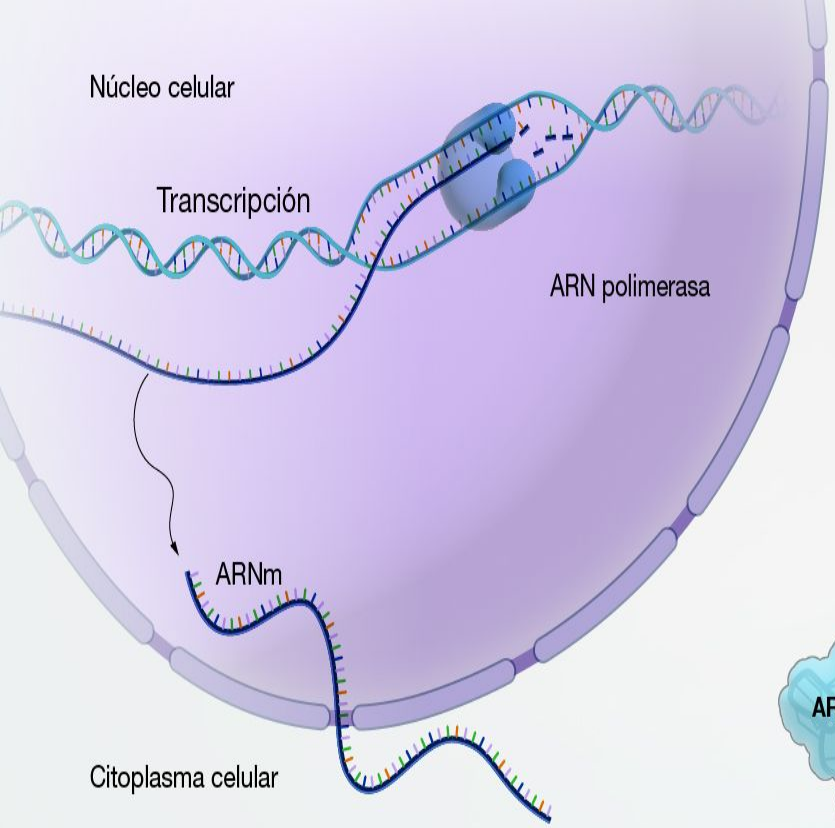
# TRADUCCIÓN







Características generales, código genético y control de la traducción

# Código genético

**Define la forma en que se transfiere la información desde el ARNm para poder fabricar la proteína.**

- ✔ **Es no solapante.**
- ✔ **Cada codón hace un aminoácido especifico.**
- ✔ **Cada aminoácido puede estar codificado por más de un codón «Degeneración del código».**

**Segunda Letra**

| Primera Letra | U | | C | | A | | G | | Tercera Letra |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 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 | Iso | ACU | Thr | AAU | Asn | AGU | Ser | U |
| | AUC | Iso | ACC | Thr | AAC | Asn | AGC | Ser | C |
| | AUA | Iso | ACA | Thr | AAA | Lys | AGA | Arg | A |
| | AUG | Met | 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 | GAG | Glu | GGG | Gly | G |

# Degeneración del CG

el conjunto de codones sinónimos para cada aminoácido se puede resumir, empleando los símbolos habituales:
N= cualquier nucleótido
R= purínico (A o G)
Y= pirimidínico (C o U)

un solo codón

2 codones sinónimos (siempre difieren en la 3ª base y ambas son purínicas o ambas pirimidínicas)

3 codones sinónimos

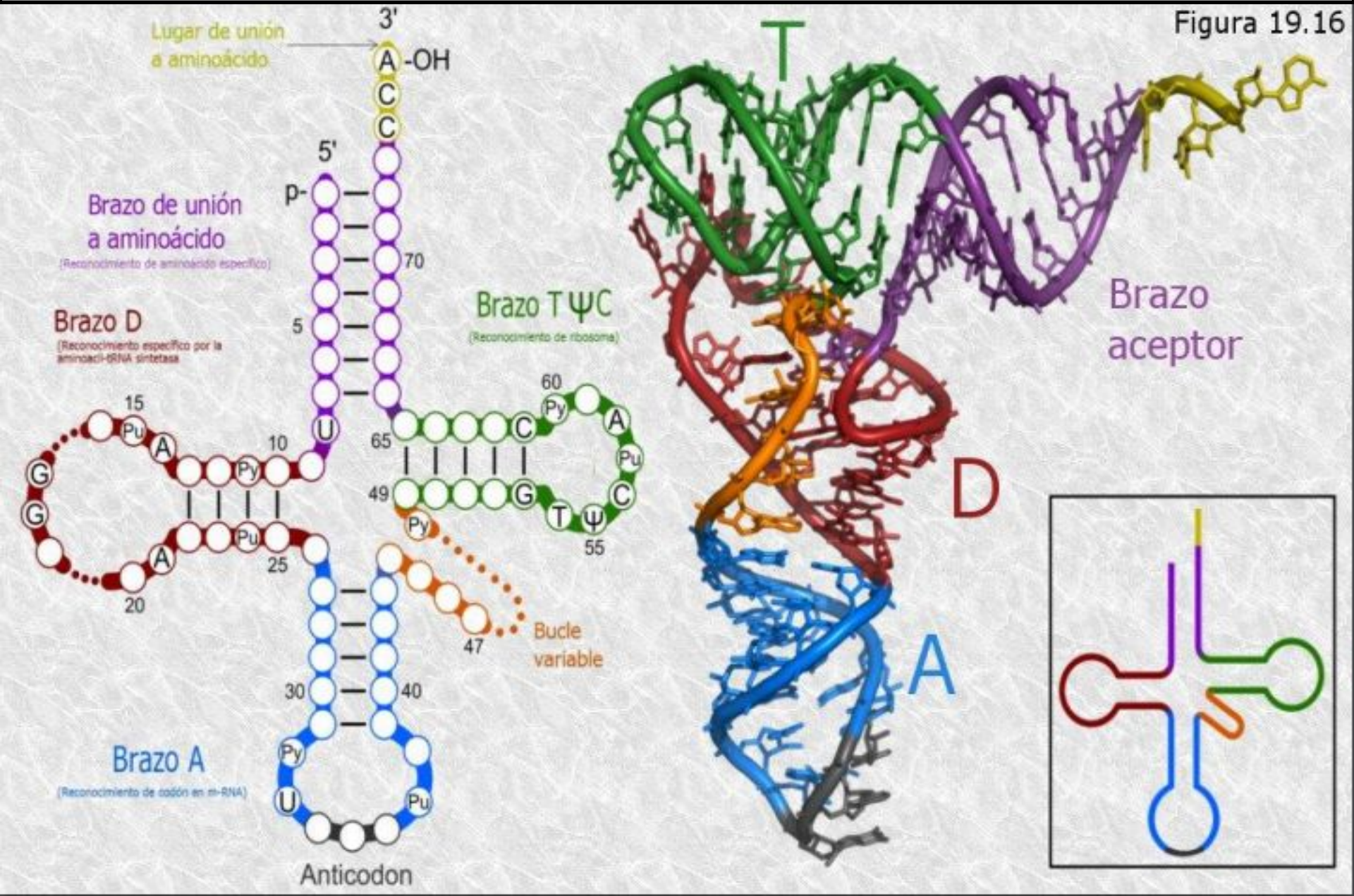
4 codones sinónimos (siempre difieren en la 3ª base)

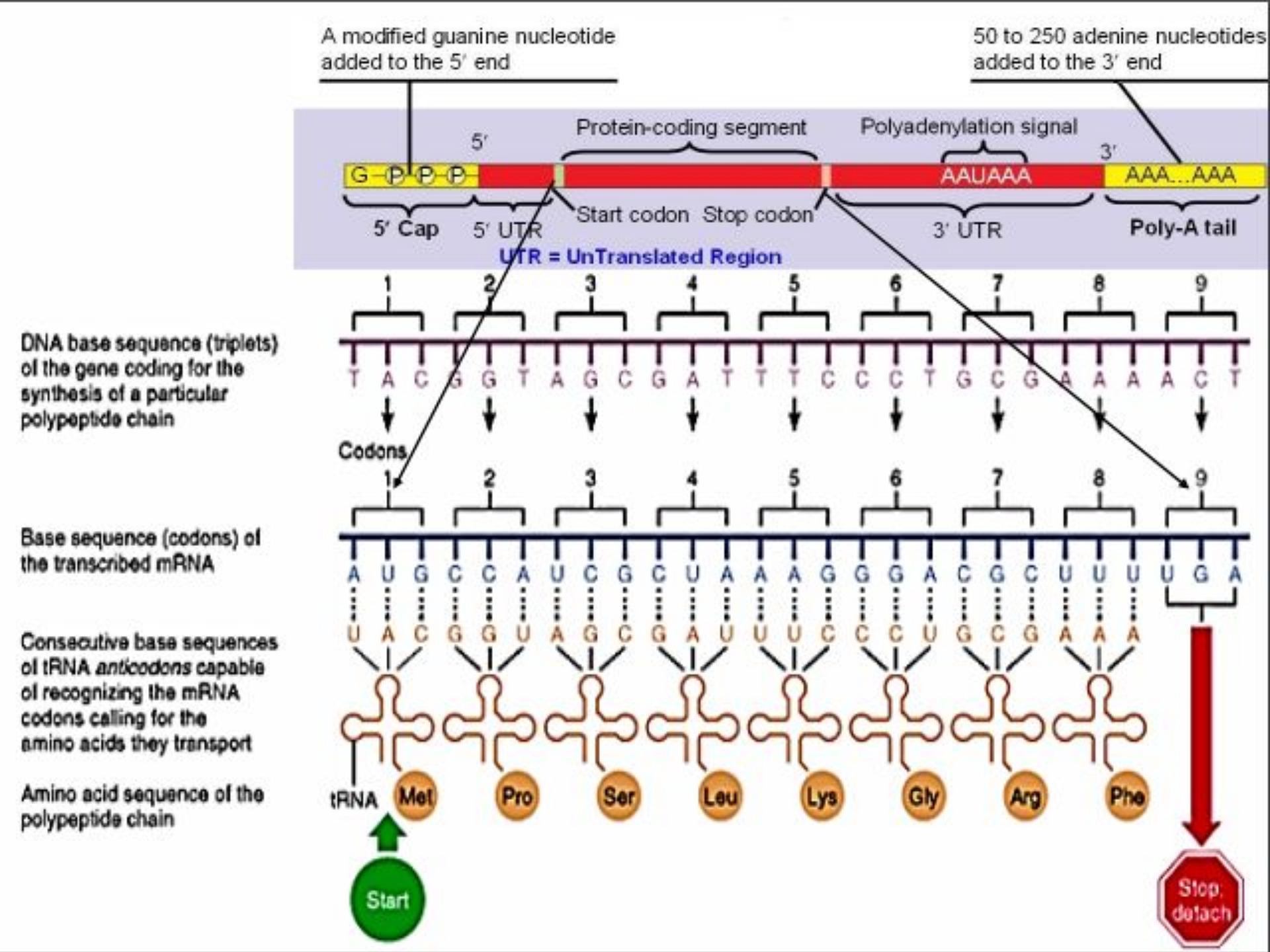
6 codones sinónimos (un grupo de 4 y uno de 2, con las características indicadas arriba)

| aminoácidos | | | codones sinónimos | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **M** | Met | metionina | AUG | | | | | | |
| **W** | Trp | triptófano | UGG | | | | | | |
| **D** | Asp | aspártico | GAC | GAU | | | | | GAY |
| **N** | Asn | asparragina | AAC | AAU | | | | | AAY |
| **C** | Cys | cisteína | UGC | UGU | | | | | UGY |
| **F** | Phe | fenilalanina | UUC | UUU | | | | | UUY |
| **E** | Glu | glutámico | GAA | GAG | | | | | GAR |
| **Q** | Gln | glutamina | CAA | CAG | | | | | CAR |
| **H** | His | histidina | CAC | CAU | | | | | CAY |
| **K** | Lys | lisina | AAA | AAG | | | | | AAR |
| **Y** | Tyr | tirosina | UAC | UAU | | | | | UAY |
| **I** | Ile | isoleucina | AUA | AUC | AUU | | | | |
| **A** | Ala | alanina | GCA | GCC | GCG | GCU | | | GCN |
| **G** | Gly | glicina | GGA | GGC | GGG | GGU | | | GGN |
| **P** | Pro | prolina | CCA | CCC | CCG | CCU | | | CCN |
| **T** | Thr | treonina | ACA | ACC | ACG | ACU | | | ACN |
| **V** | Val | valina | GUA | GUC | GUG | GUU | | | GUN |
| **R** | Arg | arginina | CGA | CGC | CGG | CGU | AGA | AGG | CGN+AGR |
| **L** | Leu | leucina | CUA | CUC | CUG | CUU | UUA | UUG | CUN+UUR |
| **S** | Ser | serina | UCA | UCC | UCG | UCU | AGC | AGU | UCN+AGY |

**De esta forma podemos aclarar que un primer aa agregado al peptido es el codón de inicio AUG(codificador de Metionina) hasta la llegada de uno de los codones de STOP (UAG, UAA, UGA) que no codifican aminoácidos.**

# Estructura del ARNt

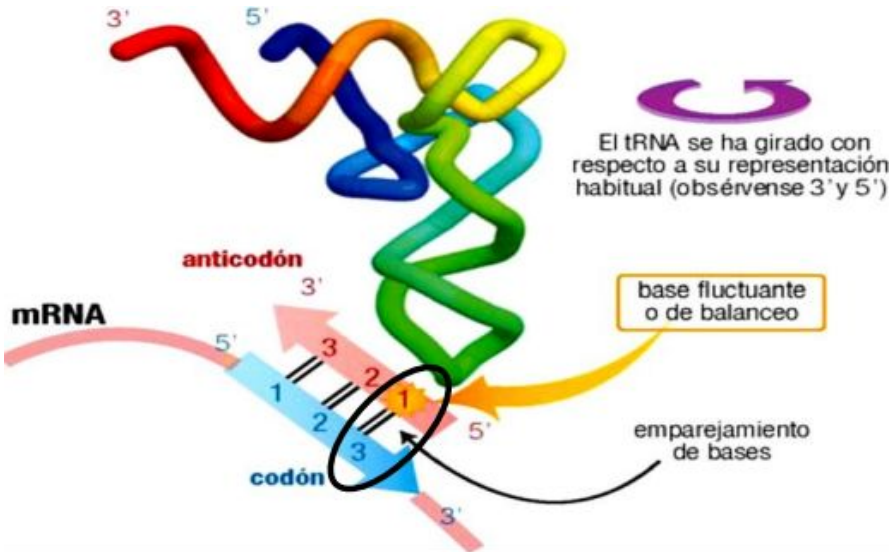



A modified guanine nucleotide added to the 5′ end
50 to 250 adenine nucleotides added to the 3′ end
5′
Protein-coding segment
Polyadenylation signal
3′
G P P P
AAUAAA
AAA…AAA
5′ Cap
5′ UTR
Start codon
Stop codon
3′ UTR
Poly-A tail
UTR = UnTranslated Region
DNA base sequence (triplets) of the gene coding for the synthesis of a particular polypeptide chain
1 2 3 4 5 6 7 8 9
T A C G G T A G C G A T T T C C C T G C G A A A A C T
Codons
Base sequence (codons) of the transcribed mRNA
A U G C C A U C G C U A A A G G G A C G C U U U U G A
Consecutive base sequences of tRNA anticodons capable of recognizing the mRNA codons calling for the amino acids they transport
U A C G G U A G C G A U U U C C C U G C G A A A
Amino acid sequence of the polypeptide chain
tRNA
Met
Pro
Ser
Leu
Lys
Gly
Arg
Phe
Start
Stop, detach

# Teoría de la oscilación o balanceo

**El triplete del anticodón de un ARNt une sus bases 3, 2 y 1 con las bases 1, 2 y 3 del codón, respectivamente.**

**La primera base del anticodón (posición 5' del ARNt) puede orientarse de formas ligeramente distintas (balanceo o fluctuación) para unirse con bases alternativas en la tercera posición del codón. Este emparejamiento tiene lugar mediante enlaces de hidrógeno diferentes de los clásicos de Watson y Crick.**



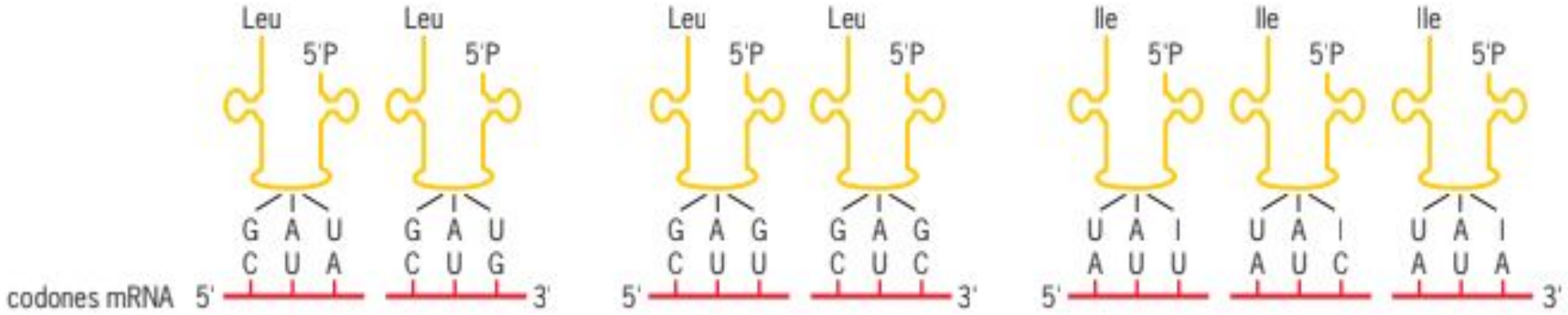
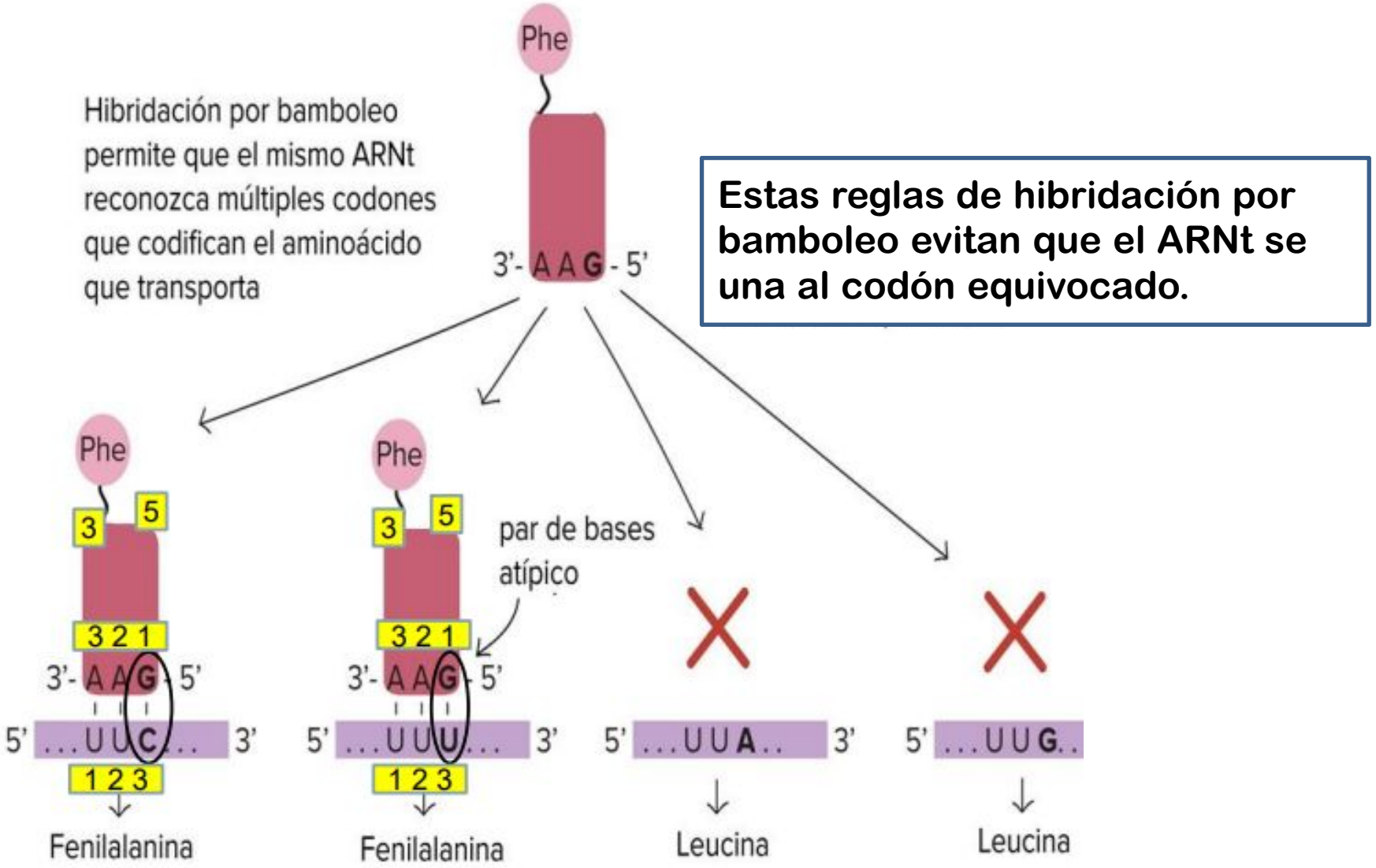




**FIGURA 11-42 Oscilación en la interacción entre codones y anticodones.** En algunos casos el nucleótido en el extremo 5' del anticodón de tRNA es capaz de aparearse con más de un nucleótido en el extremo 3' (tercera posición) del codón de mRNA. En consecuencia, más de un codón puede usar el mismo tRNA. Las reglas para el emparejamiento en el esquema de oscilación se indican en la figura y en el texto.

**A esta flexibilidad contribuye la presencia, en algunos anticodones, del nucleósido infrecuente Inosina (I), que es capaz de emparejarse tanto con A como con U o C. La I se genera por desanimación de una A presente en el transcrito primario del ARNt.**



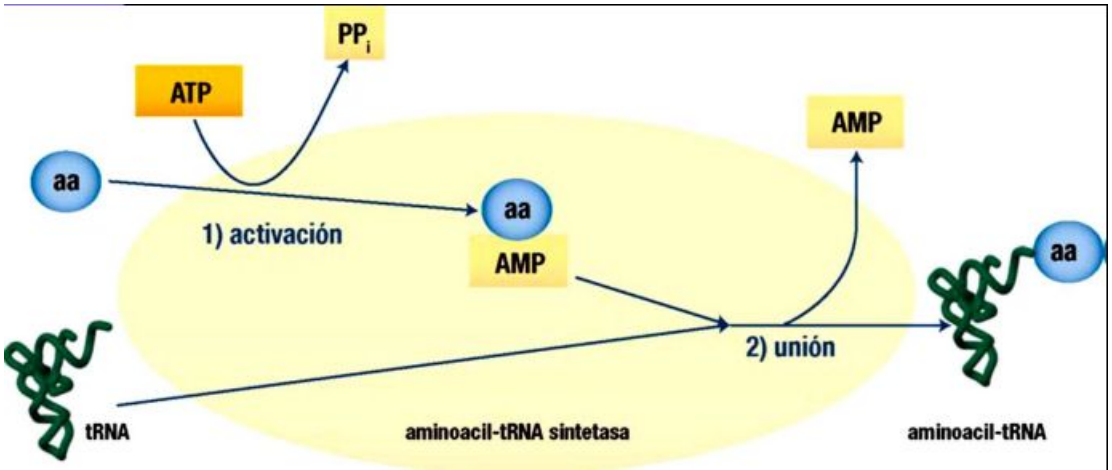
# Activación de los aminoácidos

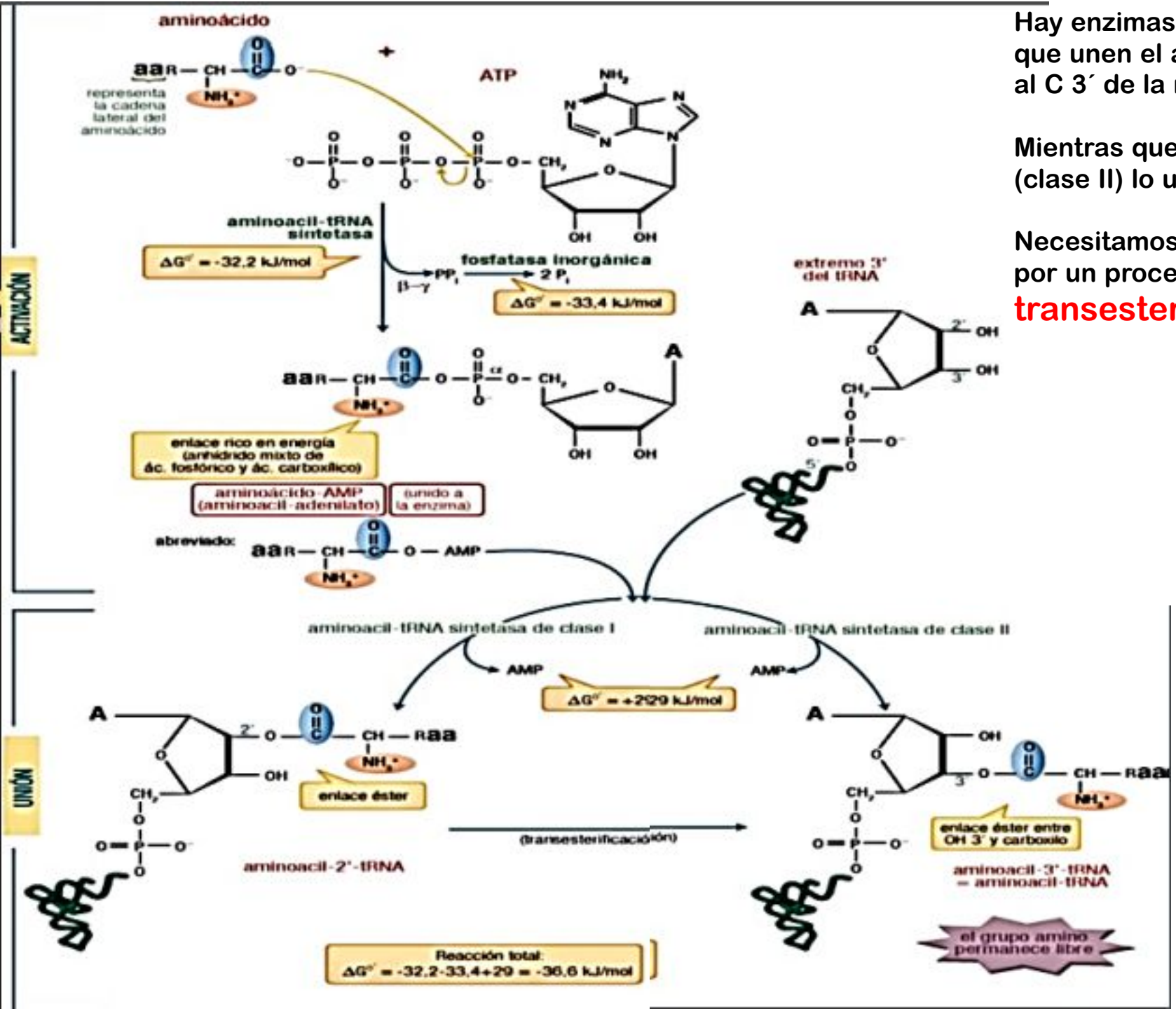
Para empezar utilizar los aminoácidos para la síntesis de un polipeptido estos deben incorporarse al ARNt por un proceso denominado «carga».

Los aminoácidos están unidos en forma covalente a los extremos 3-de sus tRNA afines por una enzima llamada aminoacil-tRNA sintetasa.

1er. paso: ATP + aminoácido → aminoacil-AMP + PPi

2o. paso: aminoacil-AMP + tRNA → aminoacil-tRNA + AMP



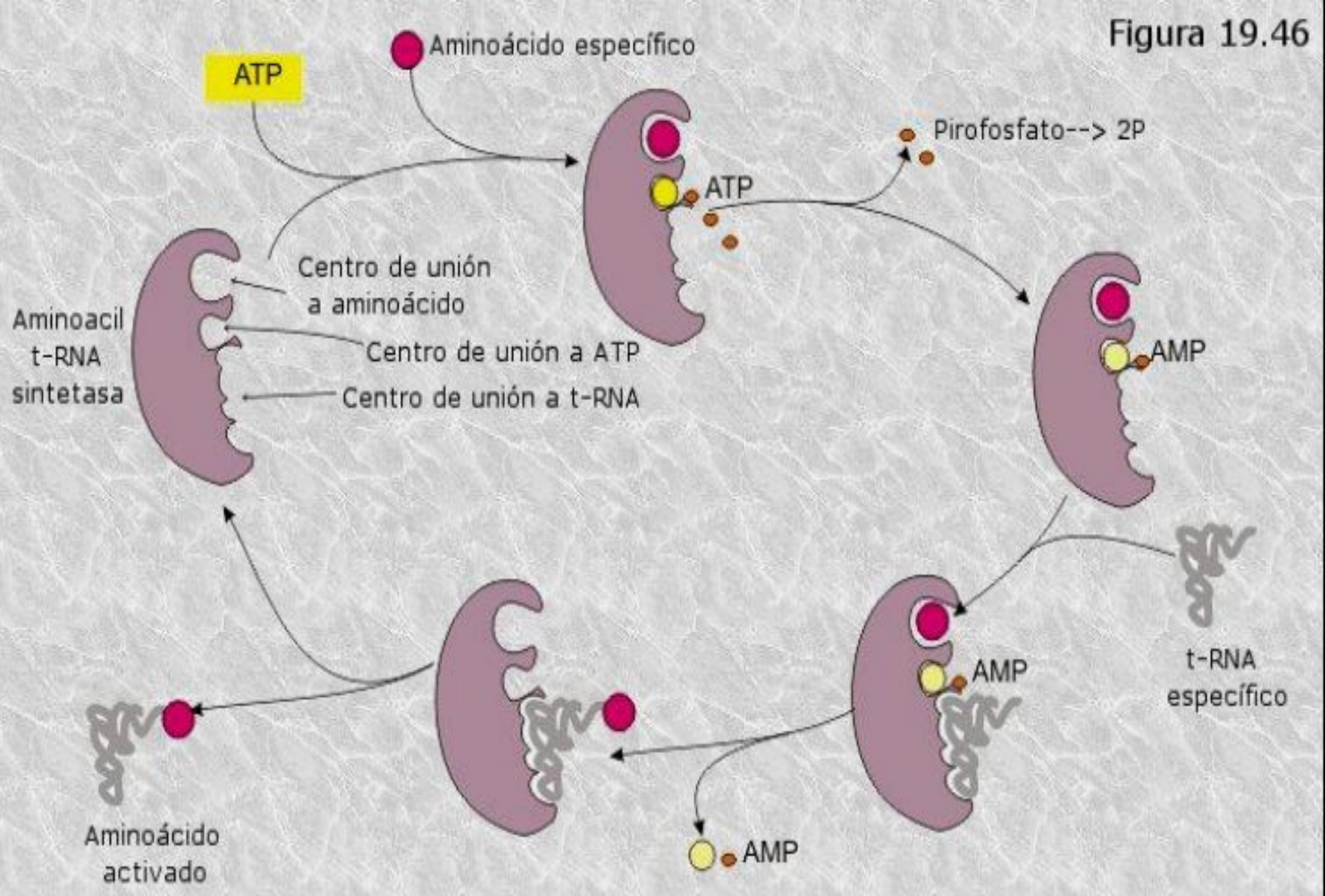



Hay enzimas (clase I) que unen el aminoácido al C 3´ de la ribosa.

Mientras que otras (clase II) lo unen al C 2´.

Necesitamos moverlo por un proceso llamado **transesterifación**.

Figura 19.46




Activación de los aminoácidos por aminoacil-t-RNA sintetasas

# Traducción

## Características generales

- ✔ Se da en los ribosomas
- ✔ Sentido de lectura → 5’ 3´
- ✔ Síntesis del polipeptido → Se inicia en el extremo amino
- ✔ Comienza de al leerse el codón de inicio(AUG) para terminar en alguno de los codones de Stop.

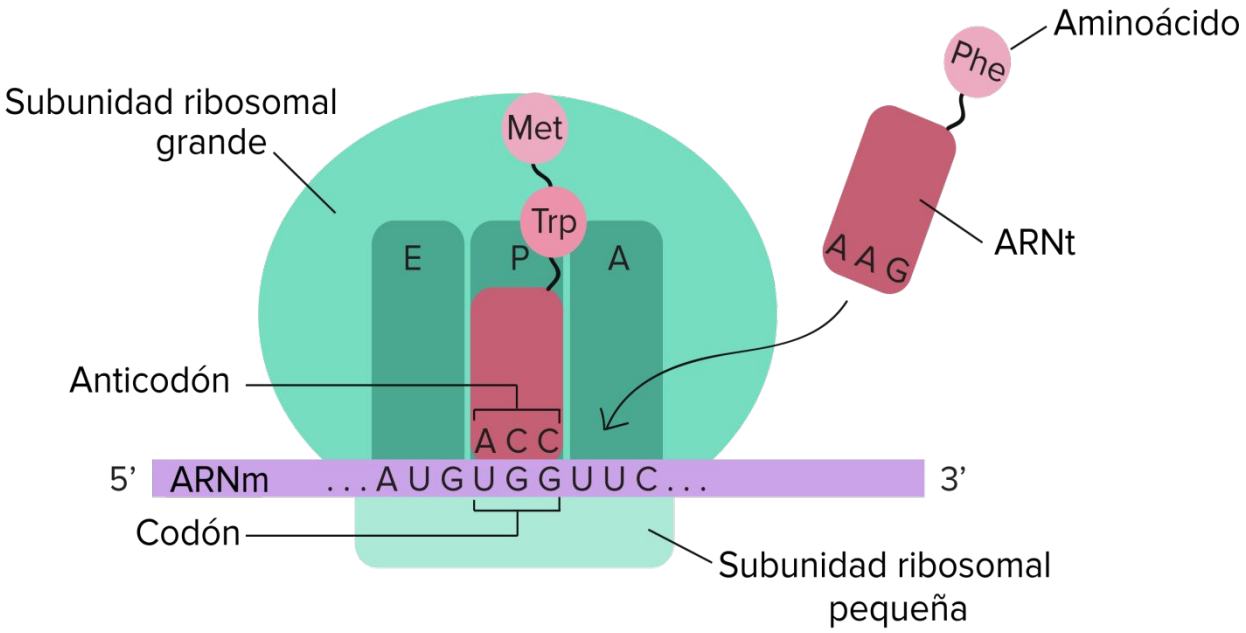
# Papel de los ribosomas

**Los ribosomas son estructuras complejas que se componen de ARN ribosomal (ARNr) y otras proteínas. Se diferencian en tamaño y complejidad, y estas diferencias se observan en su grado de sedimentación, que se mide en Svedbergs (S).**

**Los ribosomas eucarioticos tienen subunidades grandes (60 S) y subunidades pequeñas (43 S).**

**Contienen 3 sitios denominados:**

**Sitio A (aminoacilo)**
**Sitio P (peptidilo)**
**y el sitio E (salida).**



# ¿Cómo ingresa el ARNm a los ribosomas?

1. El ARNm ingresa entre las subunidades mayor y menor.

2. La subunidad grande del ribosoma es la encargada de proteger los enlaces peptídicos, mientras que la pequeña se encarga de codificación del ARNm.

3. El ARNm pasa por los sitios A, P y E. Hasta empezar a codificarse en el sitio A.

4. Una vez que ya se trajeron los aminoácidos estos empiezan a ensamblarse en el sitio P mediante los enlaces peptídicos.

5. Una vez formado el polipéptido este sale por el sitio E y el ARNm es reutilizado.

