

CLASE

EXPRESIÓN DE LA INFORMACIÓN GENÉTICA

Aprendizajes esperados

- Identificar las características de los diferentes tipos de ARN.
- Explicar el proceso de transcripción del ARN.
- Describir las etapas del proceso de traducción de la información genética.
- Deducir la relación de complementación entre ADN, ARNm y secuencia de proteínas.
- Explicar las consecuencias que puede tener la alteración de la secuencia del ADN en la expresión del mensaje genético.



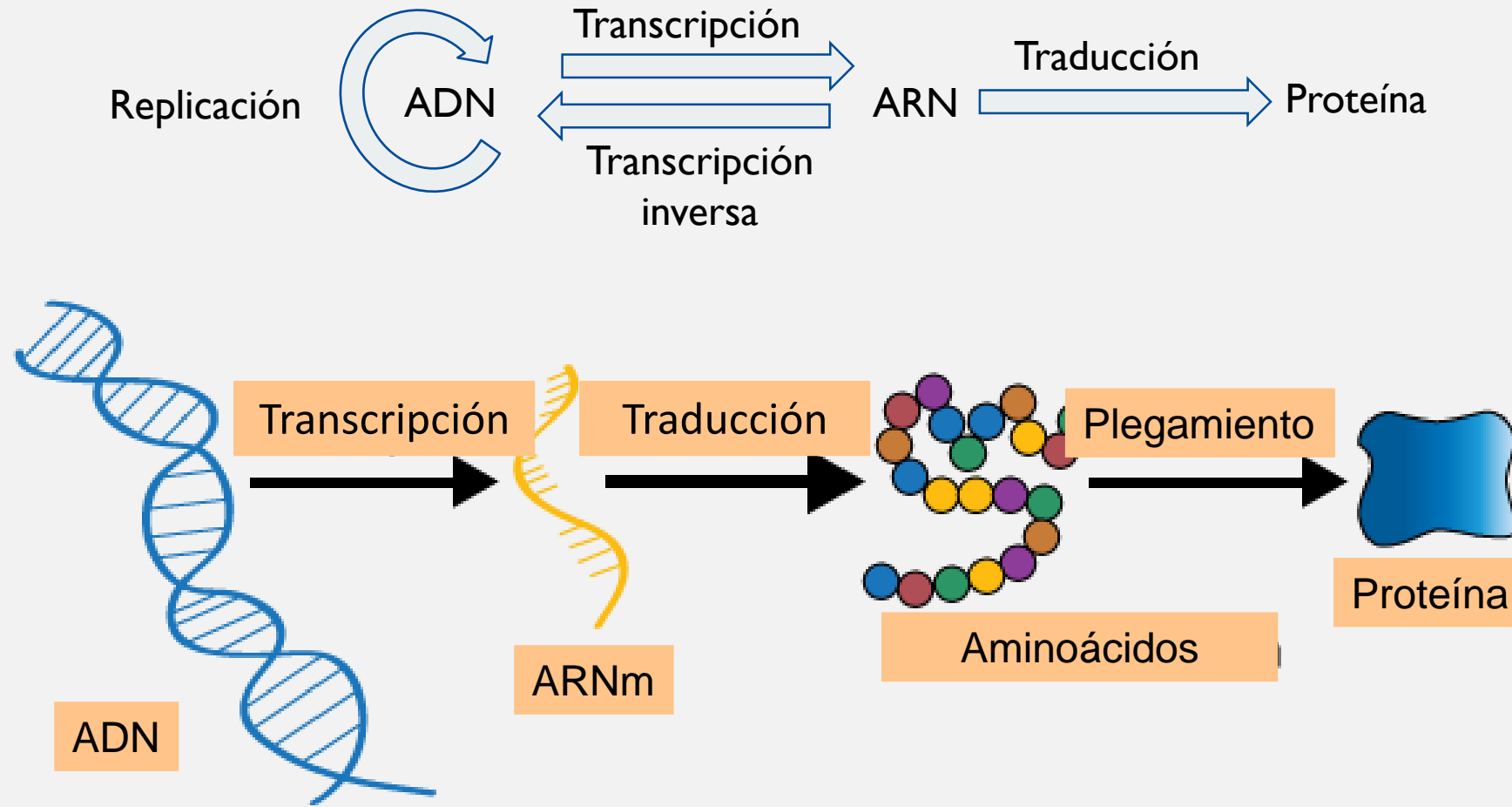
1. Conceptos generales
2. ARN
3. Proceso de transcripción
4. Proceso de traducción



1. Conceptos generales



1.1 Dogma central de la biología molecular

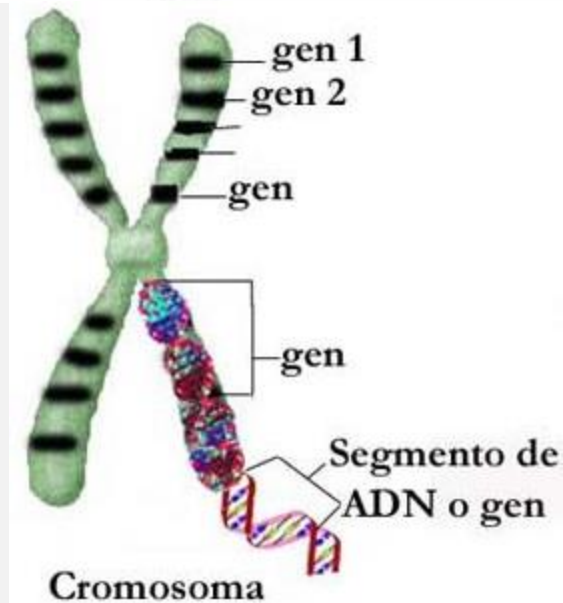
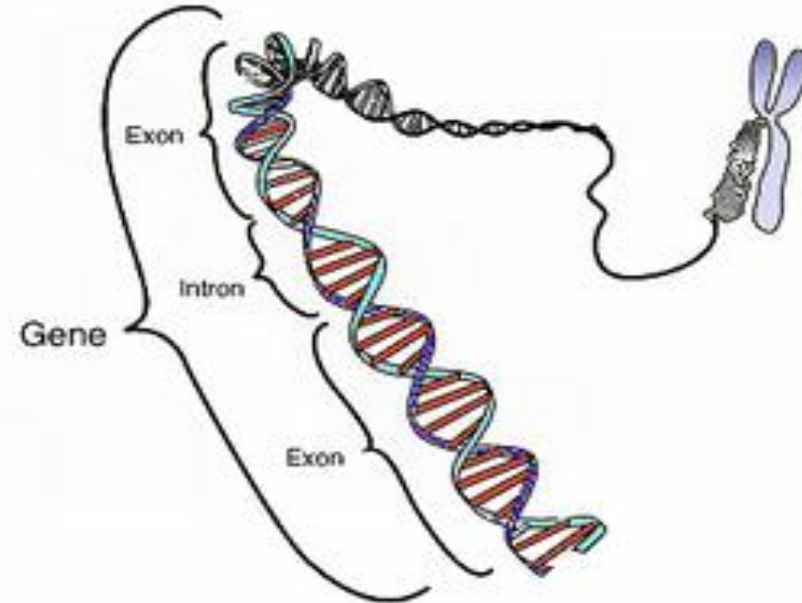


1. Conceptos generales



1.2 Definición de gen

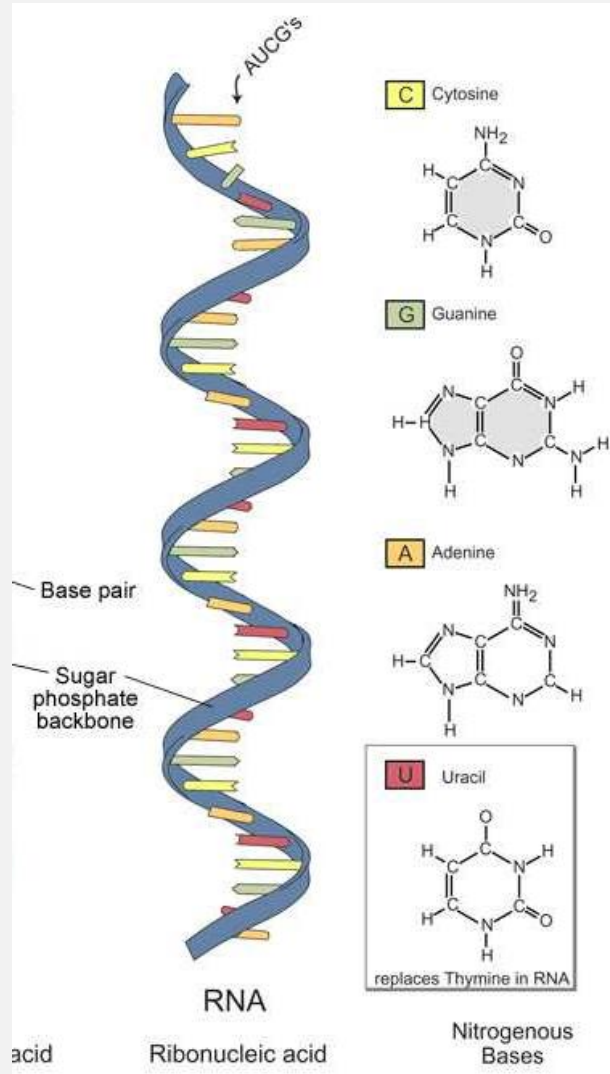
- Es una secuencia de nucleótidos en la molécula de ADN, equivalente a una **unidad de transcripción**.
- Contiene la información a partir de la cual se sintetiza un polipéptido, una enzima, un ácido ribonucleico (mensajero, de transferencia, ribosomal) o pequeños ARNs reguladores.
- En el genoma humano, la mayoría de los genes son únicos y se expresan en forma independiente.



2. ARN



2.1 Estructura del ARN



Características:

El **ARN** esta formado por una cadena simple de nucleótidos.

Cada nucleótido del ARN presenta:

- **Ribosa** como azúcar pentosa.
- Un grupo fosfato.
- Una base nitrogenada que puede ser: Adenina (A), Citosina (C), Guanina (G) y **Uracilo (U)**, en vez de Timina (T).

Función: Expresión de la información genética.

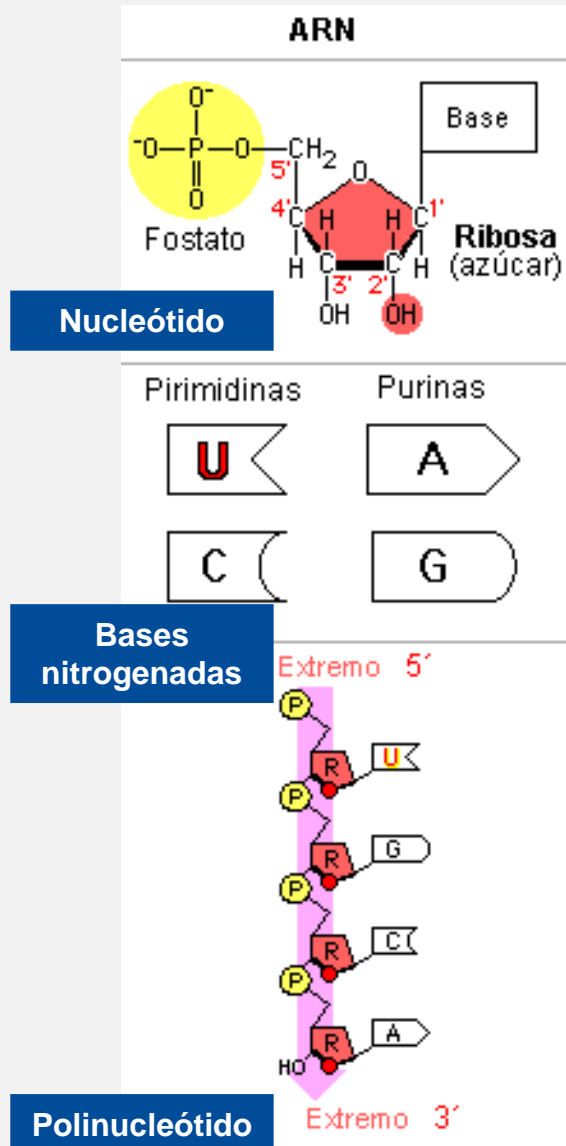
Existen tres principales:

- ARNm (mensajero).
- ARNt (de transferencia).
- ARNr (ribosomal).

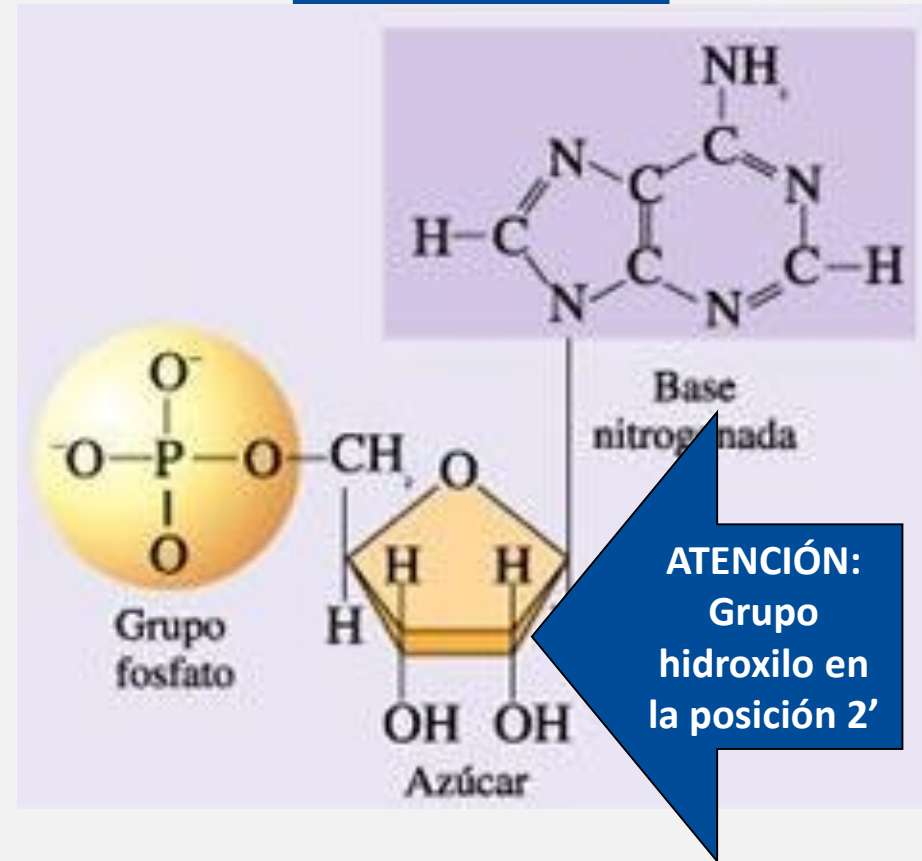
2. ARN



2.1 Estructura del ARN



Ribonucleótido



2. ARN

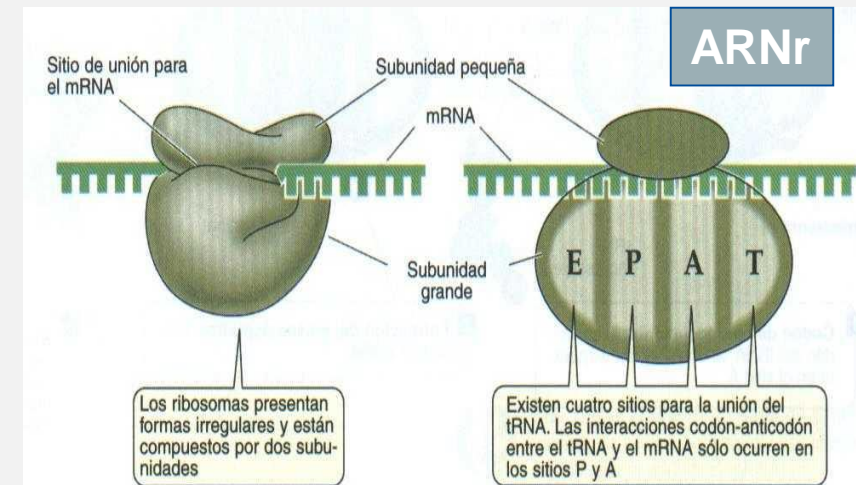
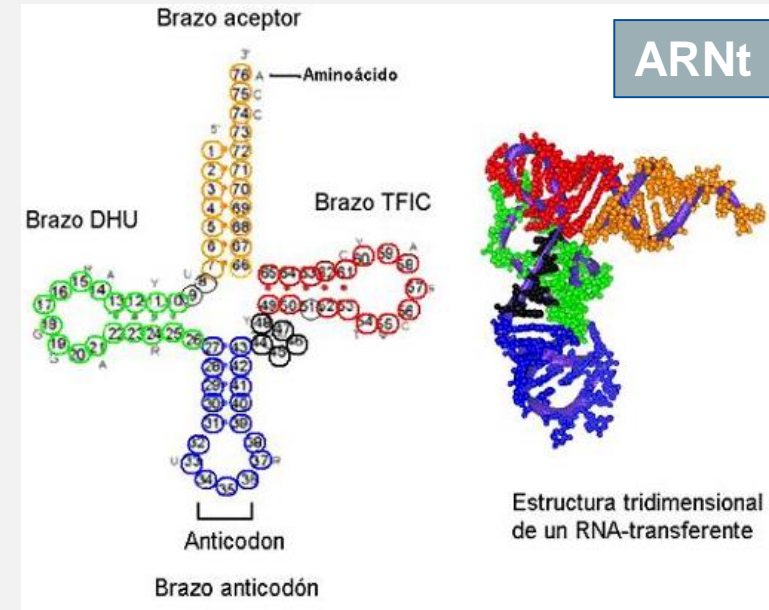
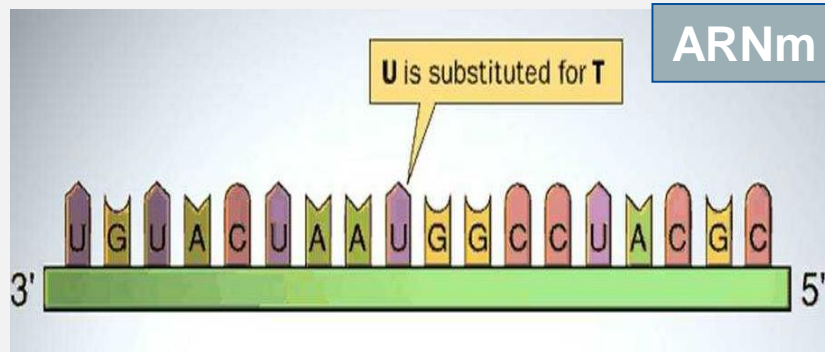


2.2 Tipos de ARN

ARN mensajero: lleva la información del ADN al ribosoma. Se organiza en secuencias de tres nucleótidos (tripletes), que se denominan **codones**, por ejemplo UGU.

ARN de transferencia: porta aminoácidos hacia el lugar de síntesis de proteínas, el ribosoma. Tiene un triplete de bases nitrogenadas denominado **anticodón**.

ARN ribosomal: junto con proteínas, forma la estructura de los ribosomas.



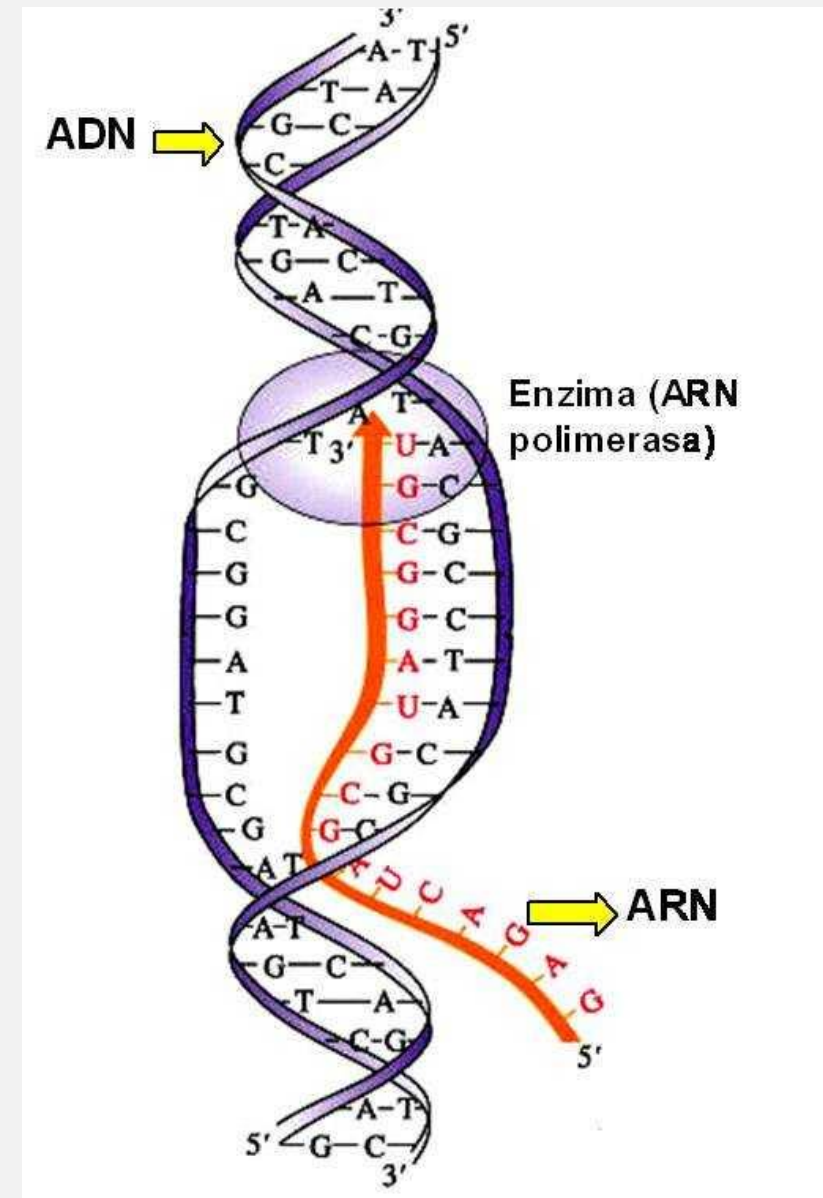
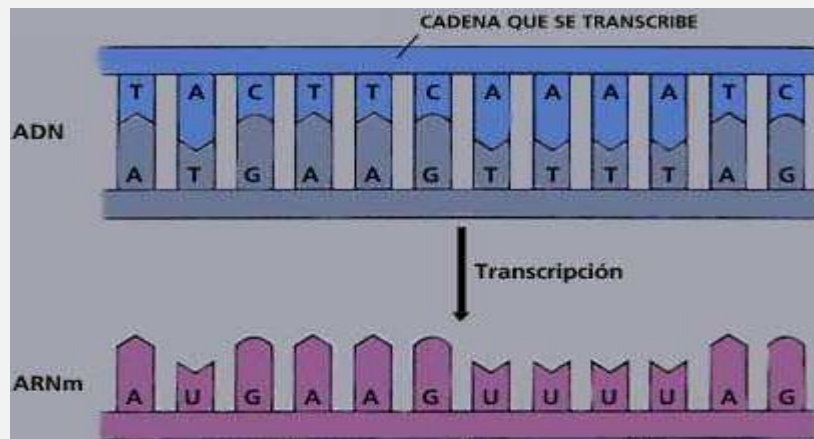
3. Proceso de transcripción

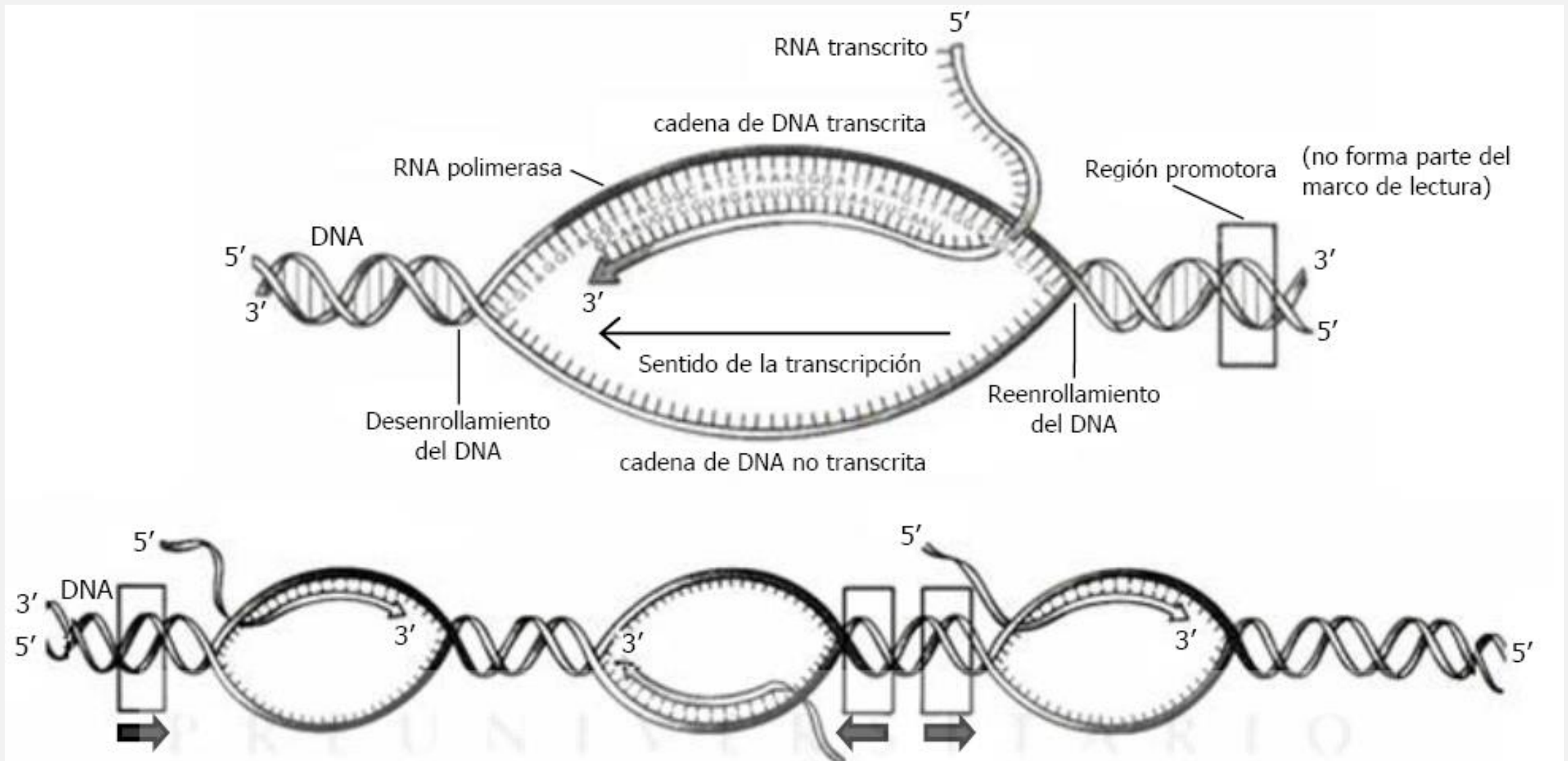


Todas las clases de ARN se forman por transcripción, que es una forma de copia del ADN diferente a la replicación.

En este proceso, se copia la información desde una hebra del ADN, la que se denomina **molde** o **templado**.

La enzima que sintetiza se llama **ARN polimerasa** y copia en sentido 5' a 3'





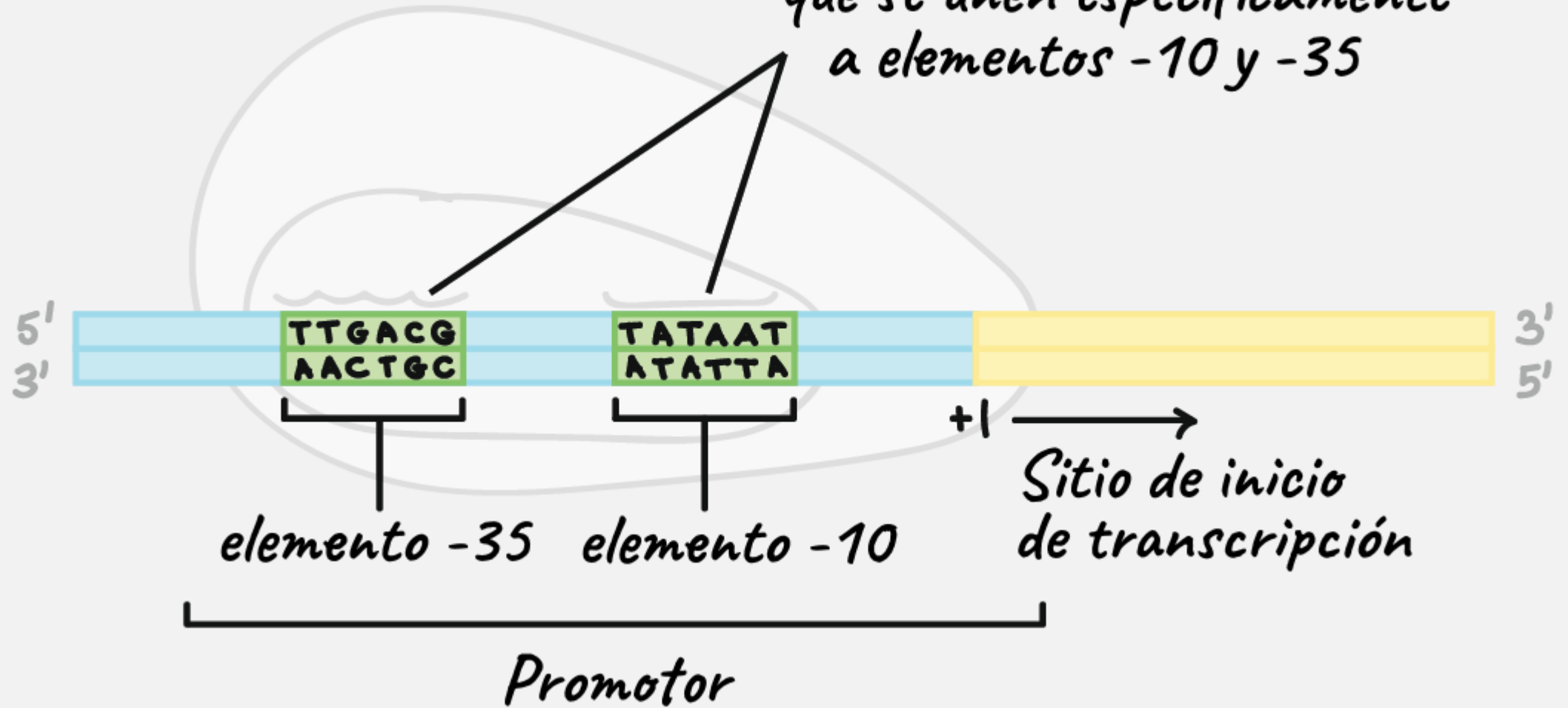
- La trascripción siempre es de **5' a 3'**, es decir, la elongación o crecimiento de la molécula de RNA es siempre por el extremo 3'.

3.1. ETAPAS DE LA TRANSCRIPCIÓN

- **I. Inicio**
- La RNA polimerasa se une fuertemente con una secuencia específica de DNA, llamada **promotor**.
- En el promotor se encuentran dos cortas secuencias situadas entre -35 y -10 nucleótidos del inicio (0) de la transcripción.
- La misión de las secuencias promotoras es indicar dónde se **inicia** la transcripción, en **cuál** de las dos hebras del DNA y en **qué**



Partes de ARN polimerasa
que se unen específicamente
a elementos -10 y -35

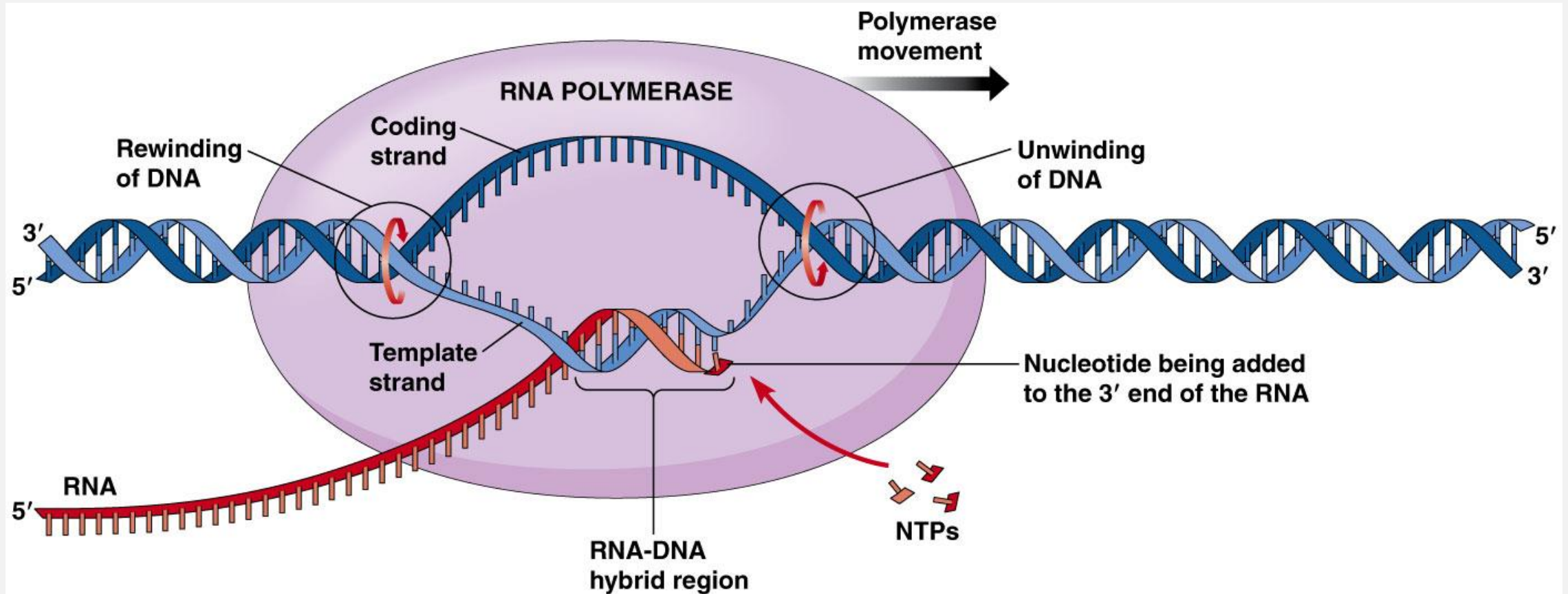


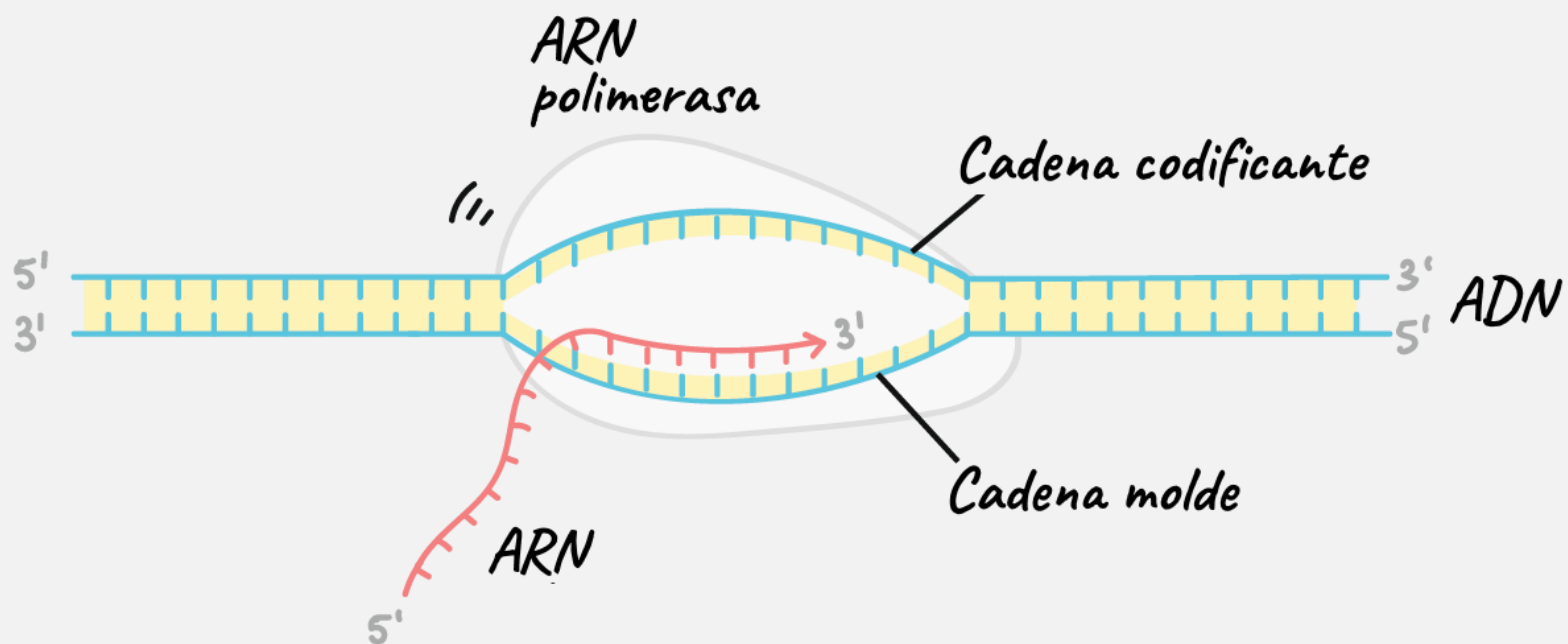
3.1. ETAPAS DE LA TRANSCRIPCIÓN

- **2. Elongación**

La RNA polimerasa abre una región localizada de la doble hélice, de forma que expone los nucleótidos de ambas cadenas de una pequeña zona del DNA. Una de las dos cadenas expuestas del DNA actúa como patrón para el apareamiento de las bases complementarias y se inicia la formación de una cadena de RNA. dirección 5' a 3' . El proceso de elongación de la cadena continúa hasta que la enzima encuentra una segunda secuencia especial del DNA, **la señal de terminación.**

2. ELONGACIÓN





Cadena codificante 5' ATGATCTCGTAA 3'

ARN 5' AUGAUC → 3'

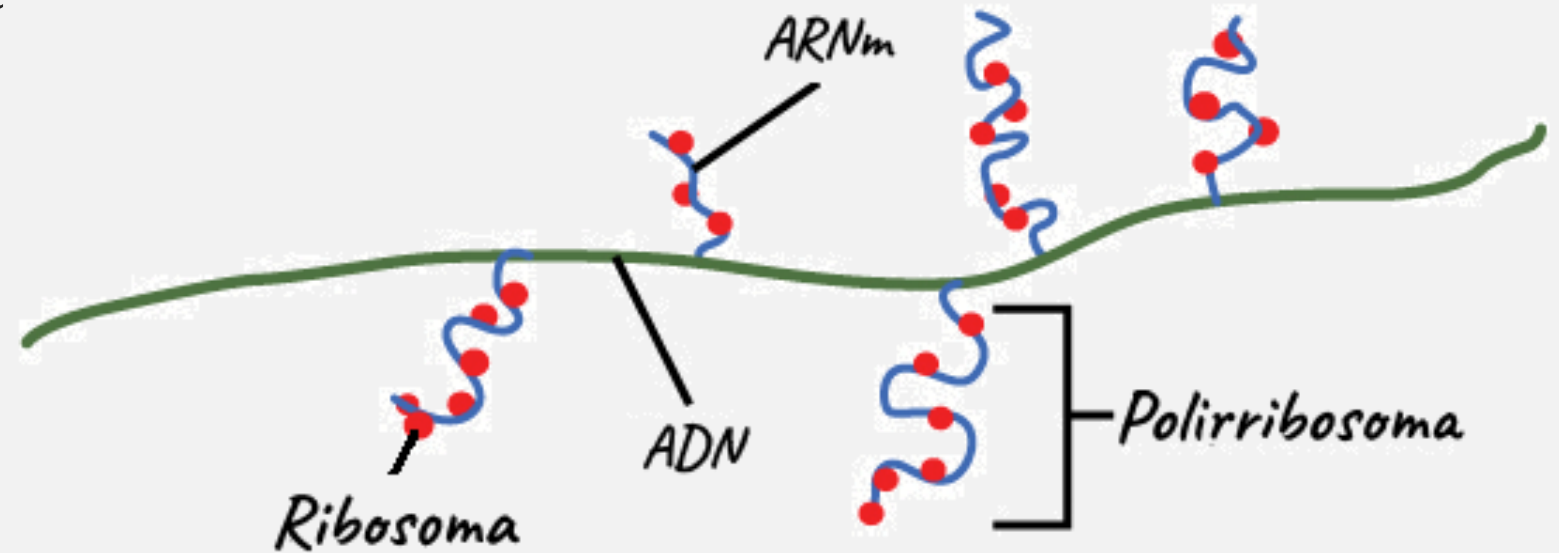
Cadena molde 3' TACTAGAGCATT 5'

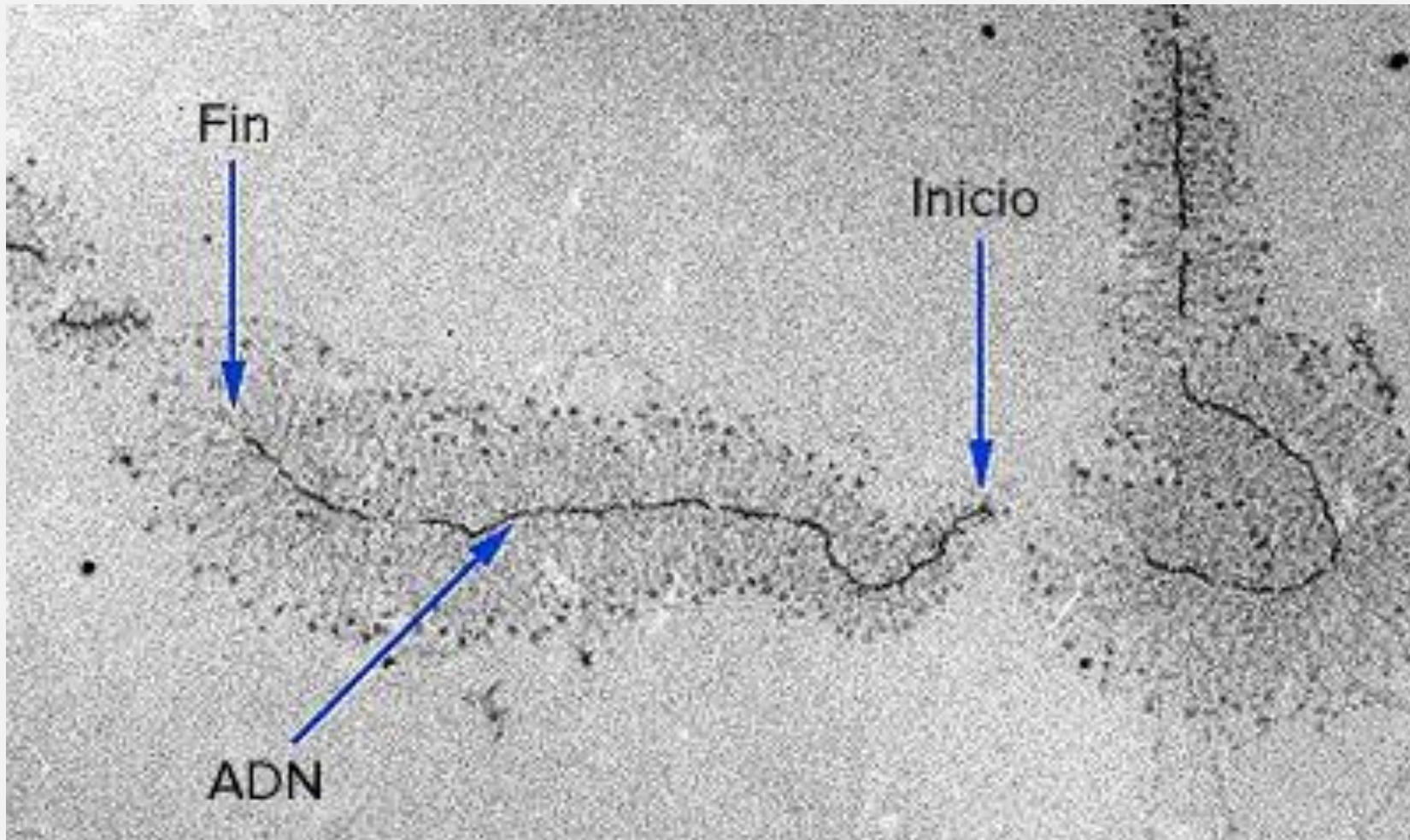
3.1. ETAPAS DE LA TRANSCRIPCIÓN

- **3.Término**
- Existen diversas señales de terminación en el DNA molde que son secuencias que desencadenan la separación de la enzima RNA polimerasa de la cadena molde y del RNA transcrito.

PROCARIONTES

- No hay maduración
- Policistrónico
- Polirribosoma





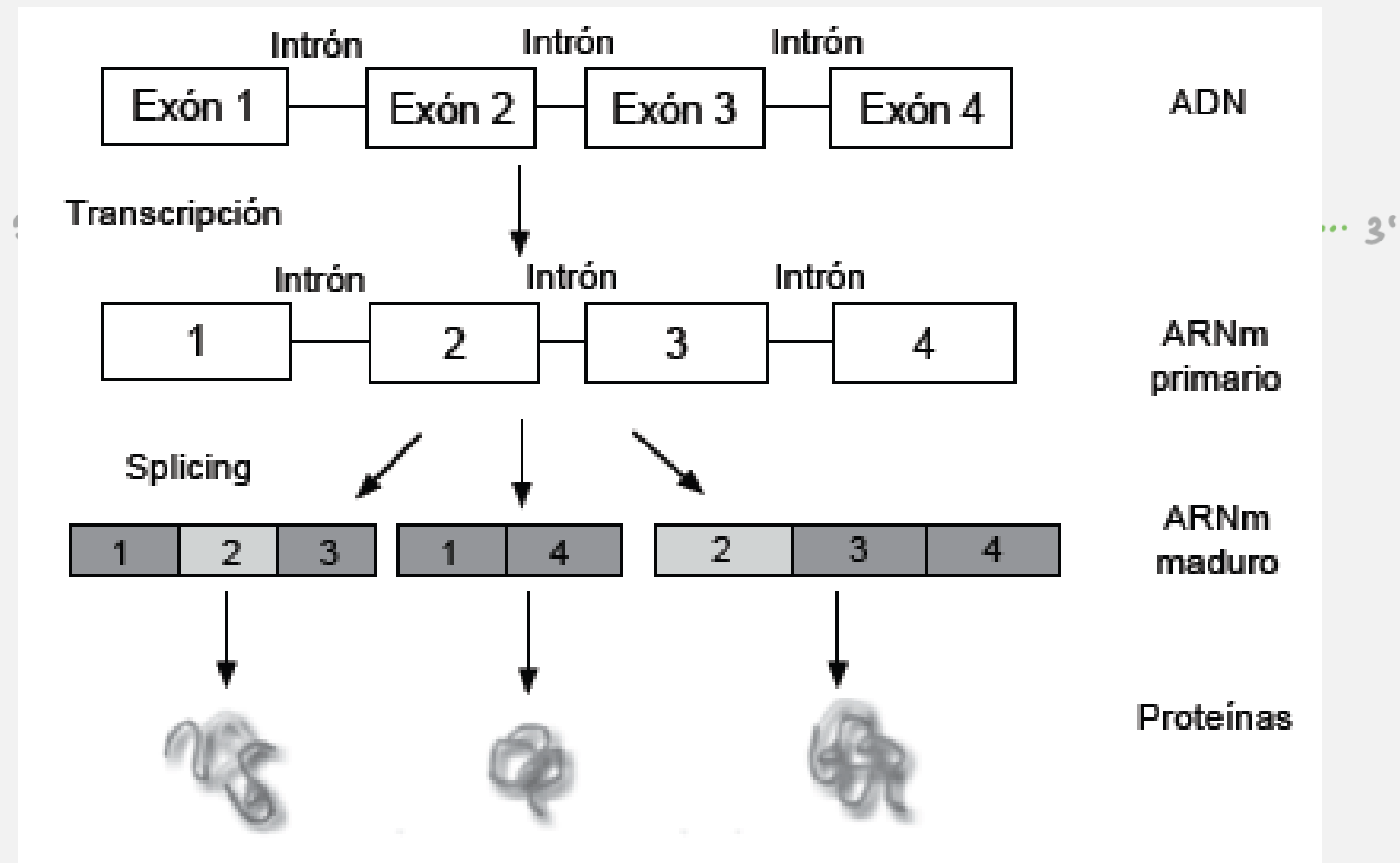
- _Imagen modificada de "[Transcription label en](#)", por el Dr. Hans-Heinrich Trepte ([CC BY-SA 3.0](#)). La imagen modificada se encuentra bajo una licencia [CC BY-SA 3.0](#). _

MADURACIÓN

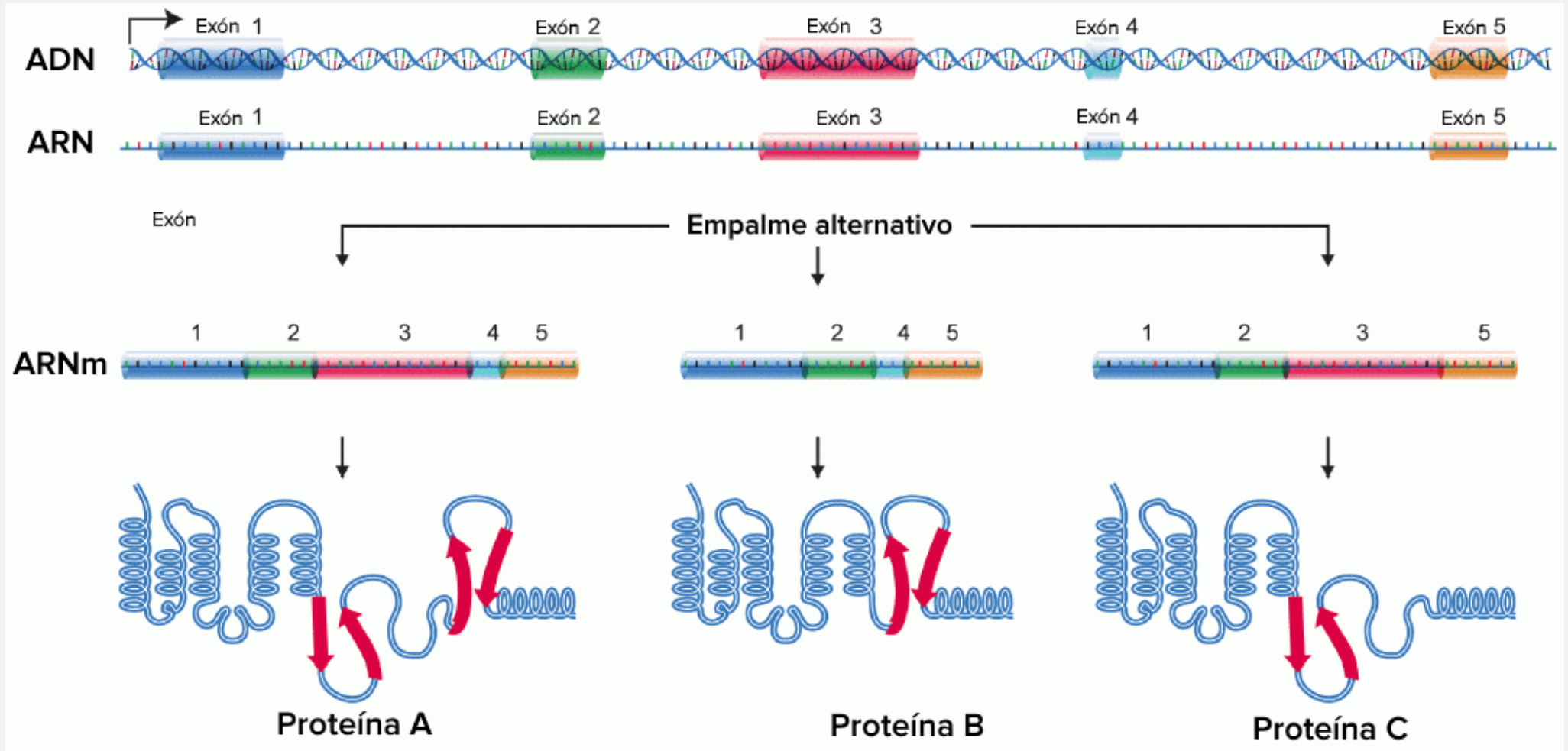
- Estos son:
- Añadir un **cap 5'** al inicio del ARN
- Añadir una **cola de poli-A** (cola de nucleótidos A) al final del ARN



- Cortar y quitar los **intrones**, o secuencias "basura", y pegar las secuencias restantes, las buenas (**exones**)
- Una vez que se han completado estos pasos, el ARN es un ARNm maduro. Este puede viajar fuera del núcleo y ser utilizado para hacer una proteína.

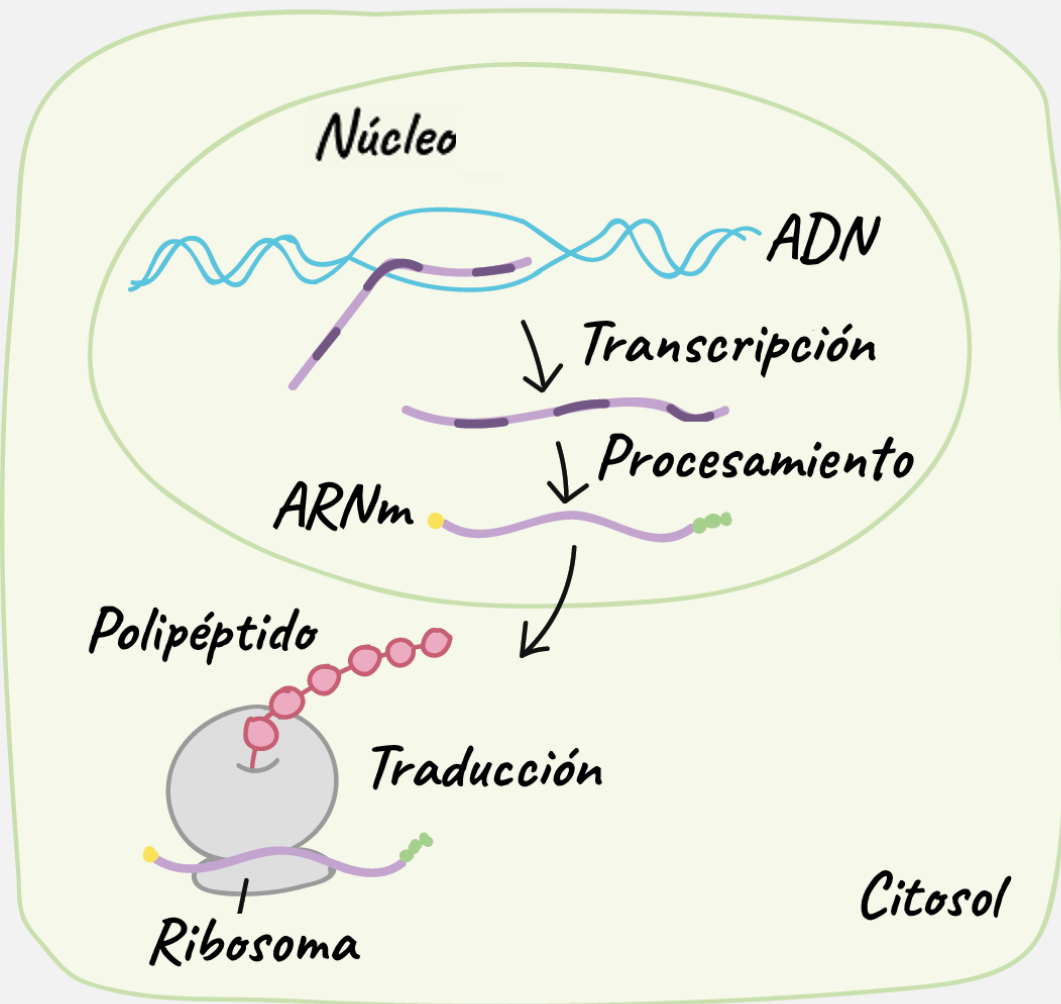


EMPALME ALTERNATIVO

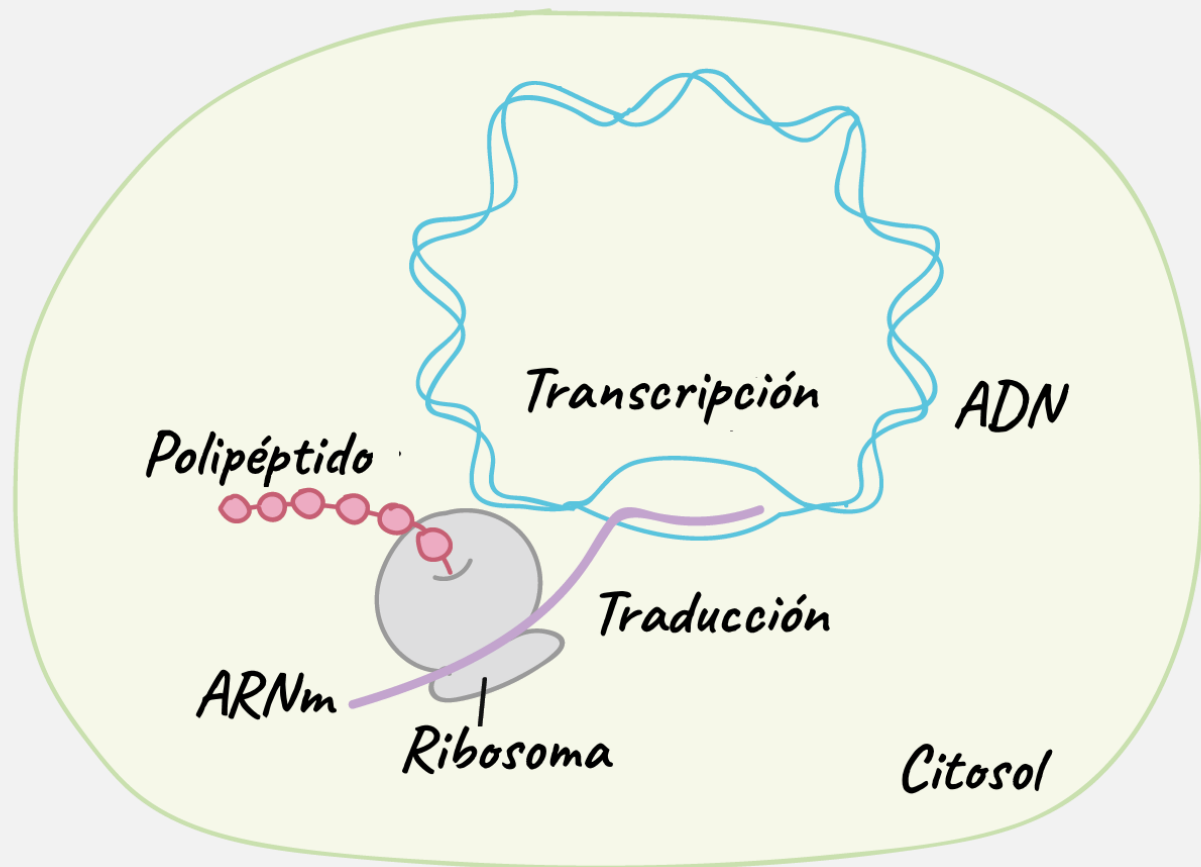




CÉLULA EUKARIONTE



BACTERIA



3.2 Proceso de transcripción

3.1 Código genético

El código se arma sobre la base de los cuatro nucleótidos que conforman al ARNm. El **código contiene combinaciones de tres bases nitrogenadas** (tripletes de bases) que corresponden a todas las combinaciones de las cuatro bases del ARNm (**codones**).

		Segunda base do códon					
		U	C	A	G		
Primeira base do códon	U	UUU } Phe UUC } UUA } Leu UUG }	UCU } UCC } SER 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 } CCC } Pro CCA } CCG }	CAU } His CAC } CAA } Gln CAG }	CGU } CGC } Arg CGA } CGG }	U C A G	
	A	AUU } Ile AUC } AUA } AUG } Met	ACU } ACC } Thy 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 } GCC } Ala GCA } GCG }	GAU } Asp GAC } GAA } Glu GAG }	GGU } GGC } Gly GGA } GGG }	U C A G	

Características del código: universal, degenerado.



El siguiente esquema representa una hebra de ADN templado o molde.

3' AAC GTC CGC AGC TAG 5'

La secuencia del ARNm transcrito de esta hebra debería ser

- A) 5' TTG CAG GCG TCG ATC 3'
- B) 5' UUG CAG GCG TCG AUC 3'
- C) 3' UUG CAG GCG TCG AUC 5'
- D) 5' UUG CAG GCG UCG AUC 3'
- E) 3' UUG CAG GCG UCG AUC 5'

**ALTERNATIVA
CORRECTA**

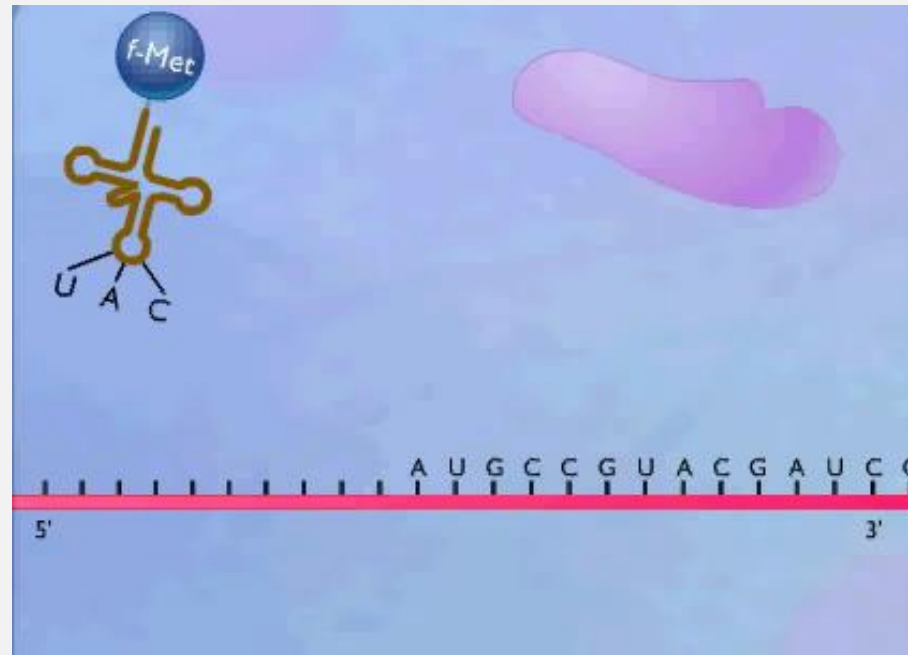
D

Aplicación

ENTONCES...

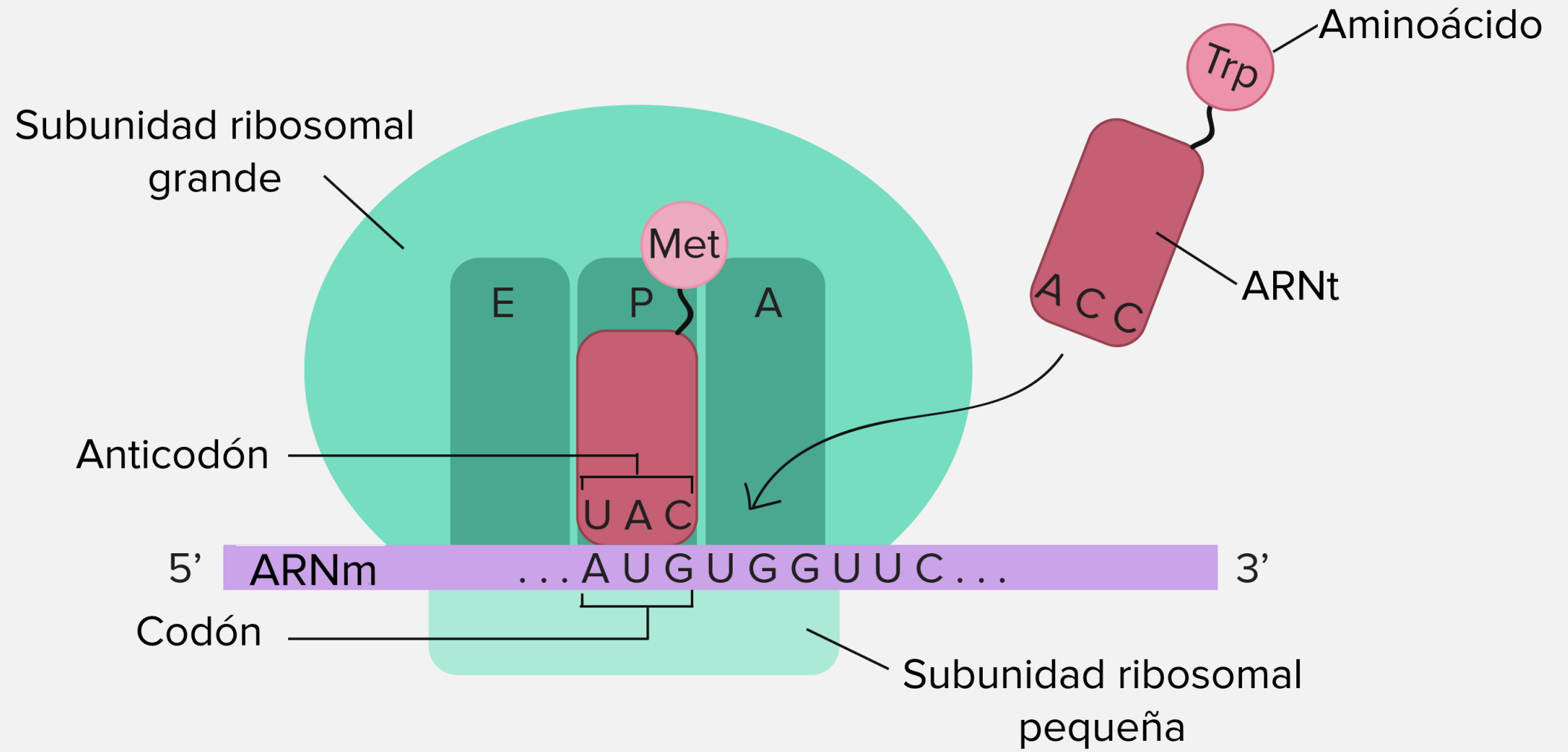


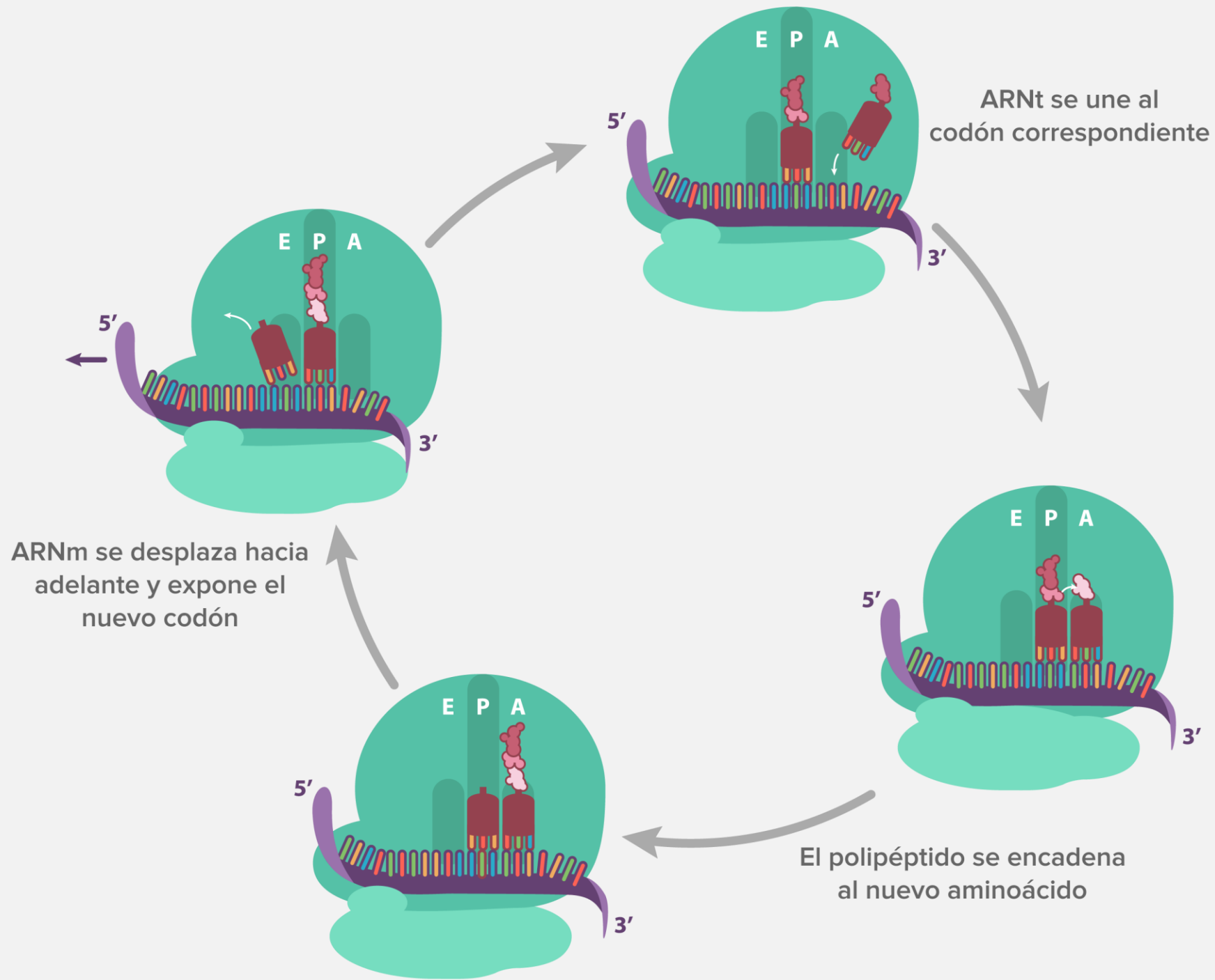
TRADUCCIÓN



ARN DE TRANSFERENCIA

- Los **ARNs de transferencia** o **ARNt**, son "puentes" moleculares que conectan los codones del ARN con los aminoácidos para los que codifican. Un extremo de cada ARNt tiene una secuencia de tres nucleótidos llamada **anticodón**, que se puede unir a codones del ARNm en específico. El otro extremo de ARNt lleva los aminoácidos que especifican los codones.
- Hay muchos tipos de ARNt. Cada tipo lee uno o unos pocos codones y lleva el aminoácido correcto que corresponde a esos codones,

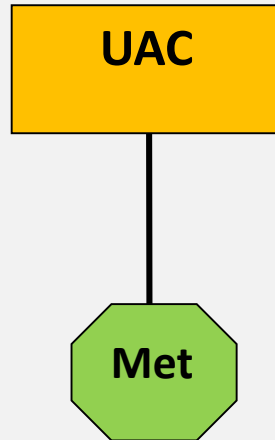




4. Proceso de traducción

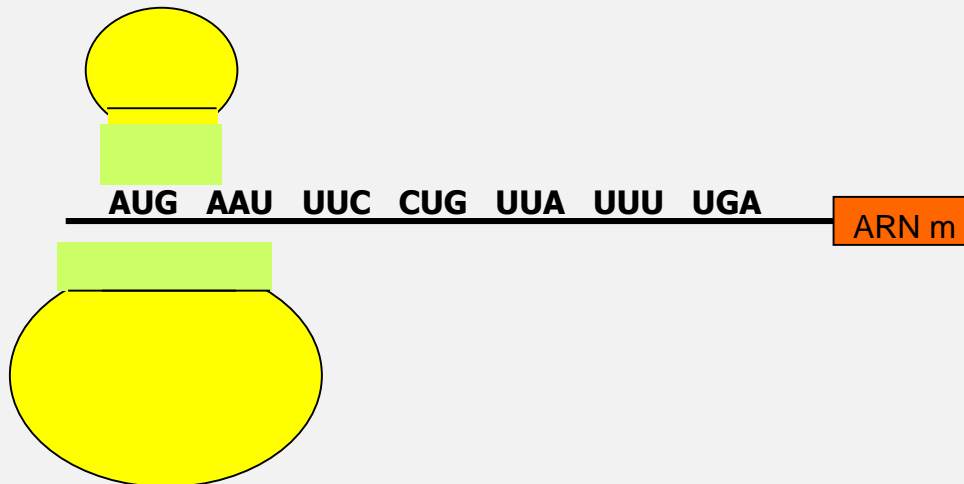


4.1 Activación



El ARNt se carga con el aminoácido correspondiente. Este proceso requiere consumo de ATP y la participación de la enzima **aminoacil ARNt sintetasa**. Esta enzima es altamente específica, ya que reconocen un solo tipo de aminoácido y un **subgrupo de ARNt**.

4.2 Iniciación

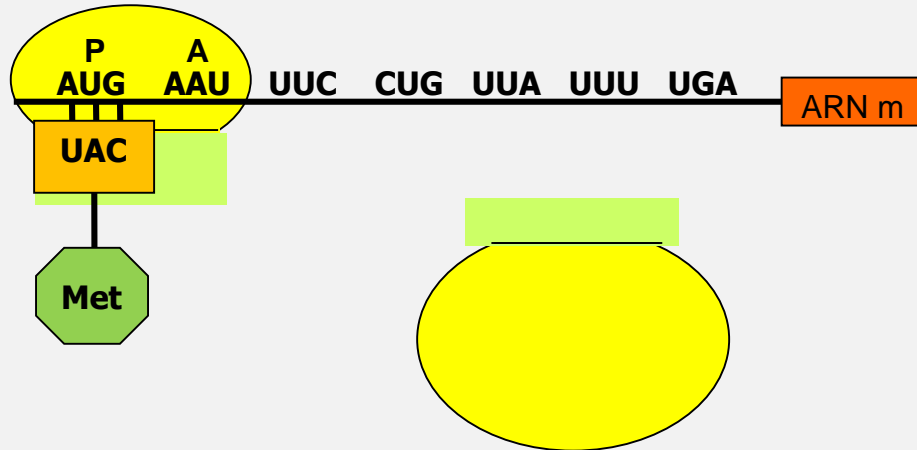


Los ribosomas son estructuras que se arman solo al momento de la traducción. Antes, se encuentran separados en sus **subunidades menor y mayor**.

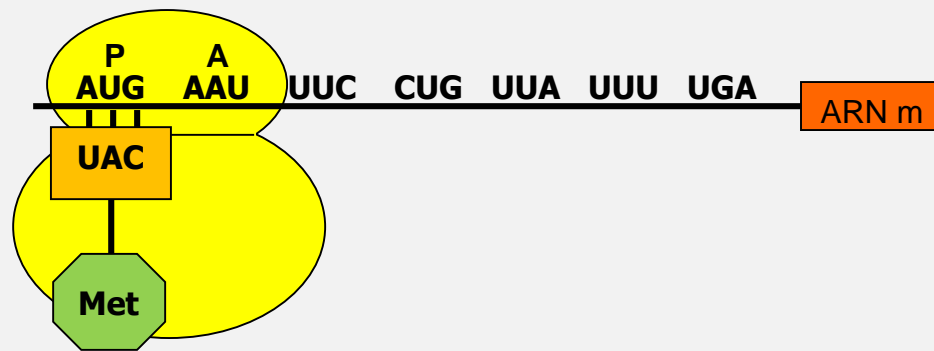
4. Proceso de traducción



4.2 Iniciación



El primer evento que ocurre es la unión de la subunidad menor al ARNm. El complejo de iniciación se arma de tal manera que el primer **aminoacil ARNt se une al sitio P del ribosoma.**

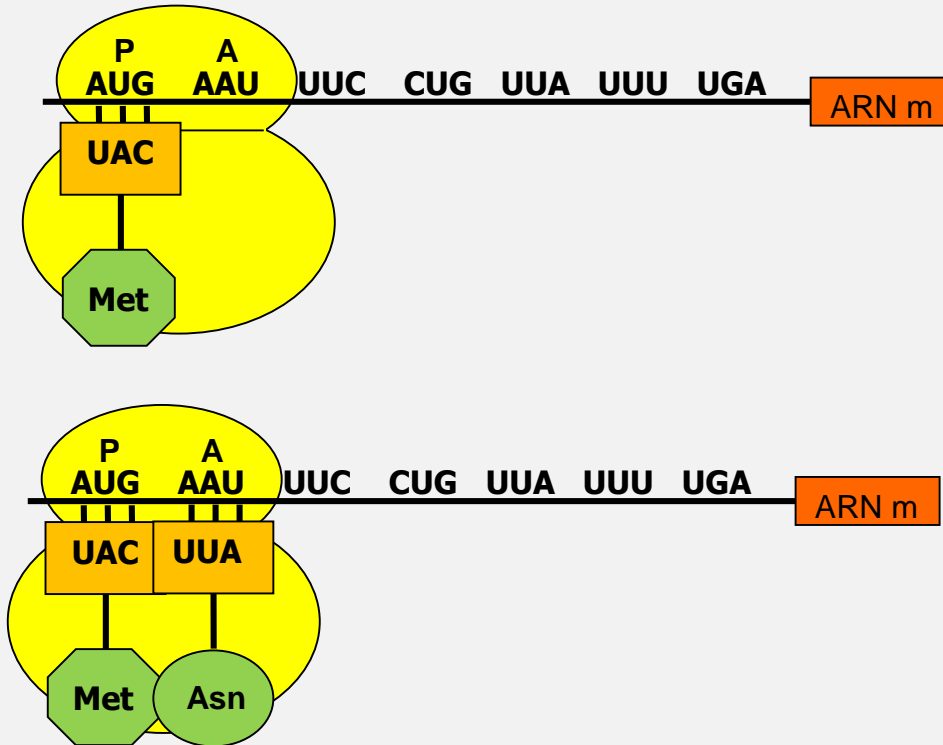


A continuación se une la subunidad mayor con la menor. Esta unión es de tal forma que el **primer codón del ARNm** queda dispuesto en el **sitio P** del ribosoma. El **sitio A** queda libre para recibir los siguientes aminoacil ARNt, de acuerdo a la secuencia del ARNm. El codón AUG se lee como metionina (Met) en el código genético.

4. Proceso de traducción



4.3 Elongación



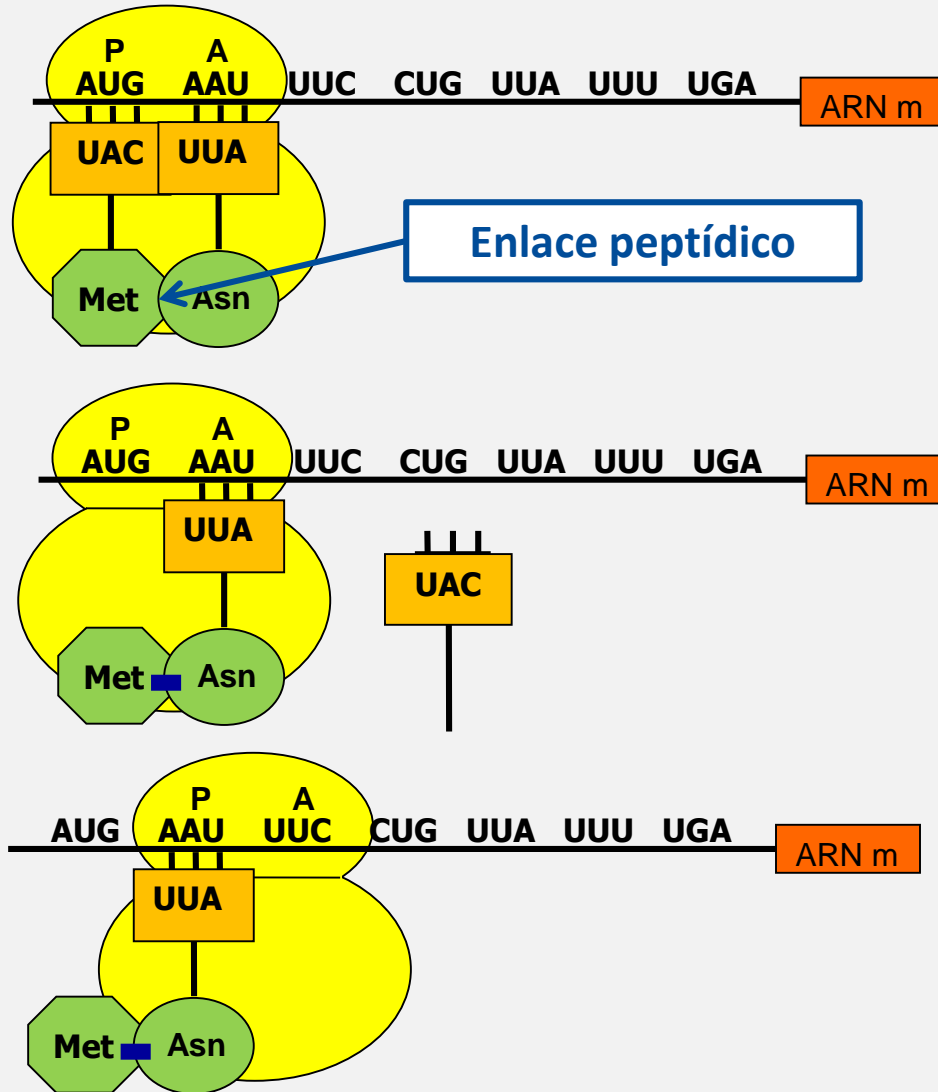
La elongación comenzará cuando se inicia la lectura del resto de los codones del ARNm. Para ello el segundo codón, en este ejemplo **AAU**, queda en el **sitio A** del ribosoma. El ARNt correspondiente lee el codón e ingresa. El **anticodón es UUA** y el aminoácido transportado es **asparragina** (Asn). De esta forma, el ARNt funciona como un adaptador o intérprete, leyendo los codones del ARNm y colocando el aminoácido correspondiente.

Luego del ingreso del segundo ARNt los aminoácidos quedan enfrentados.

4. Proceso de traducción



4.3 Elongación



La actividad **peptidil transferasa** del ribosoma cataliza la formación del **enlace peptídico** entre los dos aminoácidos.

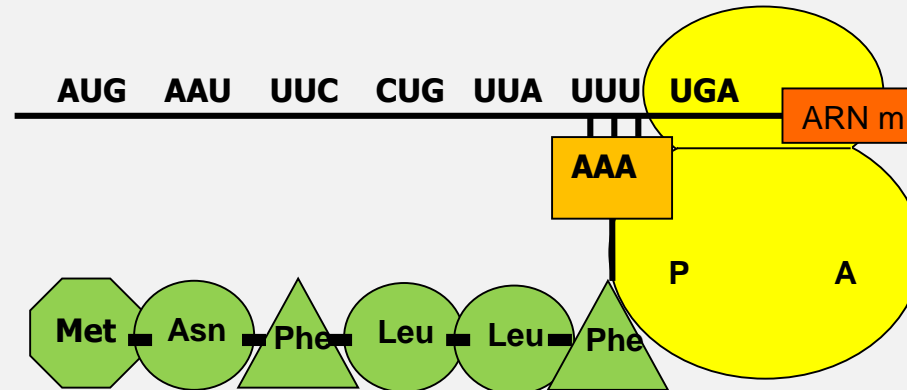
Se retira el primer ARNt que había ingresado, con lo que queda libre el sitio **P** del ribosoma.

El ribosoma **avanza** sobre el ARNm de forma que el sitio A queda nuevamente libre para continuar con la traducción del ARNm. Esta acción del ribosoma permite que la lectura del ARNm sea ordenada.

4. Proceso de traducción



4.4 Terminación



El codón **UGA** es un **codón sin sentido (STOP)**, que determina el término de la traducción. Este codón es importante porque marca en forma precisa la longitud del péptido en formación. De esta manera se determina parte del concepto de estructura primaria de las proteínas.

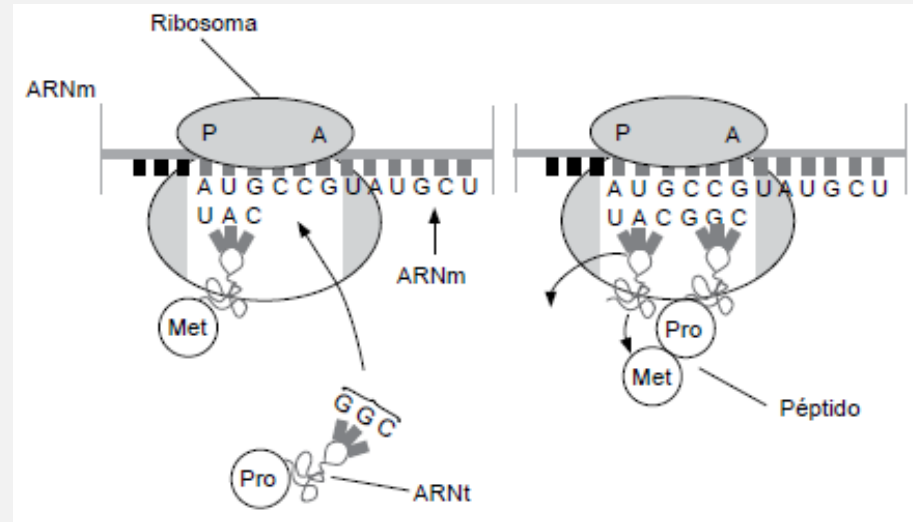
El ribosoma reconoce esta secuencia produciéndose el desprendimiento del ARNm y del péptido ya formado.

Link Traducción:

<https://www.youtube.com/watch?v=stb1KGHivJo>

Ejercitación

El esquema representa parte del proceso de traducción de proteínas.



ALTERNATIVA
CORRECTA

E
ASE

Al respecto, es correcto inferir que

- I) la secuencia del ARNt del tercer y cuarto codón corresponde a AUA-CGA.
- II) el triplete AUG es el codón de inicio de la síntesis de proteínas.
- III) corresponde a la etapa de elongación de la síntesis de proteínas.

Es (son) correcta(s)

- A) solo I.
- B) solo II.
- C) solo III.
- D) solo II y III.
- E) I, II y III.

Ejercitación

Los antibióticos inhiben la traducción en las bacterias, causándoles la muerte. ¿Cuál(es) de los siguientes procesos explica(n) el efecto letal de los antibióticos?

- I) Se detiene la producción de proteínas.
- II) No se sintetizan proteínas para la reparación de membrana celular.
- III) Se detienen las vías metabólicas por falta de enzimas.

- A) Solo I
- B) Solo II
- C) Solo I y II

- D) Solo II y III
- E) I, II y III

**ALTERNATIVA
CORRECTA**

E

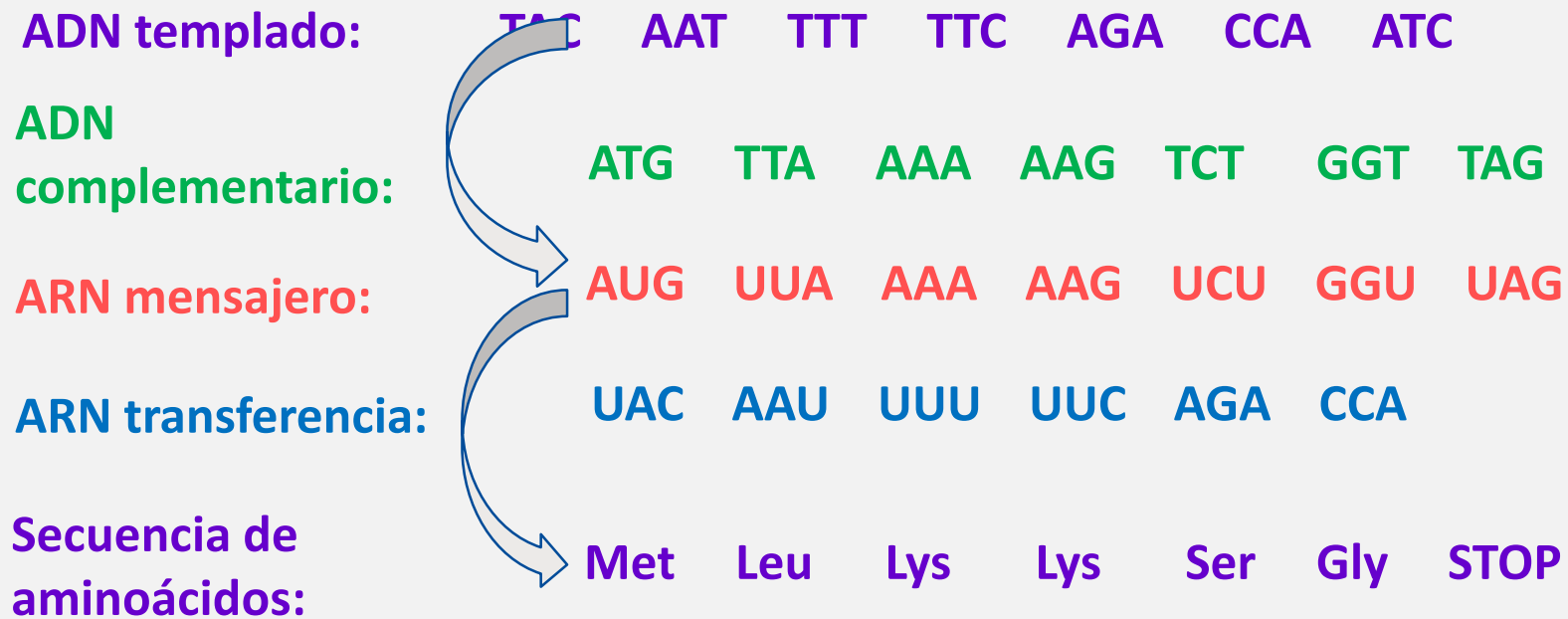
Comprensión

4. Proceso de traducción



4.5 Aplicación de contenidos

A continuación se presenta una secuencia del ADN (templado) a partir de la cual debes completar la hebra complementaria, el ARNm, el ARNt y los aminoácidos correspondientes, para lo cual te puedes ayudar de la tabla que muestra el código genético.



Ejercitación



En el esquema se representa una secuencia de ADN y el código genético.

A partir de la información entregada, se puede deducir correctamente que

- I) la secuencia peptídica es Tyr-Pro-Thr Ile-Asp.
- II) los anticodones corresponden a UAC CCG-ACG-AUC-GAC.
- III) el ARNm corresponde a la secuencia 5' AUG GGC UGC UAG CUG 3'.

Es (son) correcta(s)

- A) solo I.
- B) solo I y II.
- C) solo I y III.
- D) solo II y III.
- E) I, II y III.

ALTERNATIVA CORRECTA

D

ASE

ADN templado

3' TAC CCG ACG ATC GAC 5'

ADN complementario

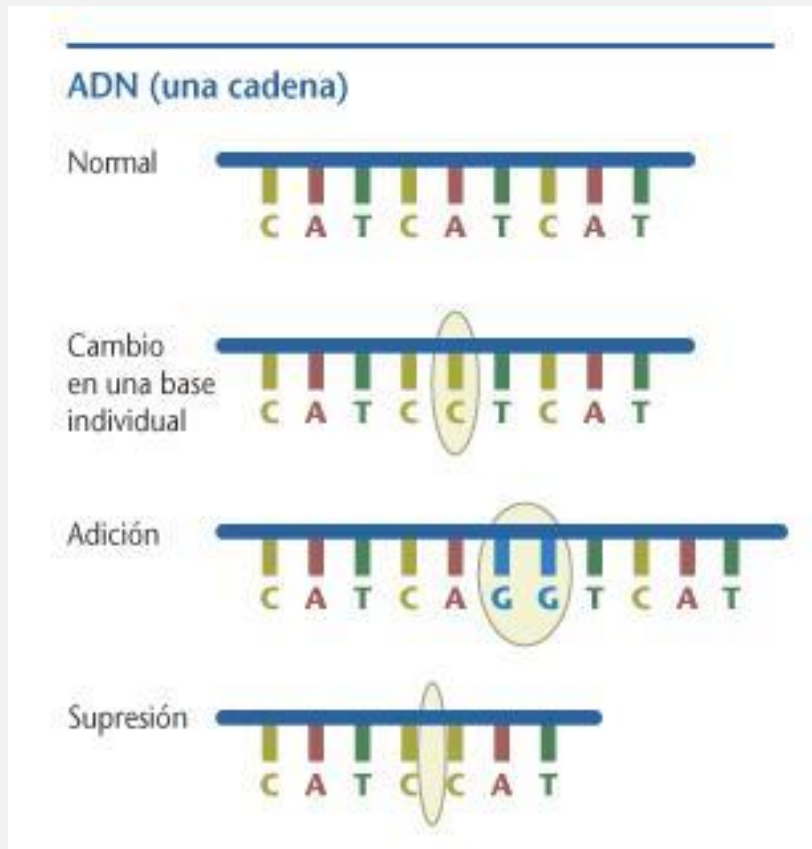
5' ATG GGC TGC TAG CTG 3'

		Segunda Letra				Tercera Letra (extremo 3')
		U	C	A	G	
Primera Letra (extremo 5')	U	<div>UUU UUC</div> Fenilalanina	<div>UCU UCC UCA UCG</div> Serina	<div>UAU UAC</div> Tirosina	<div>UGU UGC</div> Cisteína	
	C	<div>UUA UUG</div> Leucina		<div>UAA UAG</div> Código de parada (codón stop)	<div>UGA</div> Código de parada (**) <div>UGG</div> Triptófano	
	A	<div>CUU CUC CUA CUG</div> Leucina	<div>CCU CCC CCA CCG</div> Prolina	<div>CAU CAC</div> Histidina	<div>CGU CGC CGA CGG</div> Arginina	
	G	<div>GUU GUC GUA GUG</div> Valina	<div>GCU GCC GCA GCG</div> Alanina	<div>GAU GAC</div> Ácido Aspártico	<div>GGU GGC GGA GGG</div> Glicina	
A	U	<div>AUU AUC AUA</div> Isoleucina	<div>ACU ACC ACA ACG</div> Treonina	<div>AAU AAC</div> Asparagina	<div>AGU AGC</div> Serina	U
	C	<div>AUG</div> Metionina (Iniciación)		<div>AAA AAG</div> Lisina	<div>AGA AGG</div> Arginina	C
G	A					A
	G					G

4. Proceso de traducción

4.6 Mutaciones génicas

Son cambios en el material genético que producen alteraciones en la secuencia transcrita y posiblemente en la secuencia de aminoácidos de la proteína traducida, sin embargo, por la degeneración del código genético, algunas mutaciones no alteran la síntesis de proteínas.



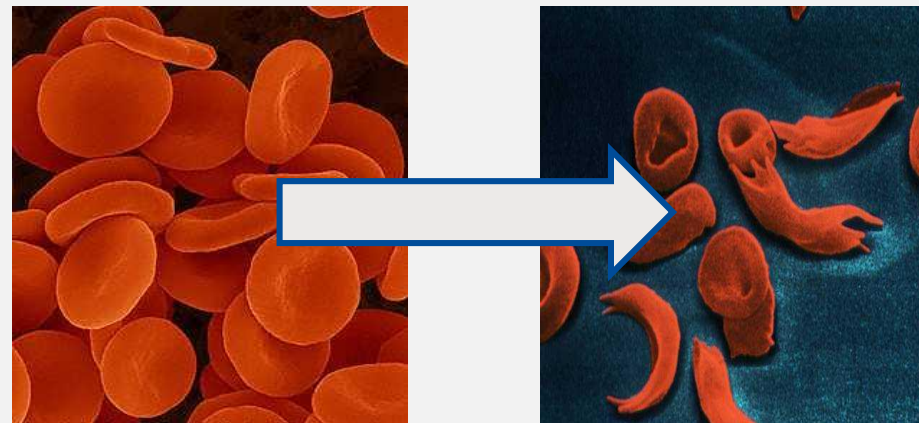
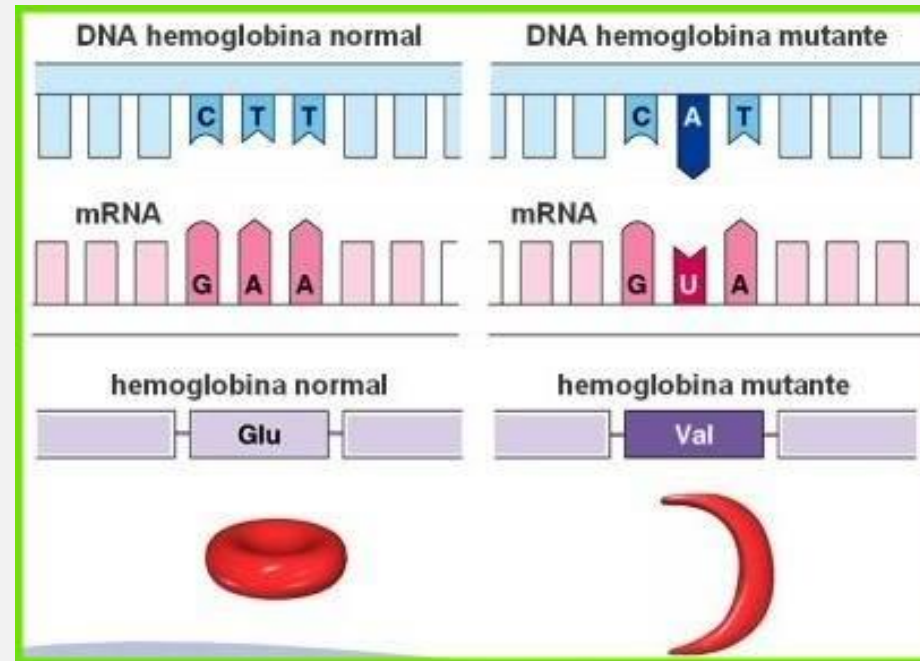
Una mutación génica puede ser por **sustitución, adición o delección de un nucleótido del ADN**, debido a agentes físicos, químicos o biológicos.

4. Proceso de traducción

4.6 Mutaciones génicas

Anemia falciforme:

es un tipo de mutación génica en que se sustituye un nucleótido (adenina) por otro (timina), provocando un cambio en la traducción y en consecuencia en la proteína formada, la hemoglobina.



Ejercitación

La anemia falciforme, se produce por una alteración del material genético, que tiene como consecuencia un cambio en

- I) una base nitrogenada en el proceso de transcripción.
- II) una base nitrogenada en el proceso de traducción.
- III) la especificidad del ARNt cuando se une a un aminoácido.

Es (son) correcta(s)

- A) solo I.
- B) solo II.
- C) solo III.
- D) solo I y II.
- E) solo II y III.

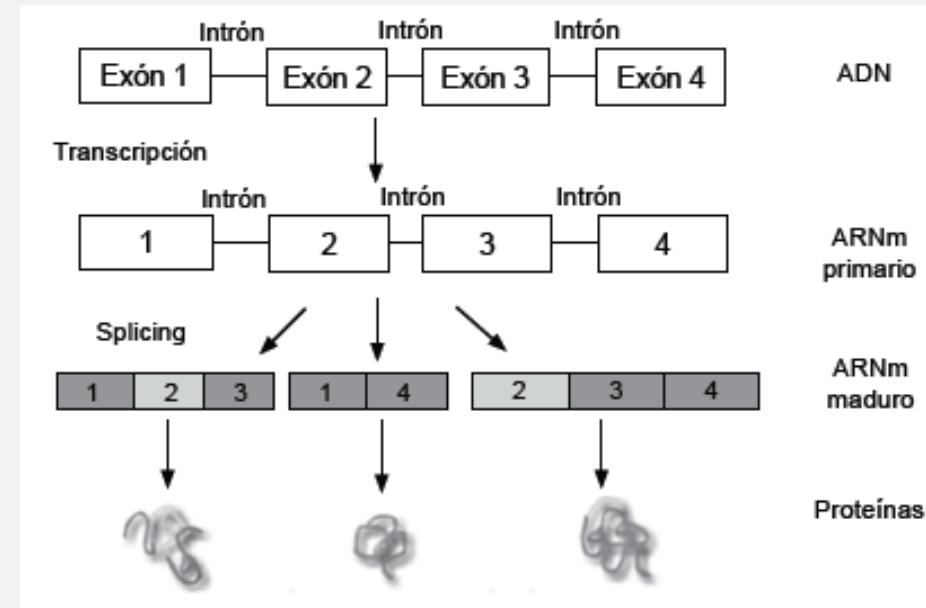
**ALTERNATIVA
CORRECTA**

A

Comprensión

En el año 1993, los científicos Phillip Sharp y Richard Roberts recibieron el premio nobel de medicina por sus descubrimientos sobre un proceso de la expresión genética denominado “splicing alternativo”, el cual se muestra en el siguiente esquema.

El splicing alternativo consiste en la edición de una molécula, denominada ARNm primario, la cual corresponde al producto transcripcional de un segmento de ADN llamado gen. A partir del ARNm primario se crean diversos ARNm maduros que posteriormente podrán expresarse en proteínas. Como se observa en el esquema, esta edición corresponde al “corte” de intrones (secuencias de ADN que no se expresan para una proteína) y “empalme” de exones (secuencias de ADN que se expresan para una proteína). Este mecanismo ha sido descrito en células eucariontes como las nuestras y en virus. En la actualidad, gracias al proyecto genoma humano, se sabe que en nuestro organismo hay alrededor de 25 mil genes, sin embargo, el número de proteínas que tenemos supera las 100 mil.



A partir de la información entregada, ¿cómo contribuye el modelo de splicing alternativo a entender los datos entregados por el proyecto genoma humano?

- A) El splicing alternativo consiste en la remoción de intrones y empalme de exones, lo que permite que un solo gen se fabrique una proteína activa.
- B) Este modelo explica cómo a partir de un segmento de ADN se lleva a cabo la transcripción y traducción, procesos fundamentales en la formación de proteínas.
- C) Los datos entregados por el proyecto genoma humano se obtuvieron a partir de los trabajos de Phillip Sharp y Richard Roberts sobre el modelo de splicing alternativo.
- D) Este modelo explica la formación de más de una proteína a partir de un gen, gracias a las diversas opciones de empalme de exones que se pueden dar en el proceso.
- E) Este modelo saca a la luz que, a partir de un gen, podemos obtener cuatro tipos de exones, cada uno de los cuales dará origen a una proteína.

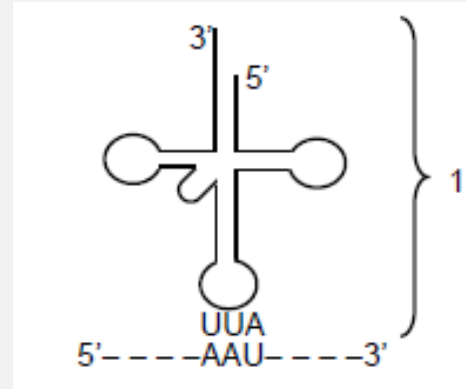
**ALTERNATIVA
CORRECTA**

D
ASE

Pregunta oficial PSU



La siguiente figura está relacionada con el proceso de biosíntesis de proteínas:



Al respecto, es correcto inferir que

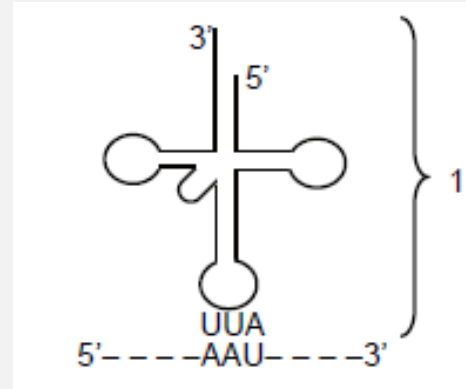
- I) la estructura 1 corresponde a un ARN de transferencia.
- II) el triplete UUA representa un anticodón para un aminoácido.
- III) 5'— — —AAU— — —3' representa un ARN mensajero.

- A) Solo I
- B) Solo II
- C) Solo III
- D) Solo I y III
- E) I, II y III

Pregunta oficial PSU



La siguiente figura está relacionada con el proceso de biosíntesis de proteínas:



ALTERNATIVA
CORRECTA

E

Comprensión

Al respecto, es correcto inferir que

- I) la estructura 1 corresponde a un ARN de transferencia.
- II) el triplete UUA representa un anticodón para un aminoácido.
- III) 5'---AAU---3' representa un ARN mensajero.

- A) Solo I
- B) Solo II
- C) Solo III
- D) Solo I y III
- E) I, II y III