates

Una célula puede expresar diferentes genes a diferentes tasas, y esta regulación es fundamental para el funcionamiento y la adaptación de la célula a su entorno y a las necesidades del organismo

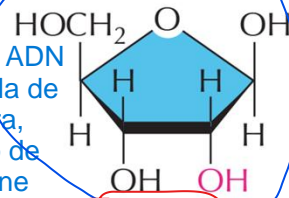


# The chemical structure of RNA differs slightly from that of DNA

La estructura química del ARN (ácido ribonucleico) difiere ligeramente de la del ADN (ácido desoxirribonucleico) en varios aspectos clave

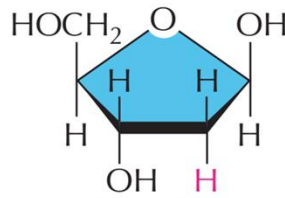
## (A) SUGAR DIFFERENCES

Tanto el ARN como el ADN contienen una molécula de azúcar en su estructura, pero difieren en el tipo de azúcar. El ARN contiene ribosa, mientras que el ADN contiene desoxirribosa



ribose

used in RNA

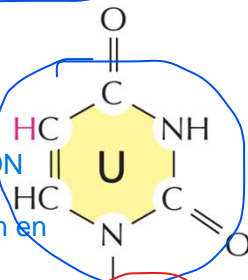


deoxyribose

used in DNA

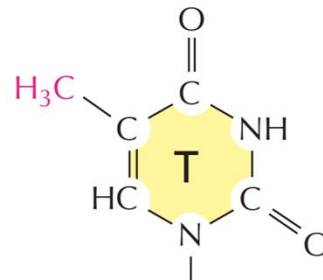
## (B) BASE DIFFERENCES

Tanto el ARN como el ADN contienen cuatro bases nitrogenadas, pero difieren en una de ellas. Las bases nitrogenadas en común son adenina (A), citosina (C) y guanina (G). Sin embargo, en lugar de timina (T) presente en el ADN, el ARN contiene uracilo (U)



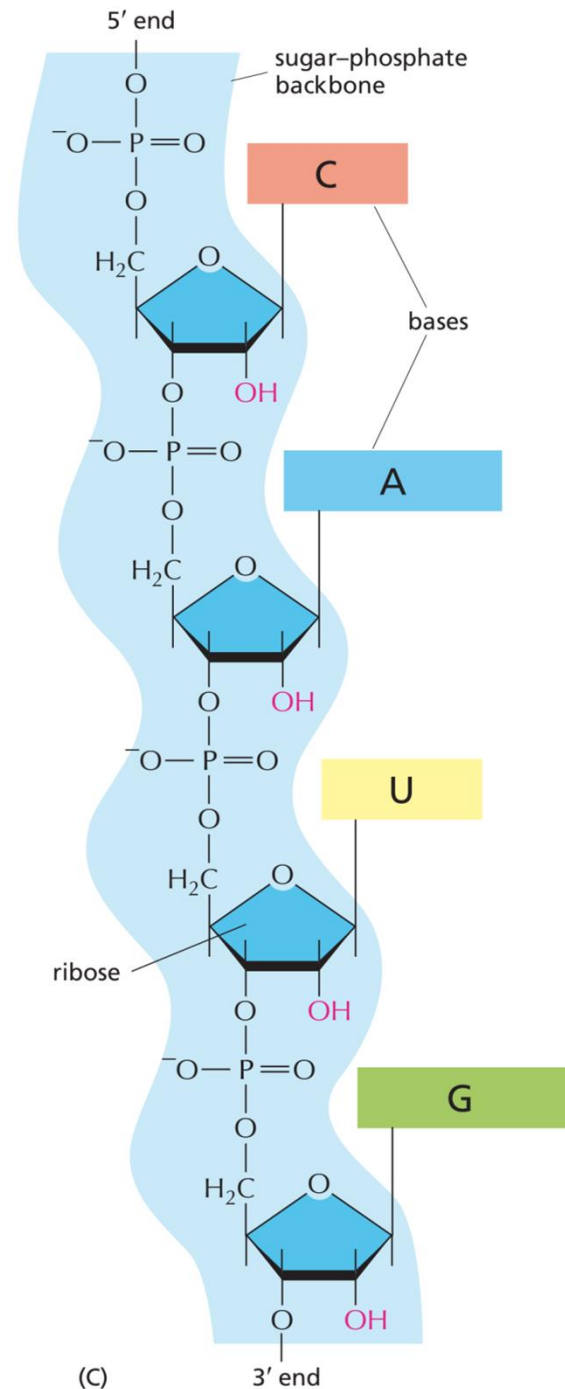
uracil

used in RNA



thymine

used in DNA

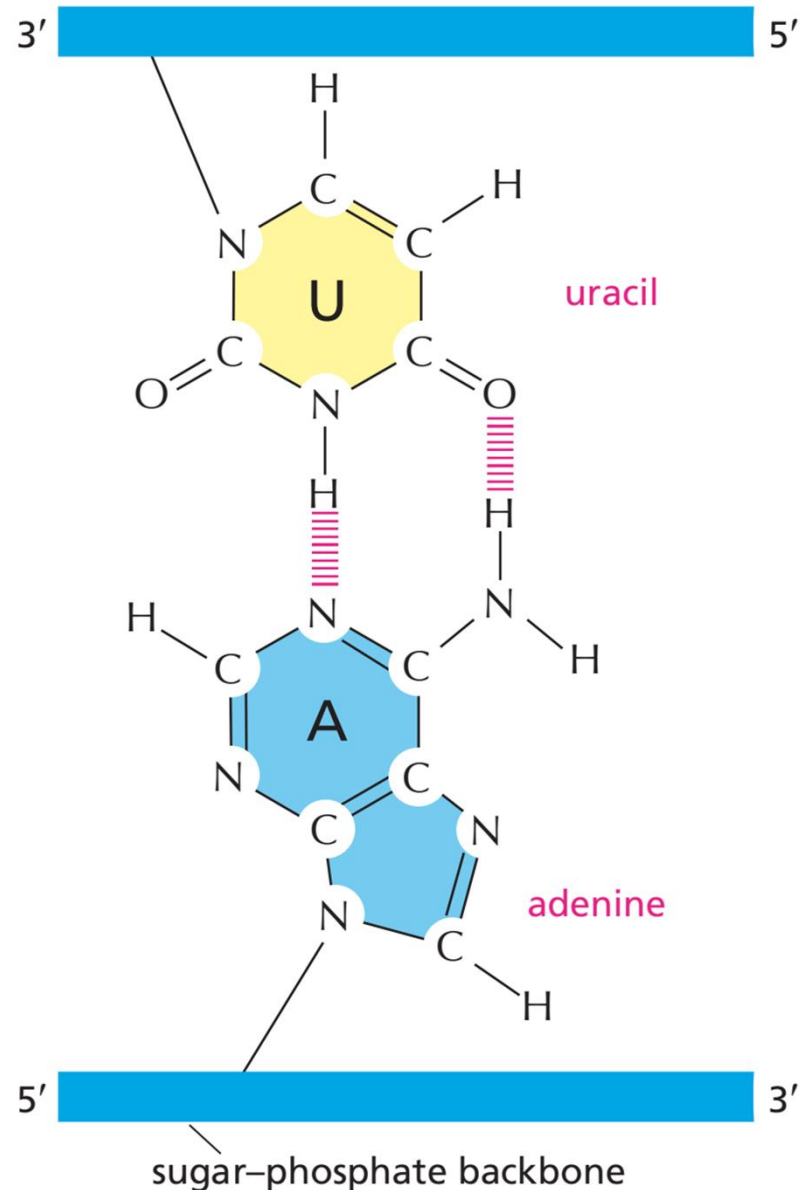


## Uracil forms a base pair with adenine

En el ARN, la uracila (U) forma un par de bases con la adenina (A) mediante enlaces de hidrógeno, similar al emparejamiento de bases que ocurre en el ADN. Las reglas de emparejamiento para el ARN son las siguientes:

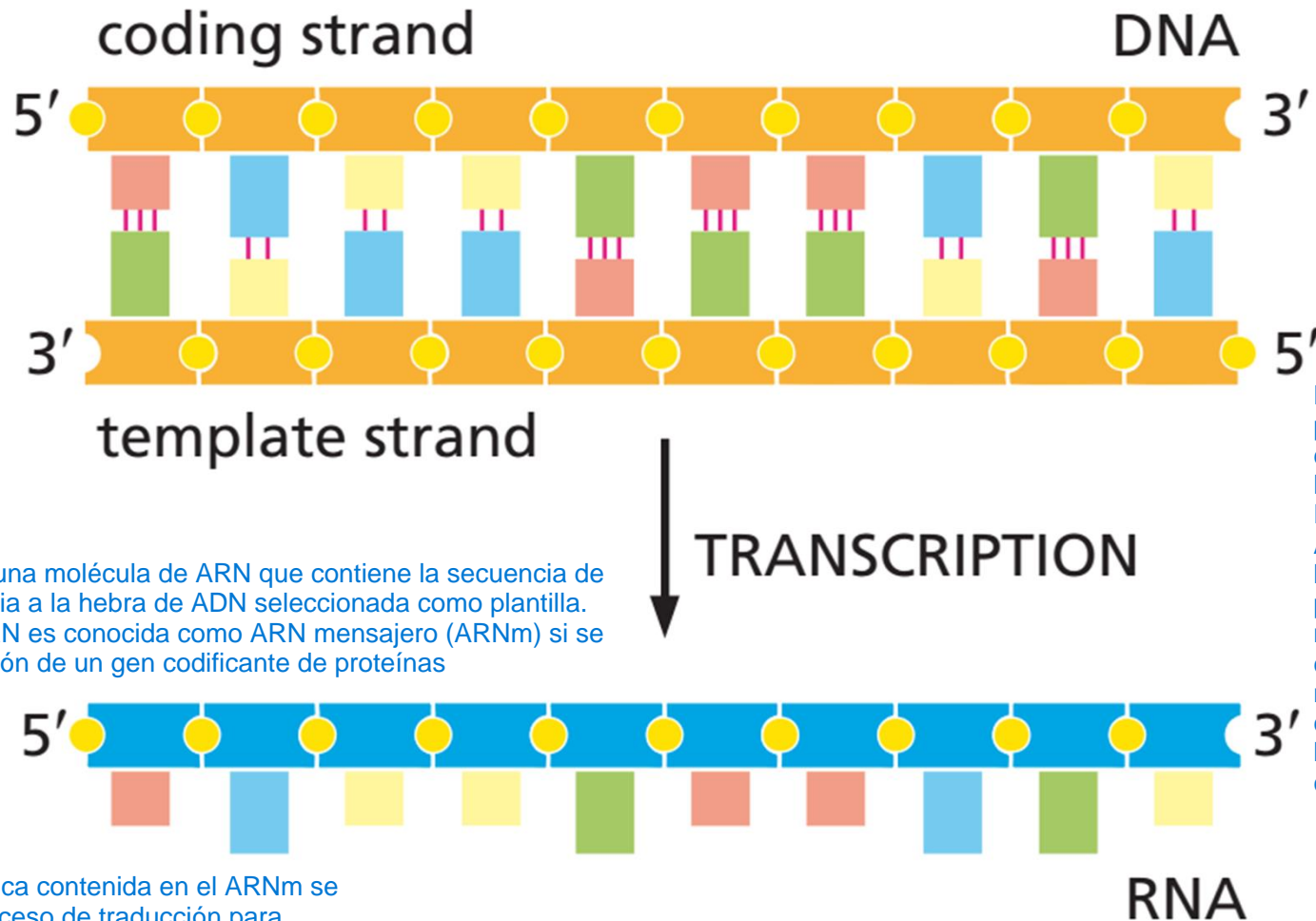
La adenina (A) en el ARN forma dos enlaces de hidrógeno con la uracila (U).  
La guanina (G) en el ARN forma tres enlaces de hidrógeno con la citosina (C)

Este emparejamiento de bases es esencial para procesos como la transcripción, donde las moléculas de ARN se sintetizan utilizando una hebra de ADN como plantilla. El emparejamiento complementario asegura que la molécula de ARN producida sea una copia complementaria de la plantilla de ADN, con uracila reemplazando a la timina en la hebra de ARN





# Transcription of a gene produces an RNA complementary to one strand of DNA

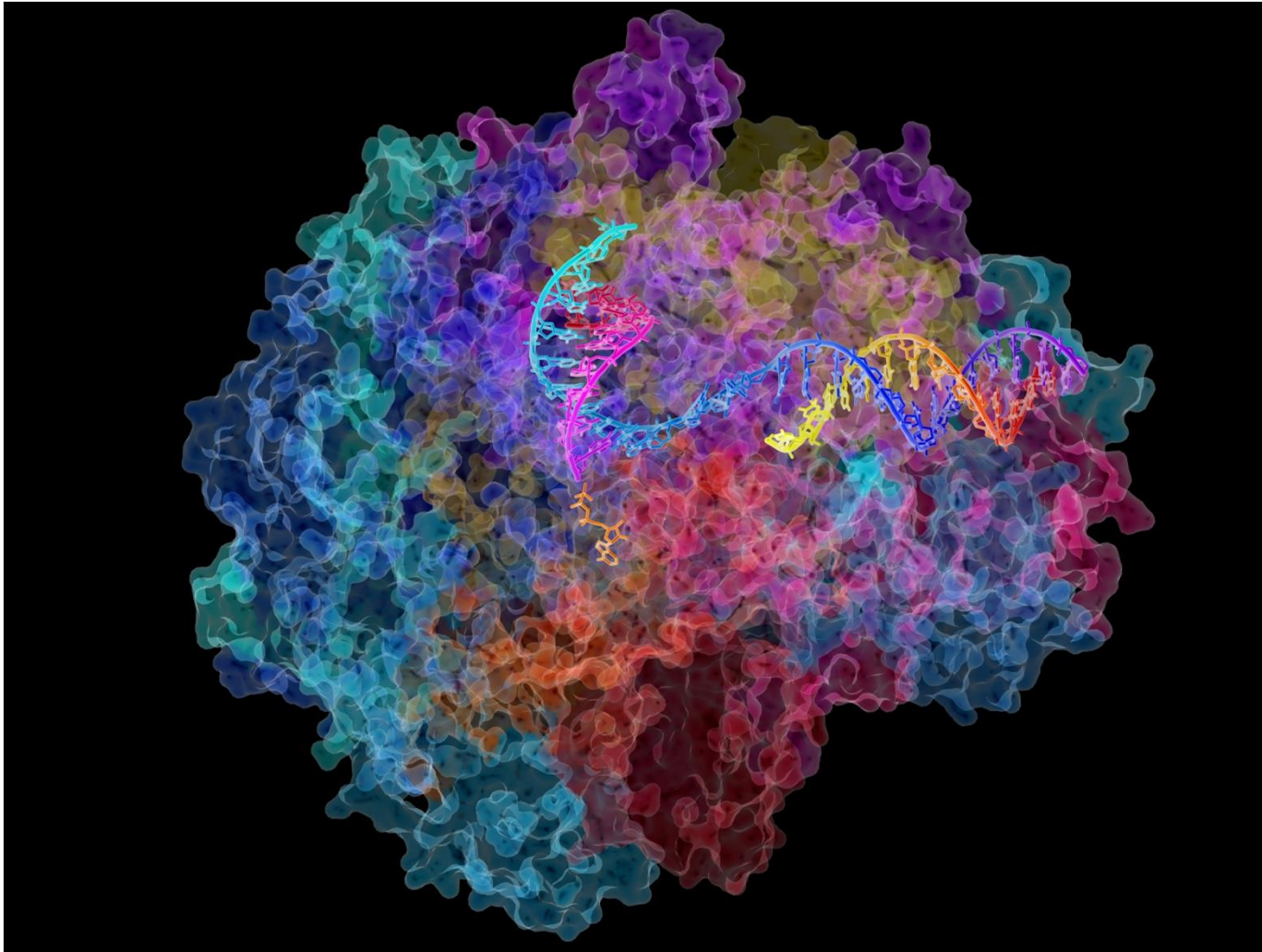


El resultado final es una molécula de ARN que contiene la secuencia de bases complementaria a la hebra de ADN seleccionada como plantilla. Esta molécula de ARN es conocida como ARN mensajero (ARNm) si se trata de la transcripción de un gen codificante de proteínas

La transcripción de un gen produce un ARN complementario a una de las hebras del ADN. Durante la transcripción, la ARN polimerasa utiliza una hebra de ADN como plantilla para sintetizar una molécula de ARN complementaria. Esta molécula de ARN es una copia complementaria de la hebra de ADN utilizada como plantilla

La información genética contenida en el ARNm se utiliza luego en el proceso de traducción para sintetizar una proteína específica

## Características de Funcionamiento de RNA pol-II



Fuente: <https://www.flickr.com/photos/nihgov/23523994309>

# Tipos de Factores de Transcripción utilizados por RNA-pol-II

Los factores de transcripción son proteínas o complejos proteicos que desempeñan un papel clave en la regulación de la expresión génica. Estas proteínas se unen al ADN en regiones específicas llamadas elementos reguladores y pueden activar o inhibir la transcripción de genes, lo que afecta la producción de ARN y, en última instancia, la síntesis de proteínas en una célula

- Factores de Transcripción Generales
- Factores de Transcripción Reguladores

# **Tipos de Factores de Transcripción utilizados por RNA-pol-II**

- Factores de Transcripción Generales
  - Son necesarios para la expresión de todos los genes codificantes para proteínas.

# **Tipos de Factores de Transcripción utilizados por RNA-pol-II**

- Factores de Transcripción Generales
- Factores de Transcripción Reguladores
  - Son necesarios para la transcripción de genes específicos. La expresión de diferentes grupos de genes, requieren diferentes Factores de Transcripción Reguladores.

# RNA-polimerasa II Holoenzima

La holoenzima de la ARN polimerasa II consta de varias subunidades proteicas que trabajan en conjunto para llevar a cabo la transcripción de genes codificantes de proteínas. Las subunidades principales de la holoenzima incluyen:

Polymerase II holoenzyme

La helicasa es una enzima esencial en la replicación del ADN y en la transcripción del ADN en ARN. Su función principal es desenrollar y separar las dos hebras de ADN que forman la doble hélice, lo que permite que otras enzimas, como las ADN polimerasas y las ARN polimerasas, tengan acceso a las hebras desenrolladas para llevar a cabo la síntesis de nuevas cadenas de ADN o ARN

TF-II-H:  
Helicasa  
Kinasa

ARN Polimerasa II: Es la subunidad central de la holoenzima y realiza la síntesis del ARN utilizando una hebra de ADN como plantilla. Es responsable de la elongación de la cadena de ARN.

Factores de Transcripción Generales

Factores de Transcripción Generales: Los factores de transcripción generales, como TFIID, TFIIB, TFIIF, TFIIE y TFIIH, se asocian con la holoenzima para ayudar en el inicio y la regulación de la transcripción.

Complejo de Inicio: Este complejo, también conocido como complejo preiniciador, incluye la holoenzima de la ARN polimerasa II unida al promotor del gen. En el momento adecuado, este complejo se desencadena para iniciar la síntesis de ARN.

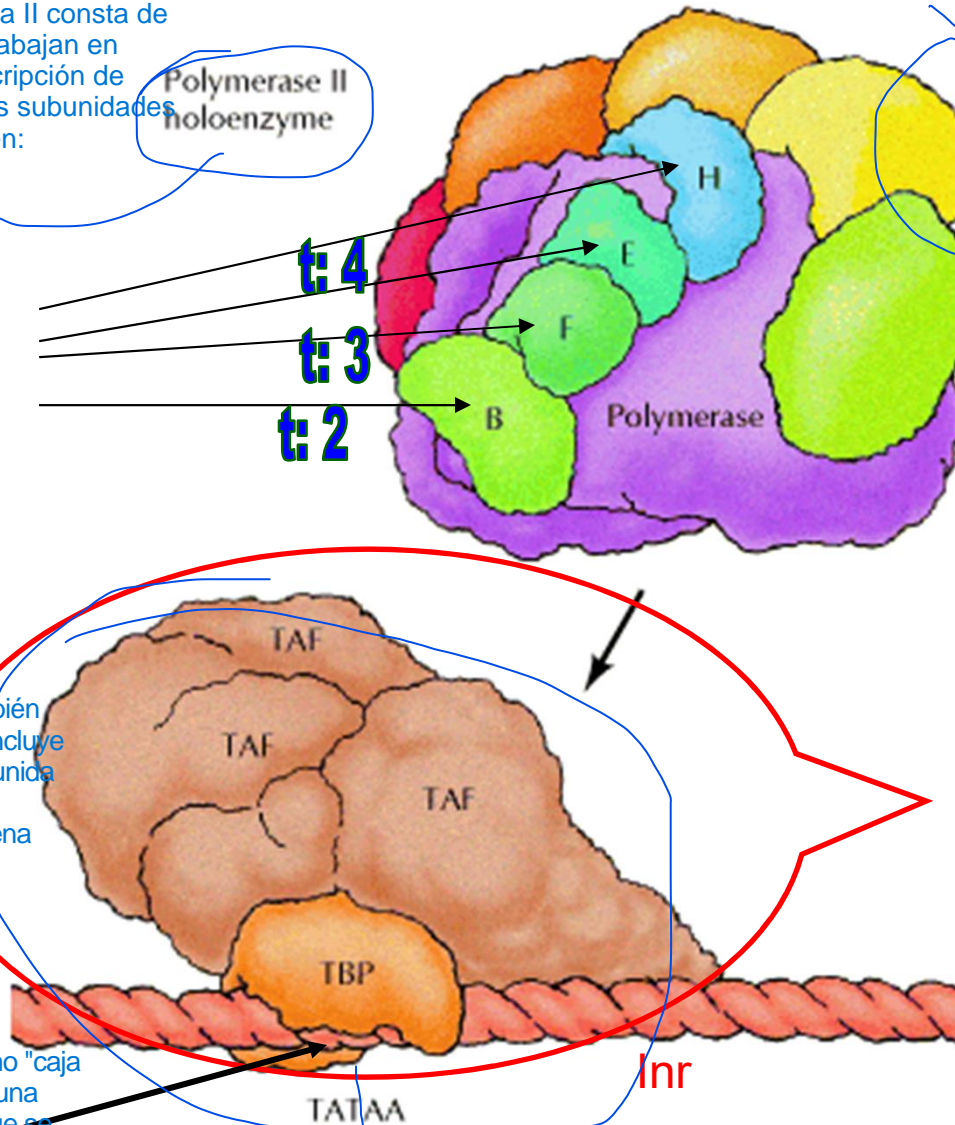
En resumen, la ARN polimerasa II holoenzima es la forma completa y funcional de la ARN polimerasa II que realiza la transcripción de genes codificantes de proteínas en células eucariotas.

TF-II-D:  
TBP Associated  
Factors + TBP

TBP se une a  
Promotores con o sin  
Caja TATA

La "caja TATA", también conocida como "caja TATA box" o "caja TATA element", es una secuencia de nucleótidos específica que se encuentra en el ADN cerca del inicio de muchos genes eucariotas. Esta secuencia es crucial para la iniciación de la transcripción genética, ya que sirve como un sitio de unión para ciertos factores de transcripción y la ARN polimerasa

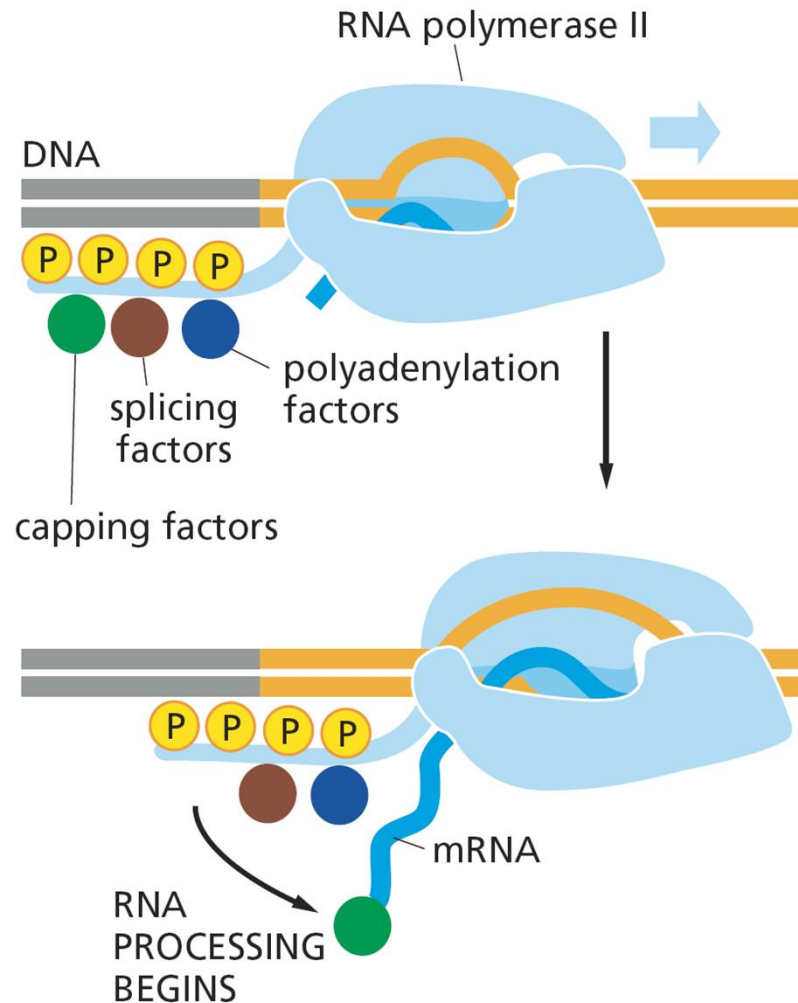
Caja TATA





# Phosphorylation of the tail of RNA polymerase II allows RNA-processing proteins to assemble there

La fosforilación de la cola de la ARN polimerasa II permite que las proteínas encargadas del procesamiento del ARN se ensamblen allí. En la transcripción de genes en células eucariotas, la ARN polimerasa II es la enzima responsable de la síntesis de ARN. Después de iniciar la transcripción, la ARN polimerasa II tiene una región flexible y no estructurada conocida como la "cola" o "colita" (carboxiterminal) que se encuentra en el extremo de la enzima. Esta cola de la ARN polimerasa II puede ser fosforilada en múltiples sitios por cinasas, lo que modifica su estructura y crea sitios de unión para proteínas específicas



Uno de los roles más importantes de la fosforilación de la cola de la ARN polimerasa II es permitir la unión de proteínas relacionadas con el procesamiento del ARN, como las proteínas de empalme (spliceosome) y otros factores de procesamiento. Estas proteínas se ensamblan en la cola fosforilada de la ARN polimerasa II y participan en eventos como el corte y empalme del ARN, que son esenciales para la formación del ARNm maduro y funcional

# Procesamiento de mRNA en Eucariotes

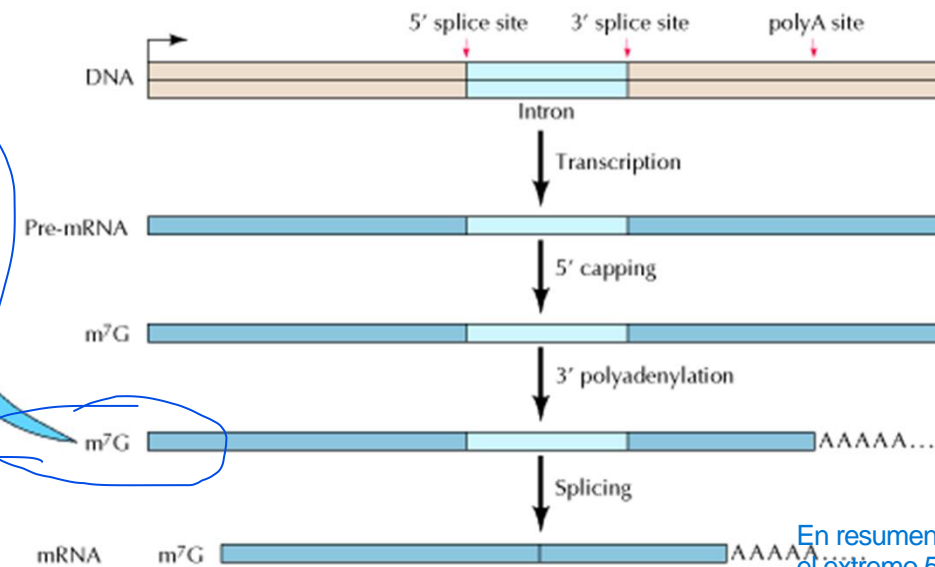
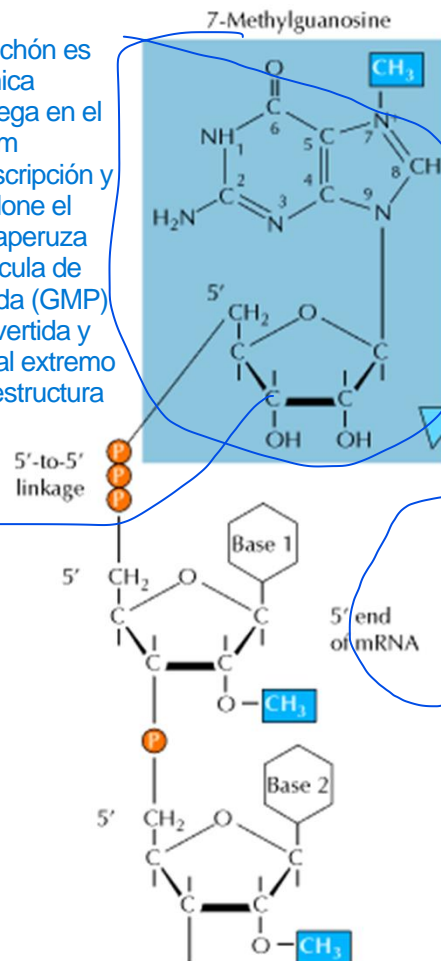
1. Adición de caperuza en el extremo 5'
2. Poli-adenilación en extremo 3'
3. Corte y empalme de intrones



# Procesamiento de mRNA en Eucariotes

## Adición de caperuza en el extremo 5'

La caperuza o capuchón es una estructura química especial que se agrega en el extremo 5' del ARNm después de su transcripción y antes de que abandone el núcleo celular. La caperuza consta de una molécula de guanosina modificada (GMP) unida de manera invertida y enlace fosfodiéster al extremo 5' del ARNm. Esta estructura se llama "cap 5"



La caperuza protege al ARNm de la degradación por enzimas nucleasas y estabiliza la molécula

La caperuza es esencial para el reconocimiento del ARNm por parte de los ribosomas durante la traducción. Los ribosomas se unen al extremo 5' caperuza del ARNm antes de iniciar la síntesis de proteínas

En resumen, la adición de caperuza en el extremo 5' del ARNm es una modificación esencial para garantizar la estabilidad, el reconocimiento y la función del ARNm en el proceso de traducción de proteínas

# Procesamiento de mRNA en Eucariotes

## Poli-adenilación en extremo 3'

Los elementos downstream también pueden ser reconocidos por proteínas reguladoras de la transcripción que afectan la expresión génica. Estas proteínas pueden ayudar a iniciar o a detener la transcripción del gen

Los elementos downstream se encuentran en la región "aguas abajo" del promotor de un gen, en la dirección de la transcripción. Están más cerca del sitio de inicio de la transcripción

Los elementos upstream se encuentran en la región "aguas arriba" del promotor de un gen, es decir, en la dirección opuesta a la transcripción. Estas secuencias pueden estar a cientos o incluso miles de bases nitrogenadas antes del sitio de inicio de la transcripción

Los elementos upstream a menudo contienen secuencias de ADN a las que se unen proteínas reguladoras, como factores de transcripción, que ayudan a activar o reprimir la transcripción del gen

Los elementos upstream pueden ser sitios de unión para factores de transcripción que mejoran la expresión génica al aumentar la actividad de la ARN polimerasa o facilitar el acceso a la maquinaria de transcripción

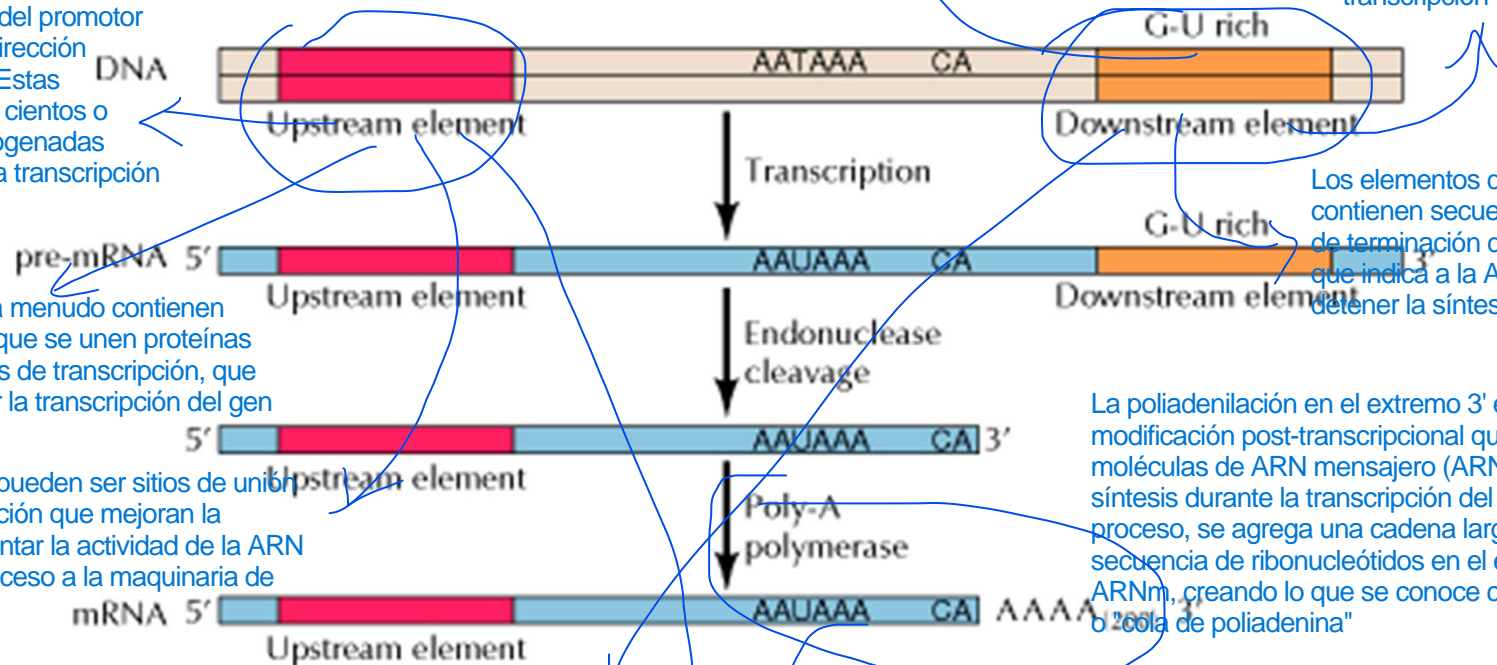
En conjunto, los elementos upstream y downstream son importantes para la regulación precisa de la transcripción génica. Las proteínas reguladoras de la transcripción que se unen a estos elementos pueden influir en la tasa de transcripción y determinar si un gen se transcribe en una célula específica y en qué cantidad

Los elementos downstream a veces contienen secuencias que son sitios de terminación de la transcripción, lo que indica a la ARN polimerasa dónde detener la síntesis del ARN.

La poliadenilación en el extremo 3' es un proceso de modificación post-transcripcional que ocurre en las moléculas de ARN mensajero (ARNm) después de su síntesis durante la transcripción del ADN. En este proceso, se agrega una cadena larga de adenina (A) a la secuencia de ribonucleótidos en el extremo 3' del ARNm, creando lo que se conoce como la "cola poli-A" o "cola de poliadenina"

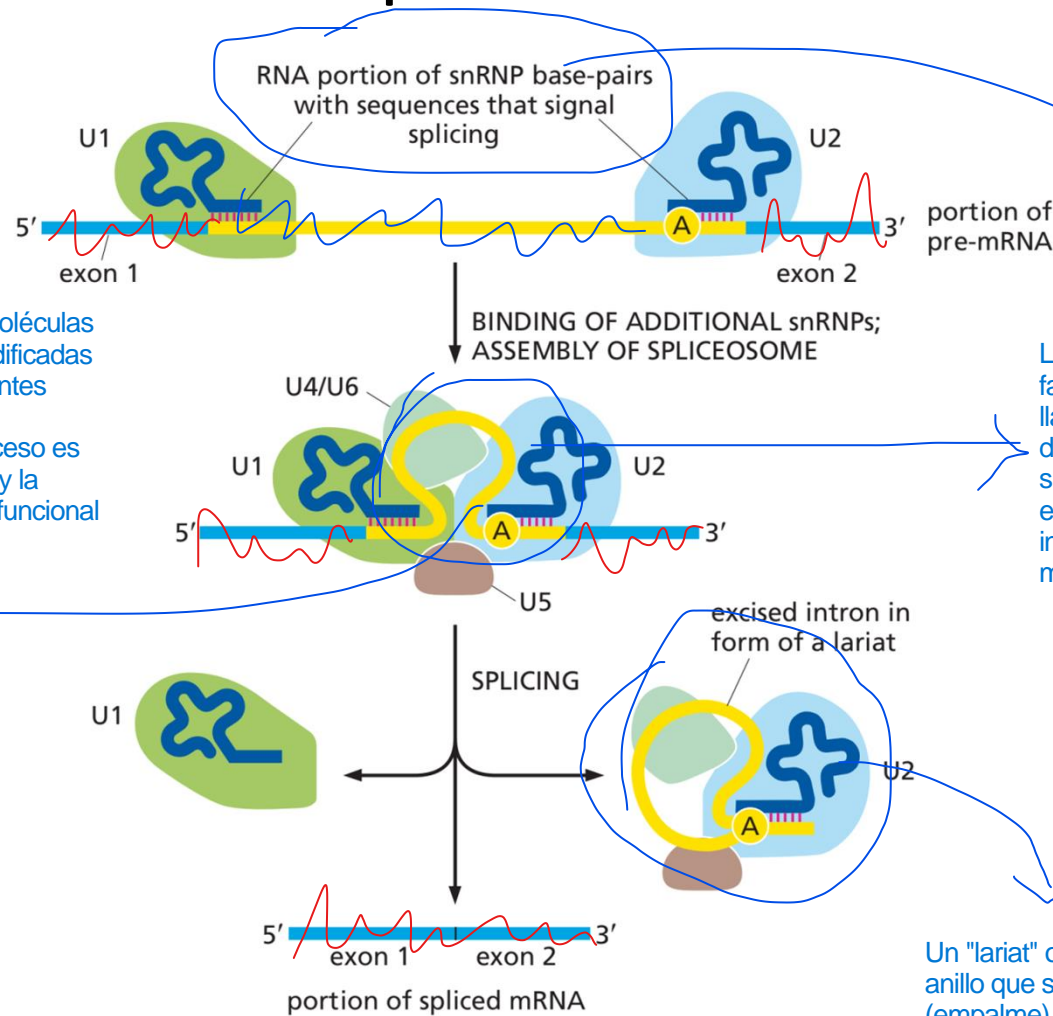
La cola poli-A proporciona estabilidad al ARNm, protegiéndolo de la degradación por nucleasas

La presencia de la cola poli-A es un marcador de terminación en la traducción de proteínas



# Splicing is carried out by a collection of RNA–protein complexes called snRNPs

El splicing (empalme) es un proceso de procesamiento del ARN en el que las moléculas de ARN precursor (pre-ARNm) son modificadas para eliminar las secuencias no codificantes llamadas intrones y unir las secuencias codificantes llamadas exones. Este proceso es esencial para la maduración del ARNm y la generación de una molécula de ARNm funcional que pueda ser traducida en proteínas

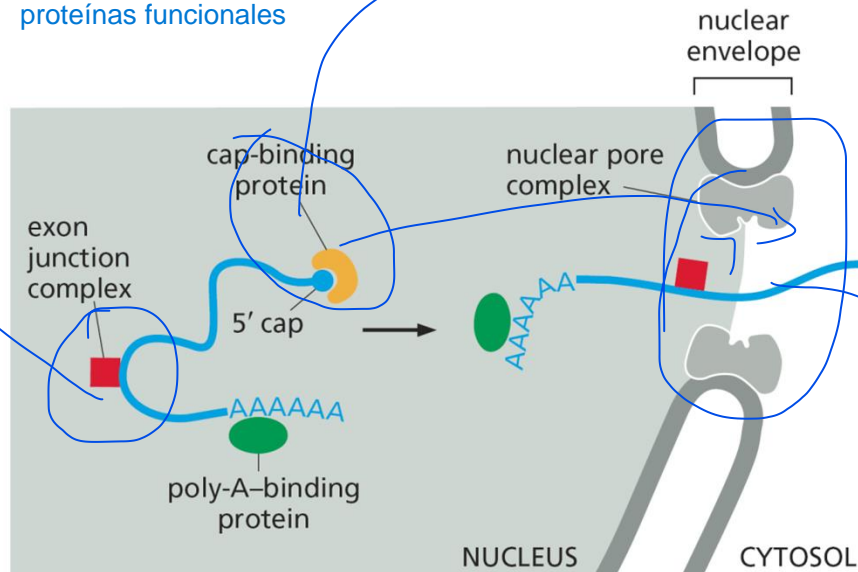


Los snRNPs, junto con otras proteínas y factores de empalme, forman un conjunto llamado spliceosoma, que es responsable de llevar a cabo el empalme del ARNm. El spliceosoma reconoce las secuencias de empalme en el ARN precursor, elimina los intrones y une los exones para formar una molécula de ARNm madura

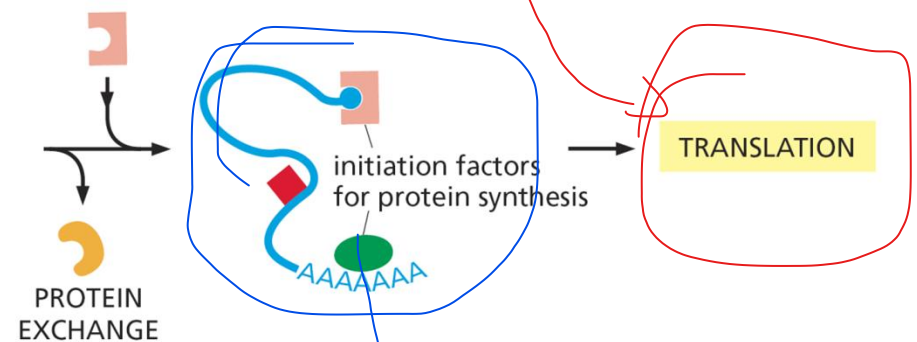
Un "lariat" o "lazo" es una estructura en forma de anillo que se forma durante el proceso de splicing (empalme) del ARN precursor (pre-ARNm) en el núcleo de una célula eucariota. La formación de un lariat es una etapa importante en el proceso de eliminación de los intrones (secuencias no codificantes) y la unión de los exones (secuencias codificantes) para generar un ARN mensajero (ARNm) funcional

# A specialized set of RNA-binding proteins signals that a mature mRNA is ready for export to the cytosol

el complejo de empalme de exones (EJC) es un complejo de proteínas y ARN que se forma en las moléculas de ARNm maduras después del empalme. Desempeña funciones importantes en el control de calidad del ARNm, la mejora de la traducción y la regulación del empalme. Una de sus funciones clave es marcar los ARNm con codones de terminación prematura para su degradación, asegurando la producción de proteínas funcionales



Un conjunto especializado de proteínas que se unen al ARN (proteínas de unión al ARN) señala que un ARN mensajero (ARNm) maduro está listo para ser exportado al citoplasma desde el núcleo de la célula. Este proceso de exportación del ARNm es esencial para que el ARNm pueda ser traducido en proteínas en los ribosomas del citoplasma



Una vez que el ARNm maduro está unido a las proteínas de exportación, se le permite pasar a través de los poros nucleares que separan el núcleo del citoplasma. Este proceso de exportación es altamente regulado y asegura que solo los ARNm maduros y procesados sean transportados al citoplasma

Una vez en el citoplasma, el ARNm se encuentra con los ribosomas y se inicia la traducción para sintetizar proteínas de acuerdo con la información genética codificada en el ARNm