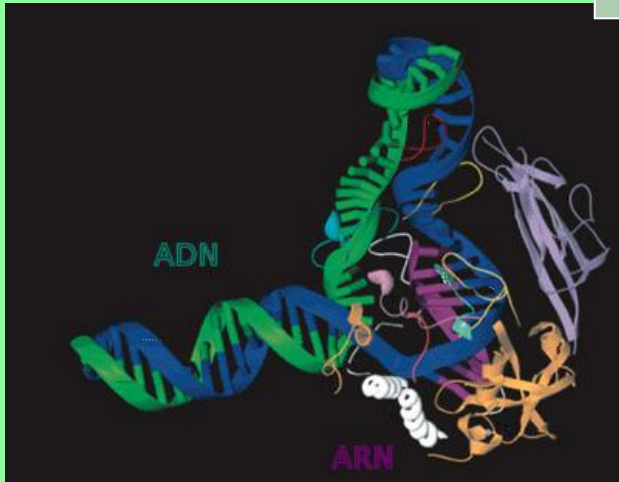


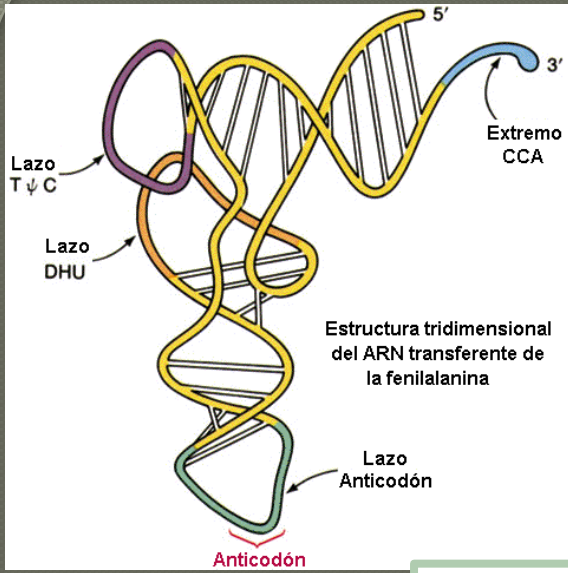
# EXPRESIÓN GÉNICA

## TRADUCCIÓN (SÍNTESIS DE PROTEÍNAS)

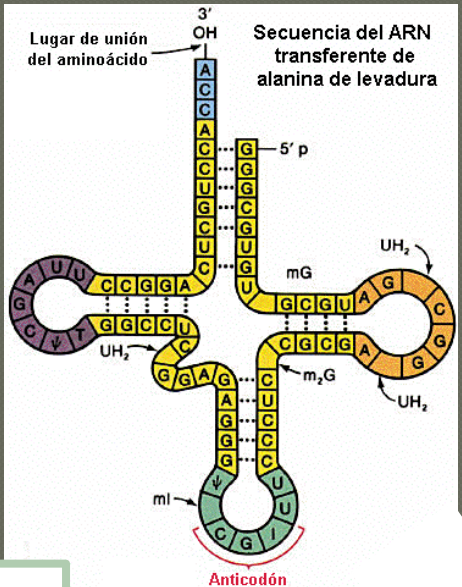
Presentación organizada con fines didácticos por  
José Antonio Pascual Trillo [www.japt.es](http://www.japt.es)



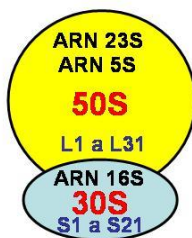
# TRADUCCIÓN



ARNt



Ribosoma procariontico

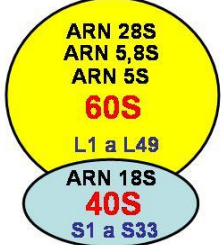


Subunidad grande

Subunidad pequeña

70S

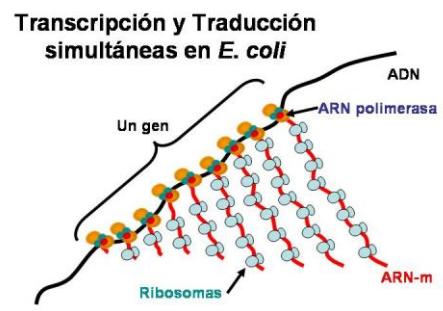
Ribosoma eucariotico



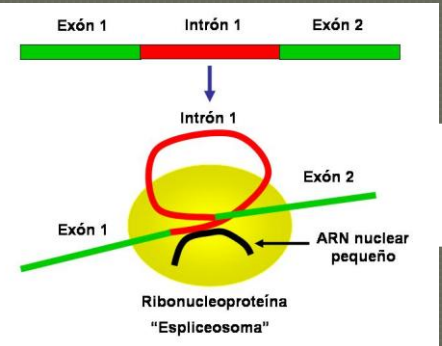
80S

Ribosomas

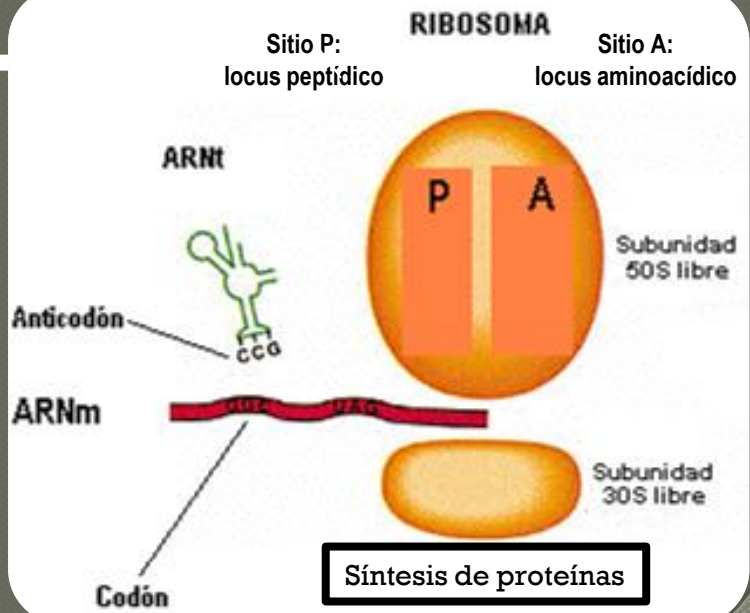
ARNm

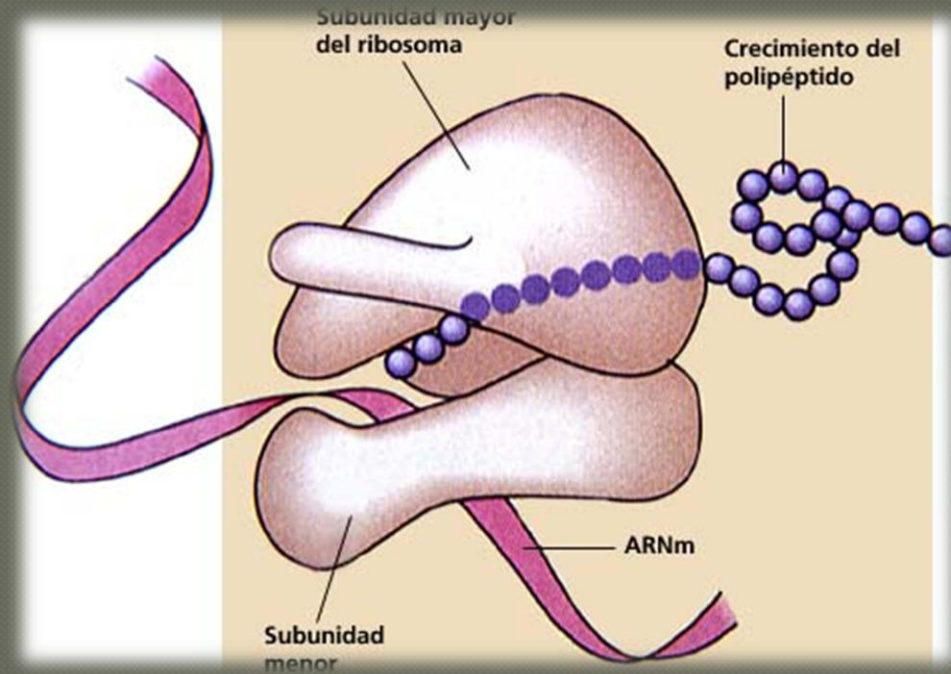


**BACTERIAS:**  
Sin maduración



**EUCARIOTAS:**  
Con maduración





## **Síntesis de proteínas:**

1. **Activación** de los aminoácidos:  $aa + \text{ARNt} \rightarrow \text{aminoacil-ARNt}$

2. **Traducción** del ARNm

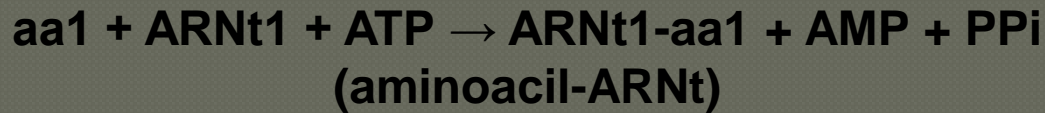
- **Iniciación**
- **Elongación**
- **Finalización**

3. **Unión de cadenas polipeptídicas** para formar la proteína

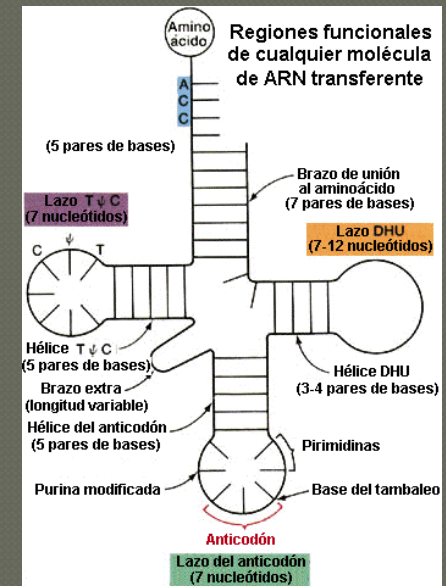
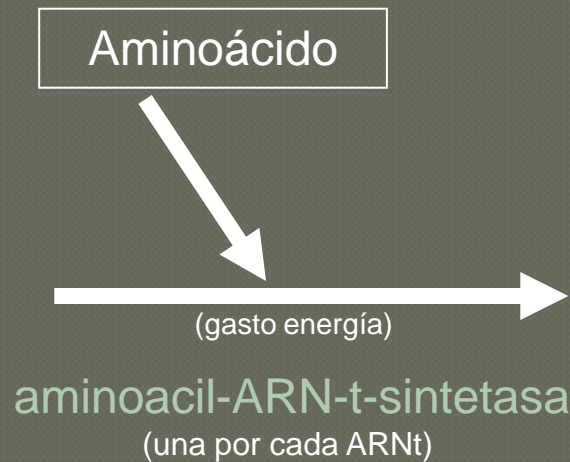
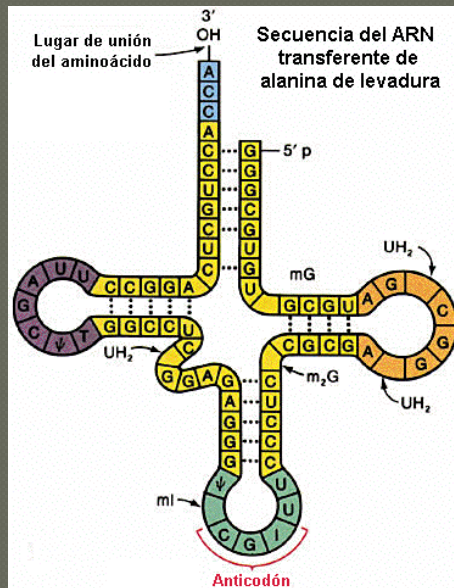
(caso de proteínas con estructura cuaternaria)



# 1. ACTIVACIÓN DE LOS AMINOÁCIDOS Y FORMACIÓN DE LOS COMPLEJOS DE TRANSFERENCIA



La unión del aminoácido al ARN-t tiene lugar por el extremo 3' del ARN-t. Todos los ARN-t en su extremo 3' contienen la secuencia 3' ACC 5'.



## 2. TRADUCCION: Iniciación

El ARNm se une a subunidad pequeña gracias a **FACTORES DE INICIACIÓN** (proteínas)

Hay **secuencias de inicio** en el ARNm (AUG es típica)

Un **ARNt iniciador** se sitúa en el *locus* peptídico (En E. coli: Formil-Met)

El **GTP** proporciona la energía necesaria

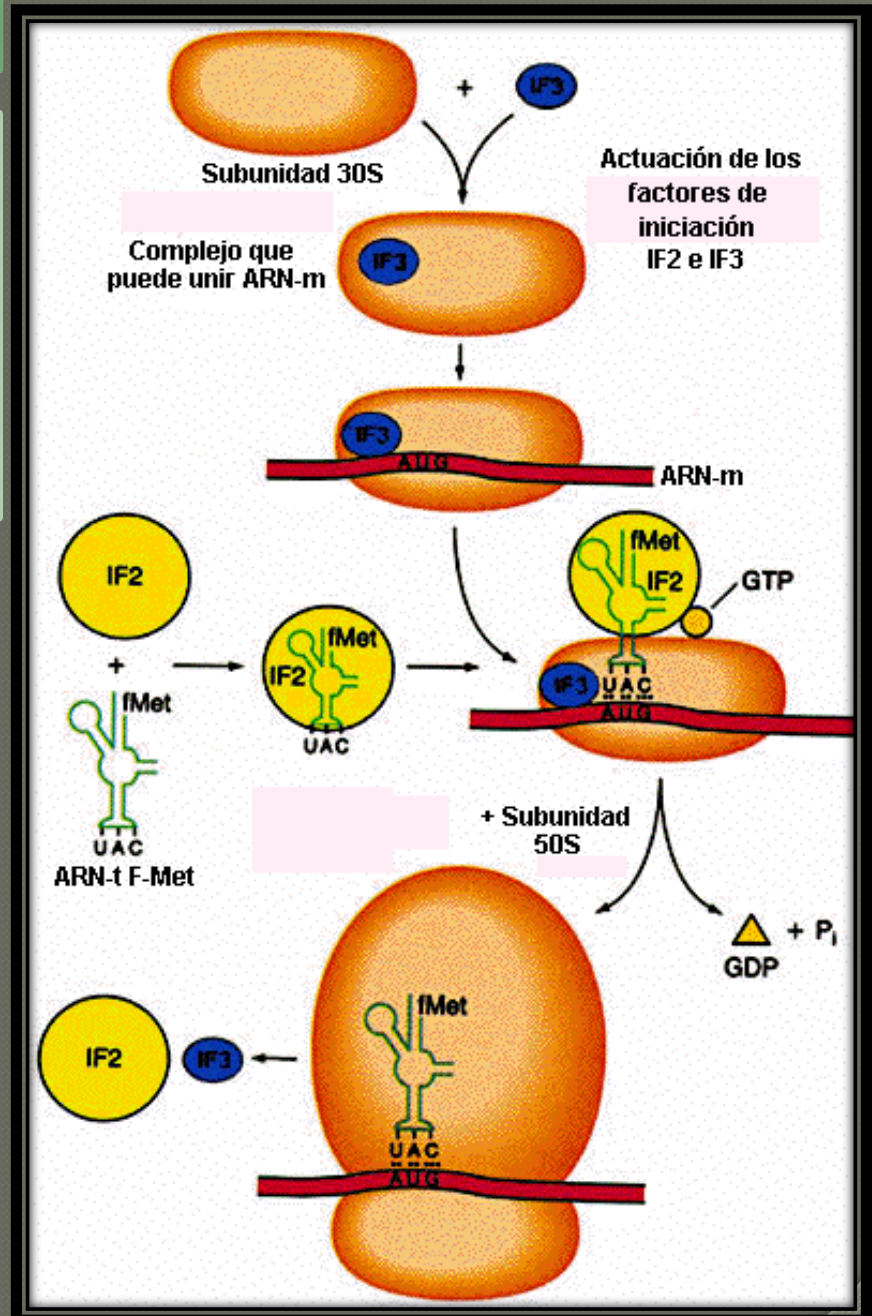
		SEGUNDA BASE						
		U	C	A	G			
PRIMERA BASE	U	UUU } Phe	UCU } Ser	UAU } Tyr	UGU } Cys	U		
	UUC } Phe	UCC } Ser	UAC } Tyr	UGC } Cys	C			
	UUA } Leu	UCA } Ser	UAA } Stop	UGA } Stop	A			
	UUG } Leu	UCG } Ser	UAG } Stop	UGG } Trp	G			
C	CUU } Leu	CCU } Pro	CAU } His	CGU } Arg	U			
CUC } Leu	CCC } Pro	CAC } 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 } Thr	AAU } Asn	AGU } Ser	U			
AUC } Ile	ACC } Thr	AAC } Asn	AGC } Ser	C				
AUA } Ile	ACA } Thr	AAA } Lys	AGA } Arg	A				
AUG } Met or star	ACG } Thr	AAG } Lys	AGG } Arg	G				
G	GUU } Val	GCU } Ala	GAU } Asp	GGU } Gly	U			
GUC } Val	GCC } Ala	GAC } Asp	GGC } Gly	C				
GUA } Val	GCA } Ala	GAA } Glu	GGA } Gly	A				
GUG } Val	GCG } Ala	GAC } Asp	GGG } Gly	G				

### Diferencias en eucariotas:

Los ribosomas de eucariotas son mayores

En eucariotas el primer AA es Met (no formil-Met)  
-la Met luego es eliminada-

Suele haber mecanismos de regulación en la iniciación



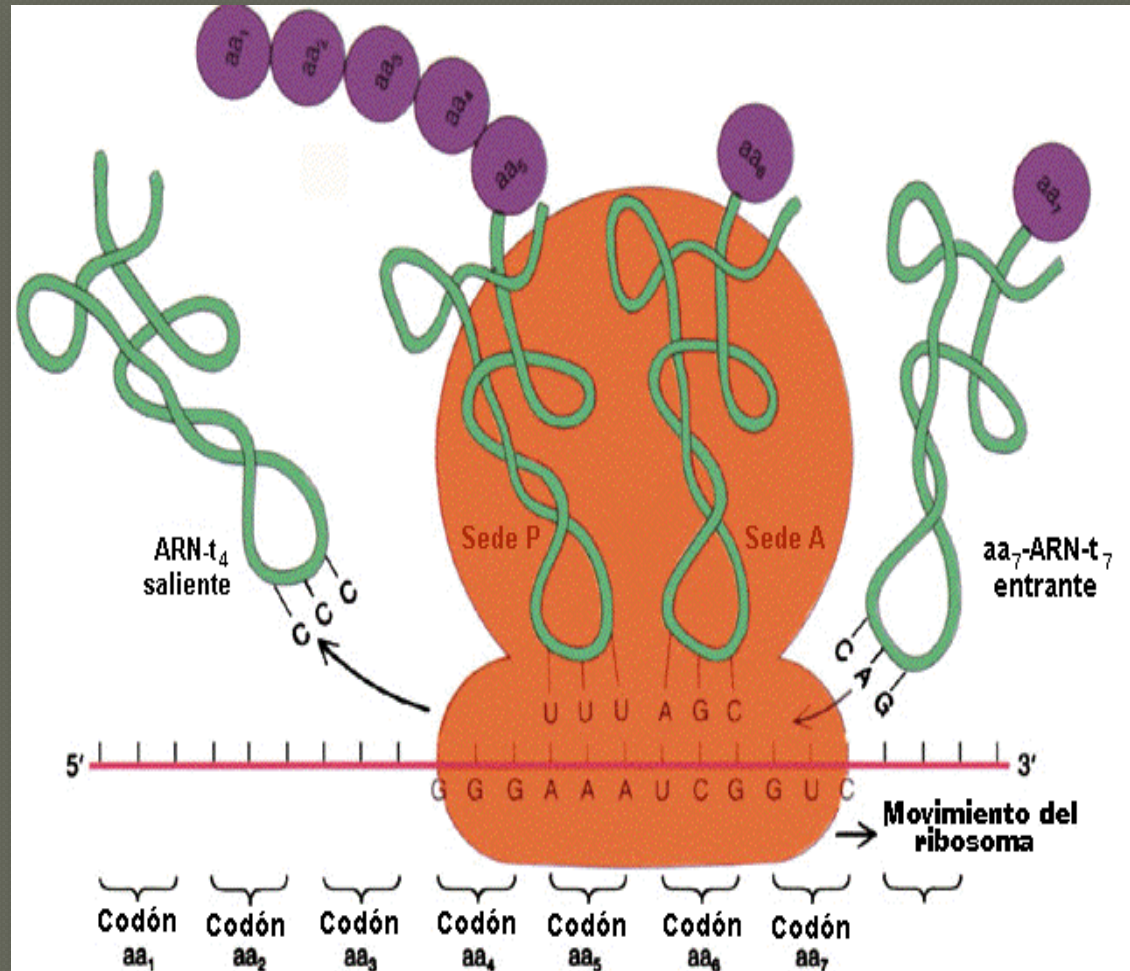
## 2. TRADUCCION: Elongación (1)

Los nuevos aa (aminoacil-ARNt) entran en el SITIO A (que en ocasiones llevará la cadena de polipéptido formada)

En el SITIO P se sitúa el peptidil-ARNt que se va alargando (quedando con un ARNt sin aa o vacío en determinados momentos)

**El ribosoma va "leyendo" el ARNm en sentido 5'-3'**

Al SITIO A le corresponden 3 bases (codón) y al SITIO P otras 3 (codón)





## 2. TRADUCCION: Elongación (2)

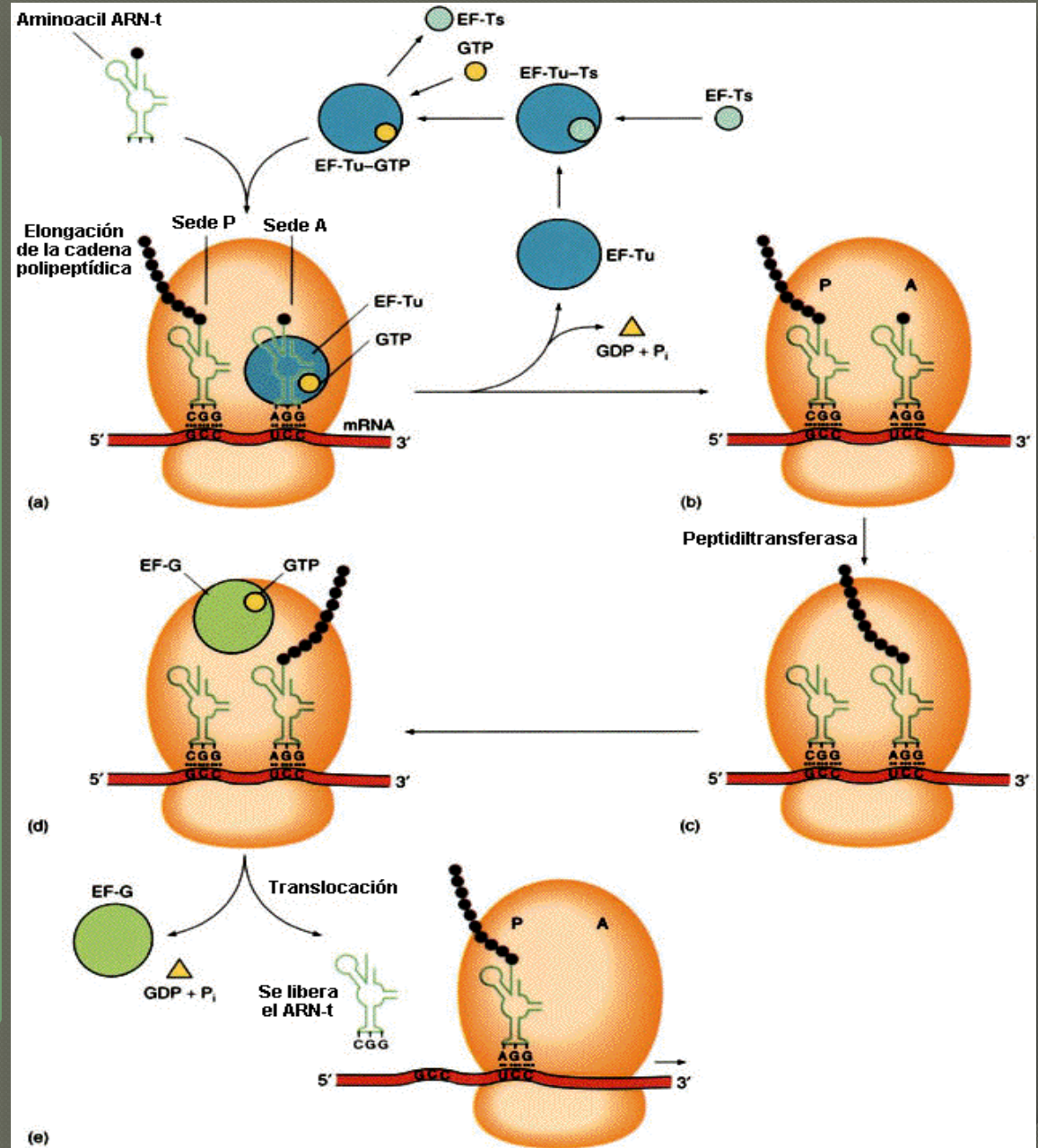
Hay **FACTORES DE ELONGACIÓN (EF: proteínas)**

La energía la da el **GTP**

Actúa la enzima **PEPTIDILTRANSFERASA**

La cadena peptídica va “saltando” de las posiciones P a las A y viceversa.

Hay un pequeño “balanceo” en la unión anticodón-codón que hace que la 3ª base sea menos relevante (tripletes sinónimos)



## 2. TRADUCCION: Terminación

Existen **codones de terminación** (UAA UGA UAG) que carecen de aminoacil-ARNt que los reconozca.

Ahí se une un **FACTOR DE LIBERACIÓN** (RF proteína)

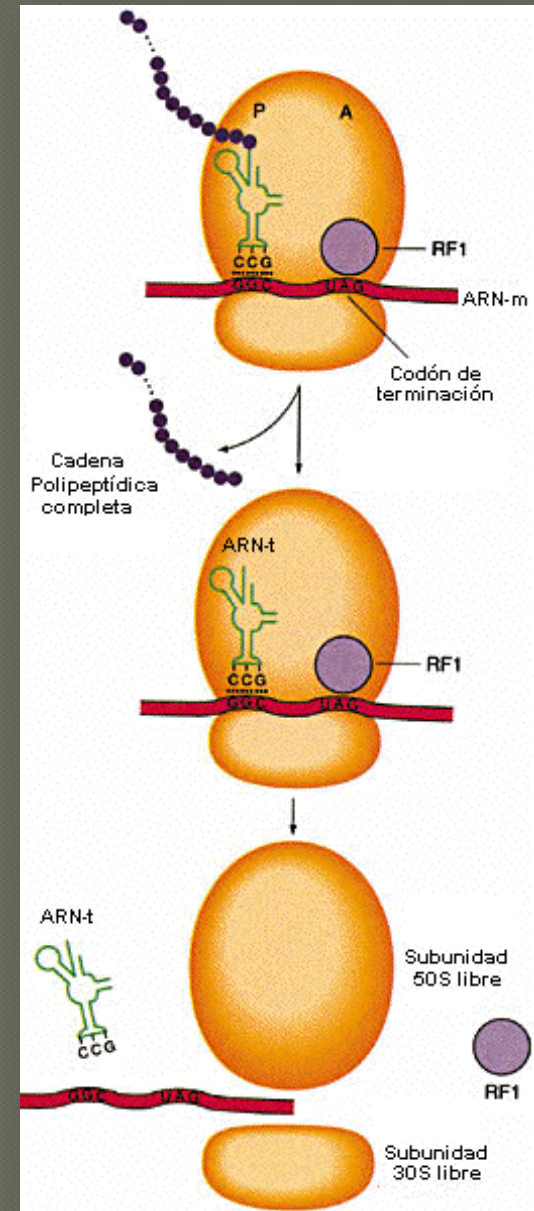
Se gasta GTP

La cadena de polipéptido queda libre (se separa del ARNt)

Se separan los diferentes elementos que han intervenido

Un mismo ARNm puede leerse por varios ribosomas a la vez:

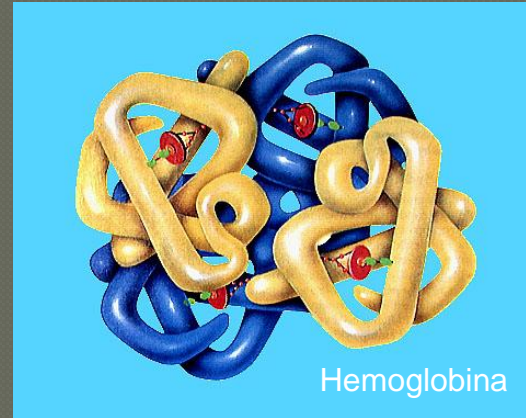
**polisomas o polirribosomas**



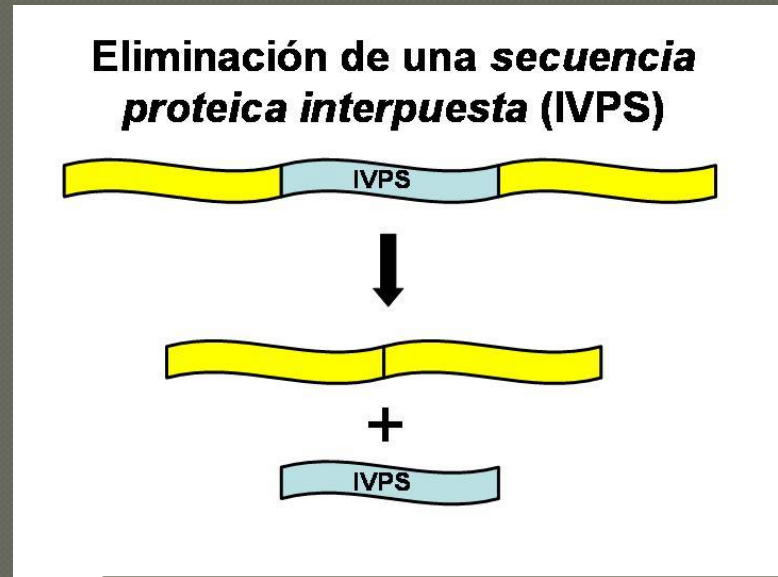
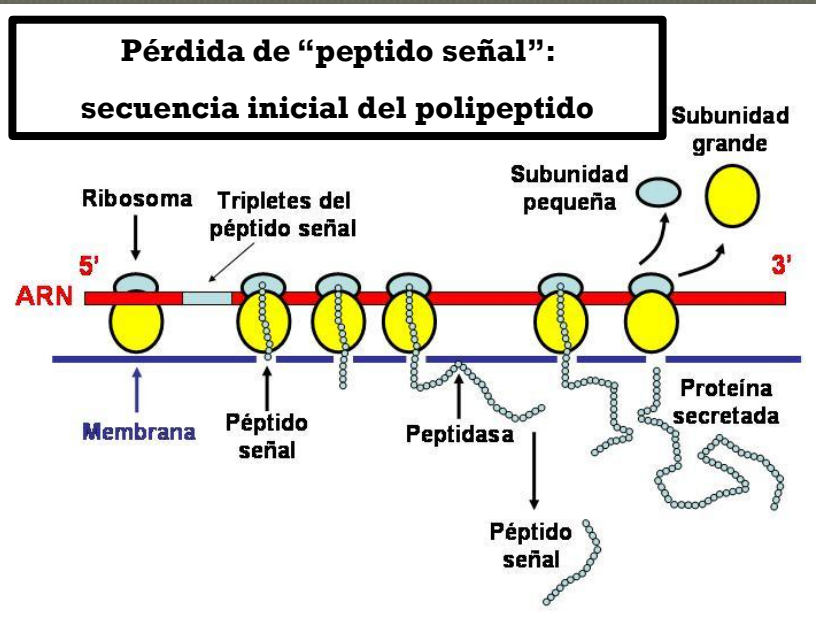


### 3. UNIÓN DE CADENAS POLIPETIDICAS en el caso de proteínas cuaternarias y otros PROCESAMIENTOS DE LA CADENA

Si la proteína a formar tiene estructura cuaternaria, es preciso unir las varias cadenas polipeptídicas formadas

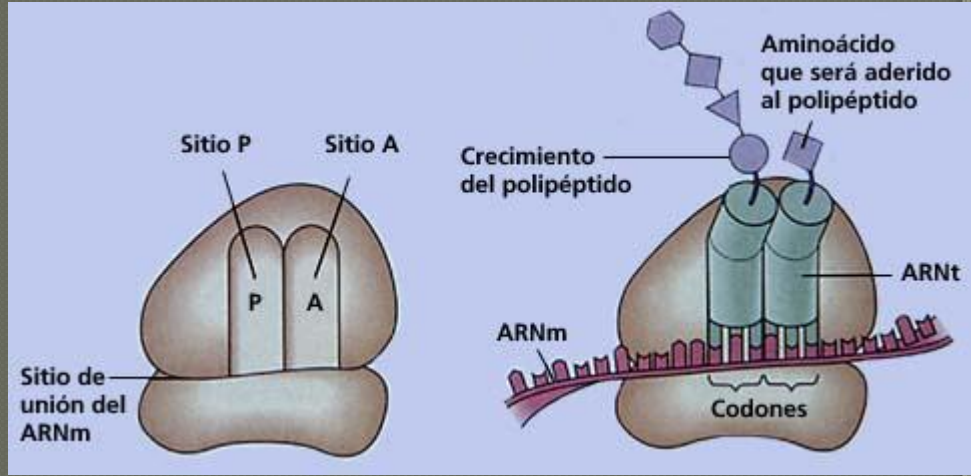
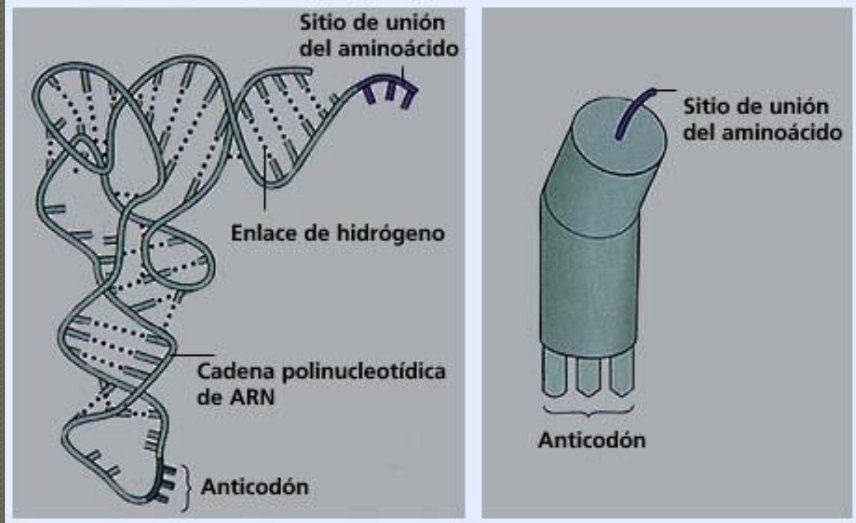


También puede haber otros “procesamientos” de la cadena formada:

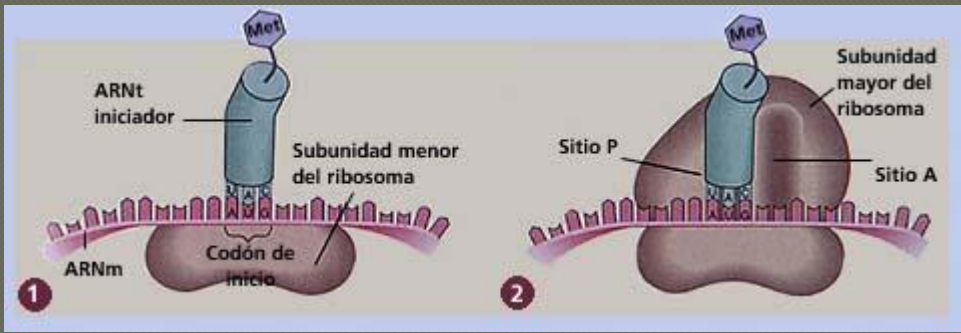


# Resumen

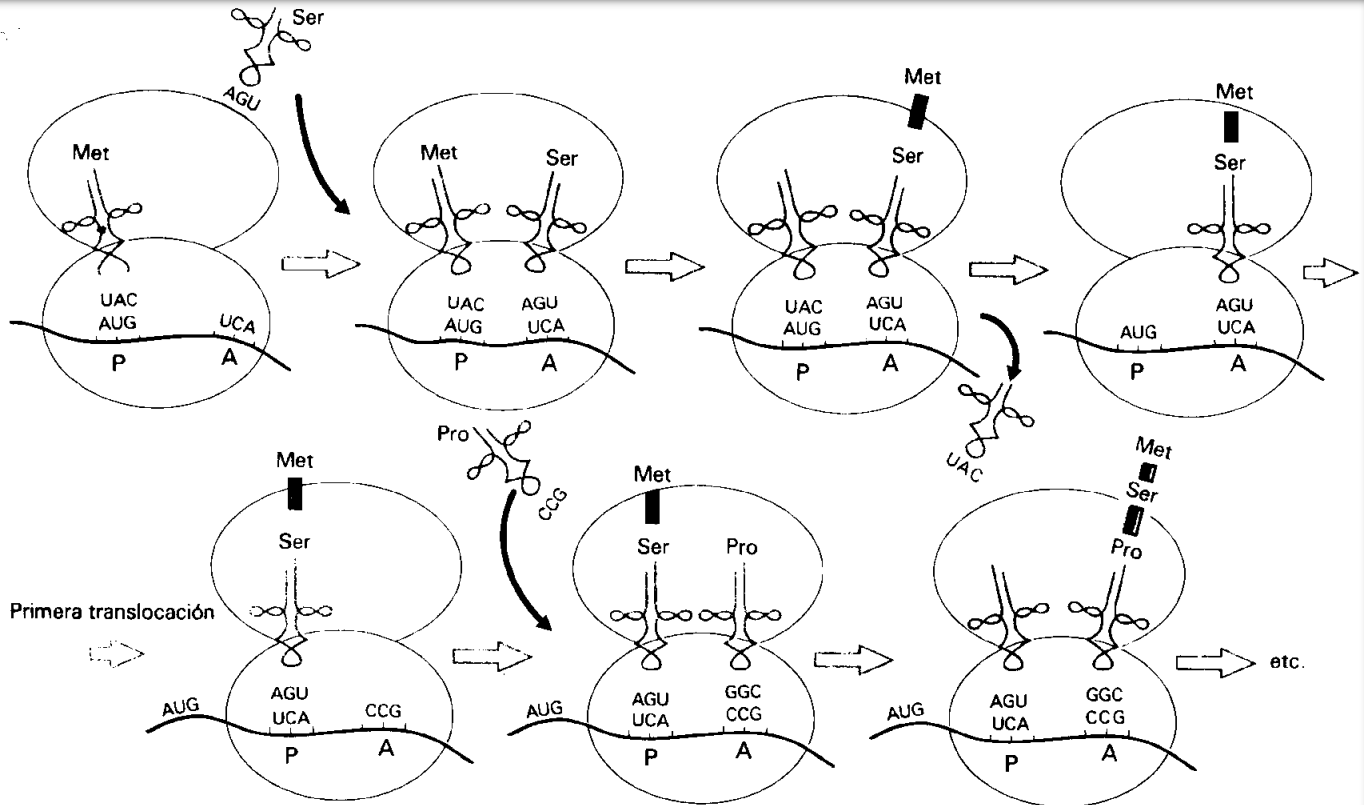
## TRADUCCIÓN



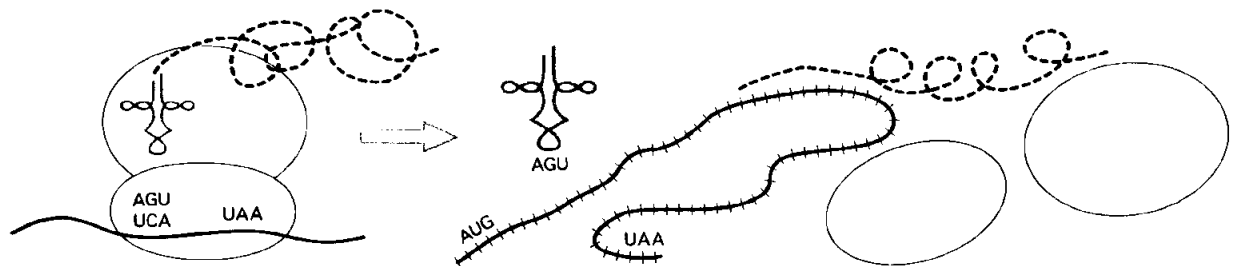
## INICIACIÓN



## ELONGACIÓN

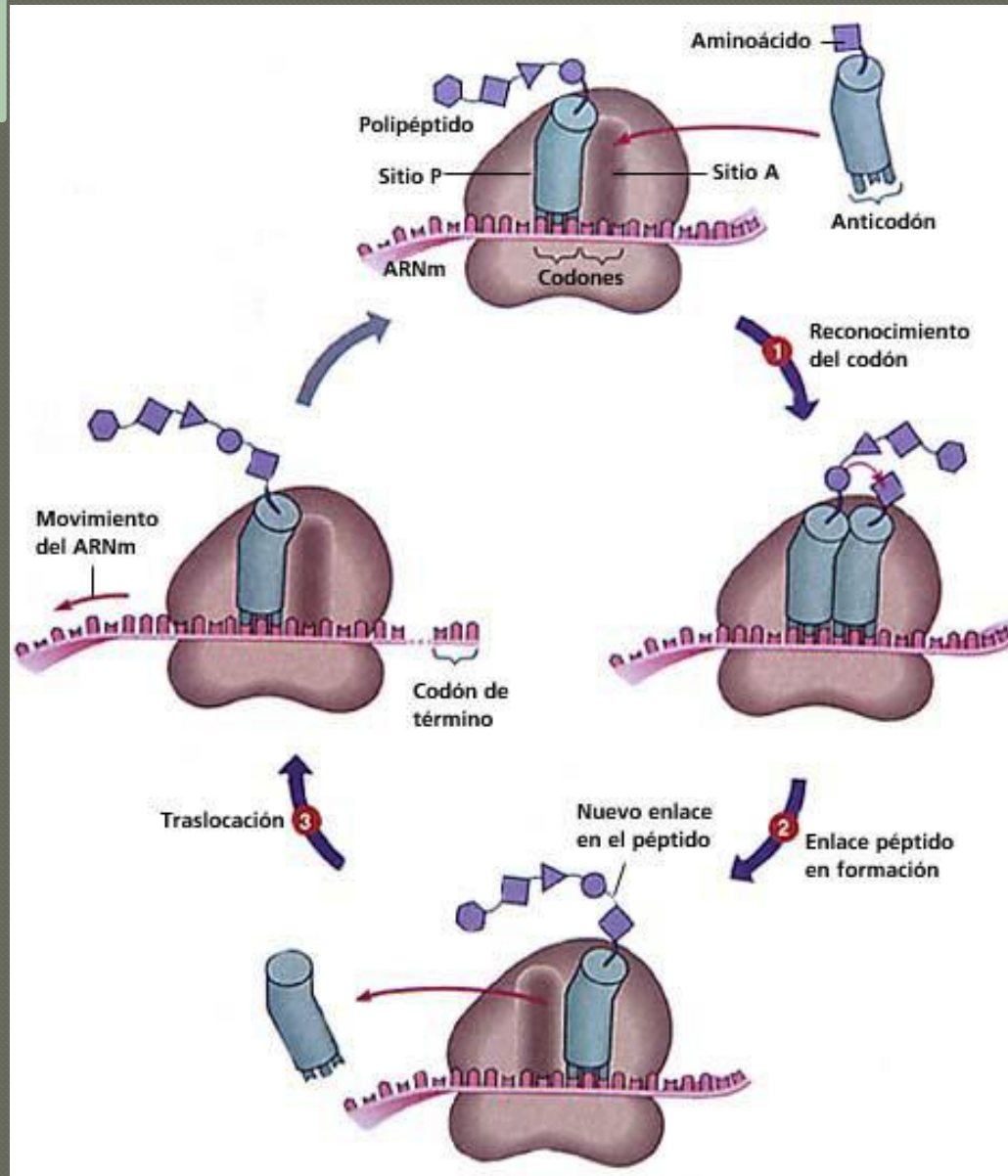


## FINALIZACIÓN

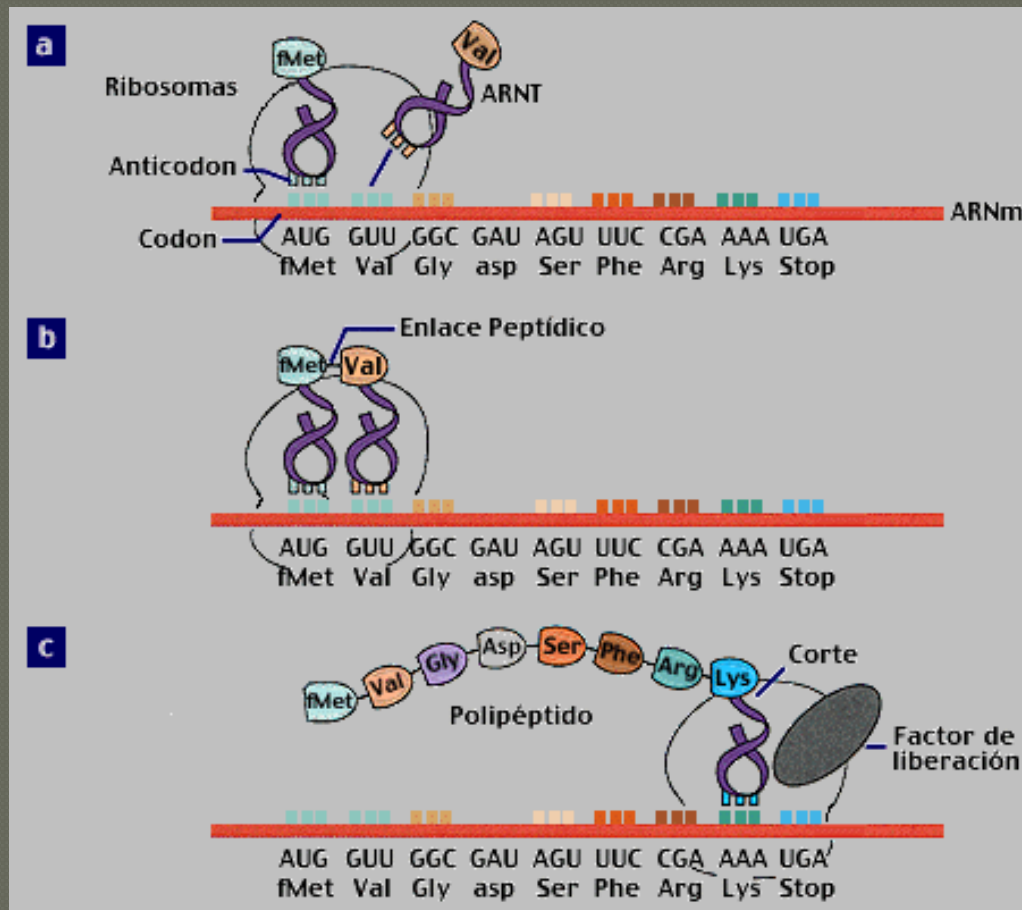




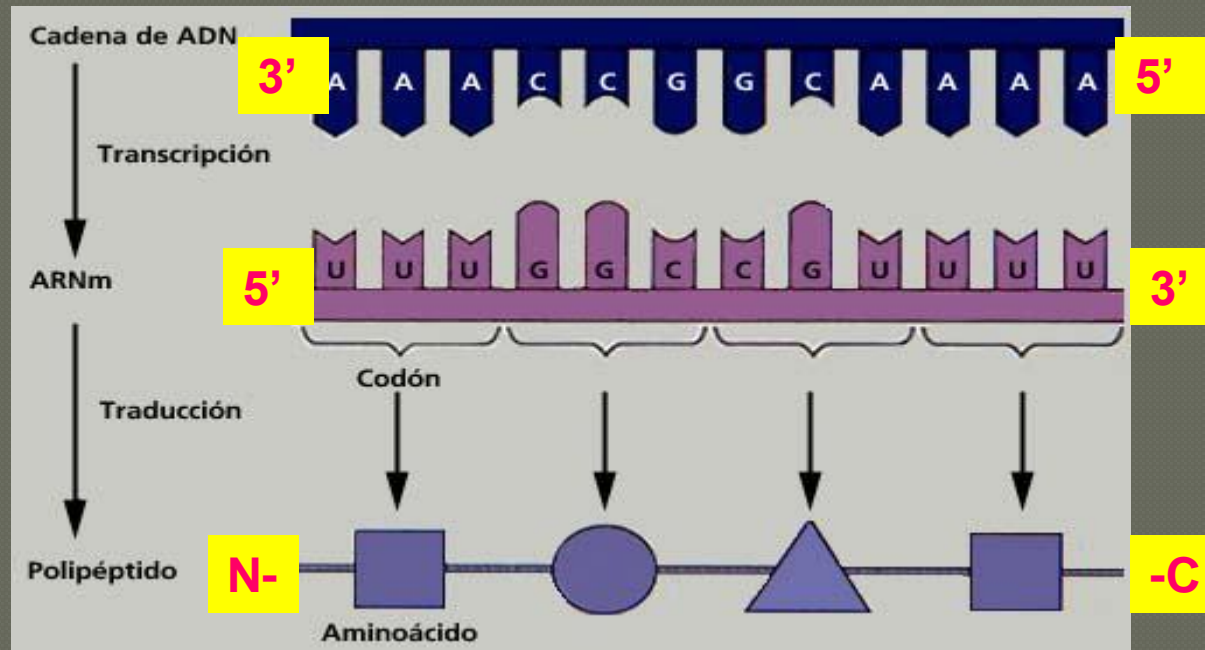
## Repaso: ELONGACIÓN



## Repaso: ELONGACIÓN Y TERMINACIÓN



SENTIDO DE LECTURA  
(transcripción y traducción)





# CÓDIGO GENÉTICO

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

## ES DEGENERADO

(un aa puede ser determinado por varios tripletes: hay tripletes sinónimos)

## ES UNIVERSAL

(relativamente, hay pequeñas variaciones en el código mitocondrial)

## NO HA VARIADO EN LA EVOLUCIÓN

**SE LEE POR "PALABRAS" DE TRES "LETRAS"**  
(Los codones son tripletes de nucleótidos:  $4^3=64$ )

**NO HAY SOLAPAMIENTO**  
(Los codones no se solapan)

**HAY PALABRAS DE INICIO Y FIN**  
(Hay tripletes de inicio y de terminación)