



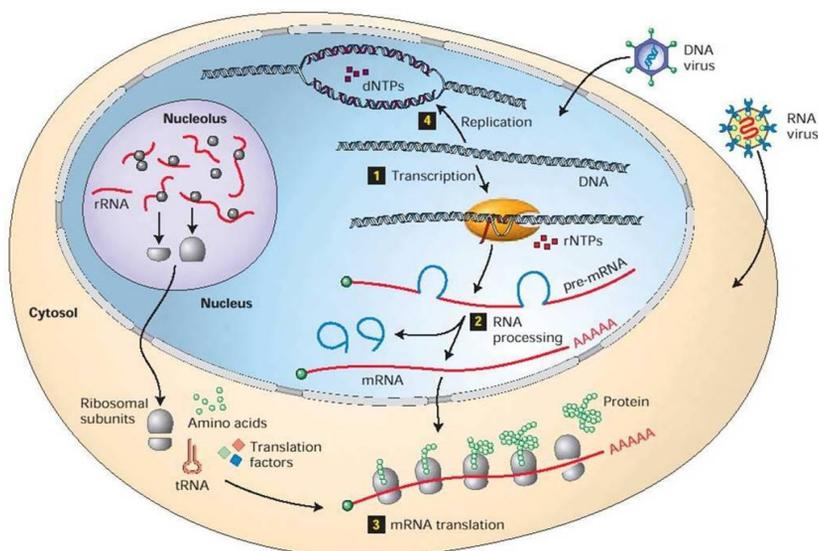
UNIVERSIDAD
DE LA REPUBLICA
URUGUAY



Genética

Facultad de Enfermería
Universidad de la República
CURE Rocha
ESFUNO
Asistente: Amalia Ávila

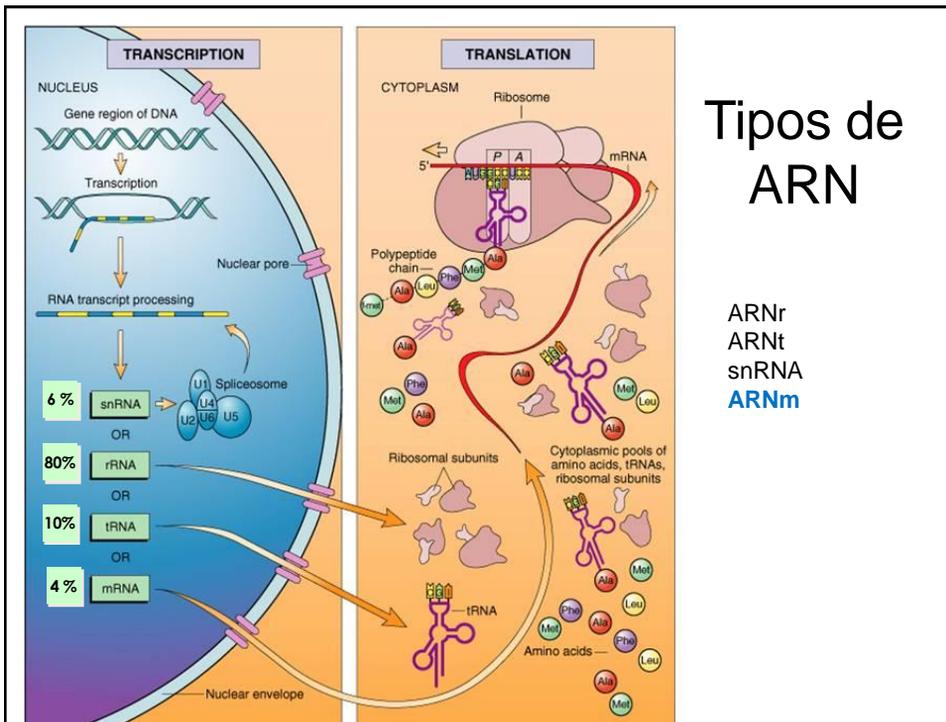
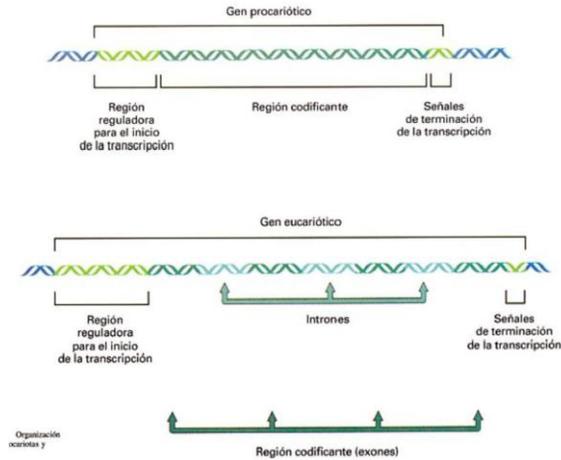
Flujo de información en la célula



¿Qué es un gen?

DEFINICION MOLECULAR

- Un gen es una secuencia de nucleótidos que contiene la información necesaria para la síntesis de un polipéptido o un ARN funcional.
- Se incluyen en esta definición operacional, la secuencia codificante del gen y las secuencias señal adyacentes que indican el comienzo y fin de la unidad transcripcional.
- En procariontes y eucariontes la estructura de los genes es levemente diferente.

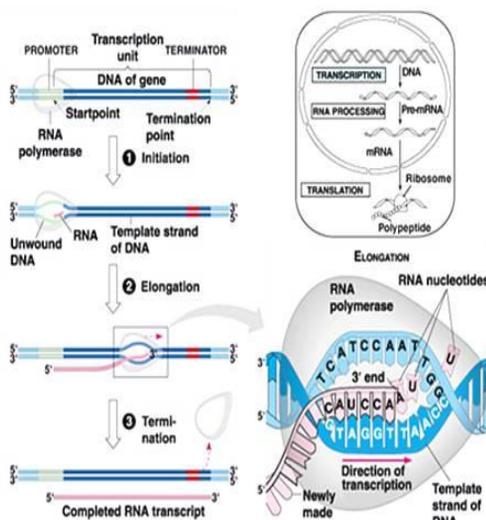


Tipos de ARN

ARNr
ARNt
snRNA
ARNm

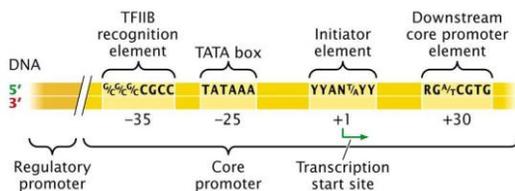
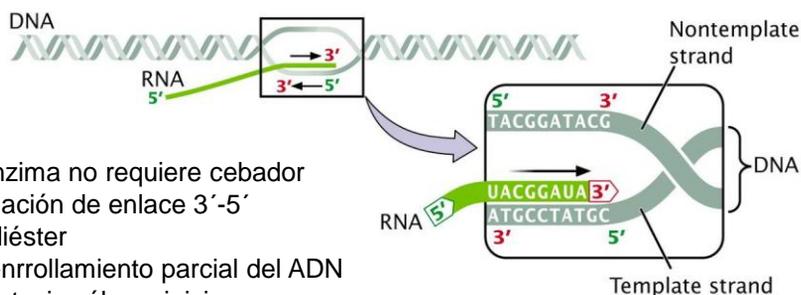
La transcripción: síntesis de ARN

- Proceso de copia de una región del ADN (Gen)
- Se toma una hebra como molde (apareamiento de bases)
- Mediado por enzimas ARN polimerasa (interacción ADN-proteínas)
- Direccionalidad de copia, la enzima elonga una cadena en dirección 5'-3'
- Se transcribe el mensaje
- Se transcribe para generar la maquinaria de la síntesis proteica
 - Ribosomas
 - ARNt



Características de la transcripción

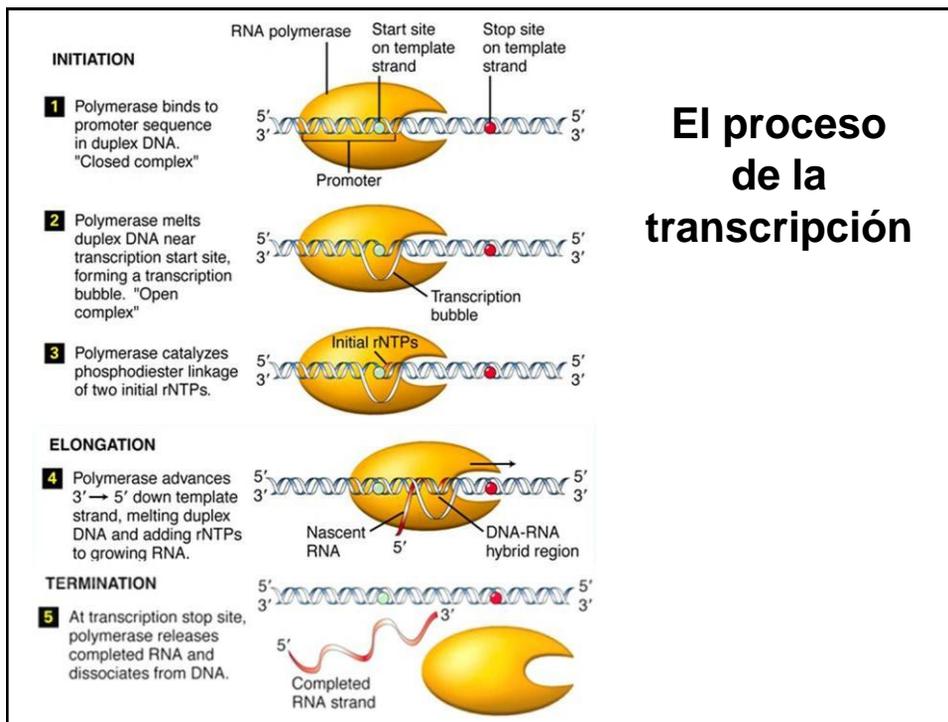
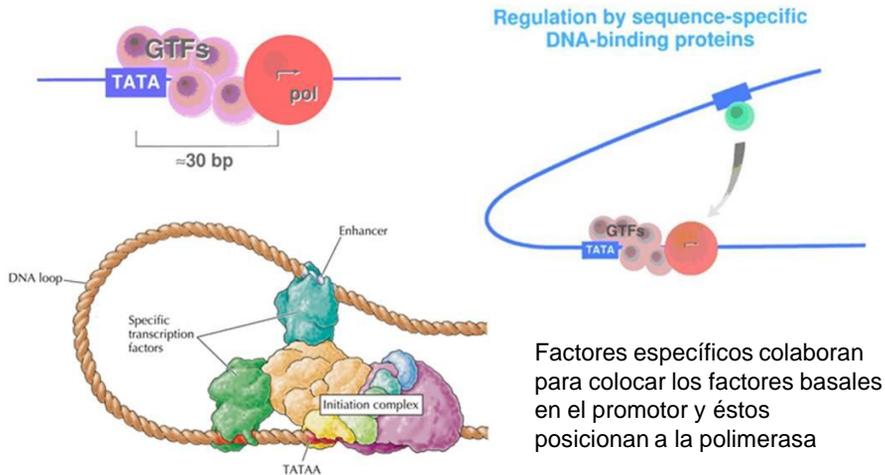
- La enzima no requiere cebador
- Formación de enlace 3'-5' fosfodiéster
- Desenrollamiento parcial del ADN
- La síntesis sólo se inicia en secuencias específicas llamadas promotores



Estructura modular de un promotor eucariota

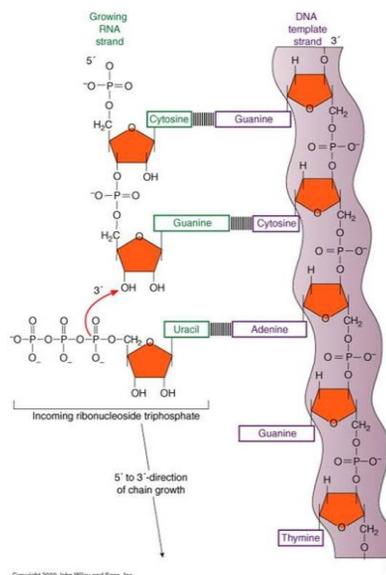
Iniciación en eucariotas

Todas las polimerasas eucariotas necesitan Factores Transcripcionales basales para reconocer los promotores e iniciar la transcripción



Diferencias con replicación:

- Uso de ribonucleótidos
- Uracilo por Timina
- Adición de nucleótidos por RNA Polimerasa
- Formación temporal de un duplex ADN-ARN
- El producto es de cadena simple



ARN polimerasas eucariotas

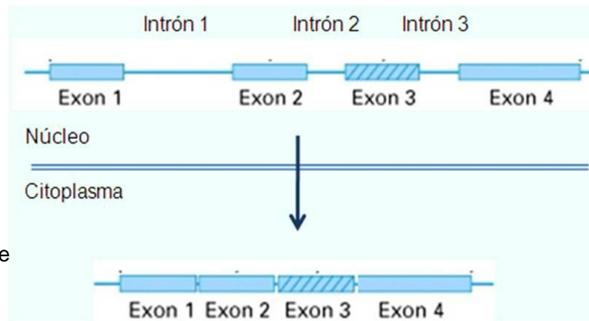
INCAPACES DE RECONOCER EL PROMOTOR

<i>Polimerasa</i>	<i>localización</i>	<i>genes transcritos</i>	<i>inhibición por α-amanitina</i>
Pol I	nucléolo	ARNr	insensible
Pol II	nucleoplasma	ARNm, ARN _p n	muy sensible
Pol III	nucleoplasma	ARNt, ARNr 5S	sensible

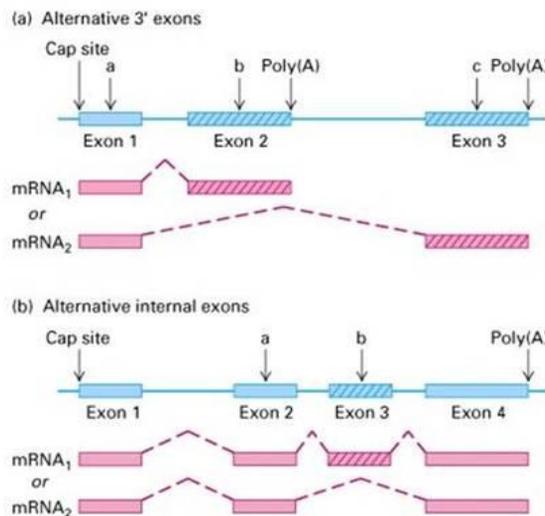
Procesamiento de los ARN

En los genomas eucariotas se encuentran unidades transcripcionales simples o complejas

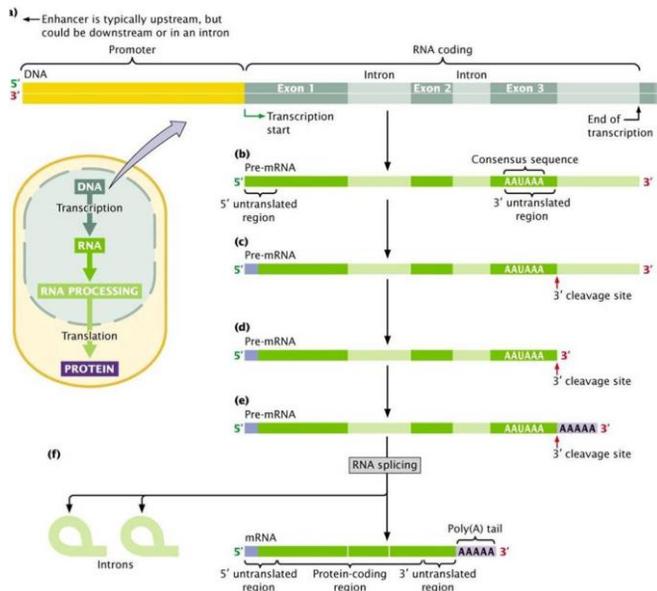
- En los genomas eucariotas pueden existir unidades transcripcionales simples o complejas.
- La complejidad está dada por el procesamiento diferencial de intrones (splicing)
- Es posible obtener varios polipéptidos diferentes a partir de un mismo gen (splicing alternativo).
- Si bien existen 35000 genes en el genoma humano se pueden generar muchas más proteínas diferentes



Procesamiento alternativo de los ARN mensajeros

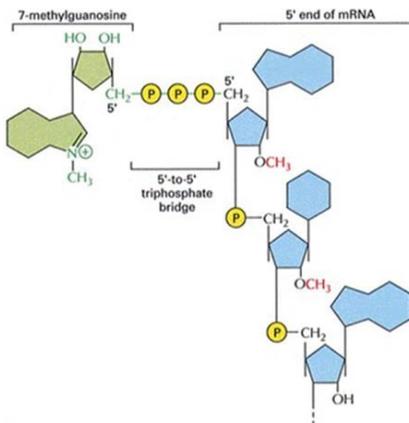


Procesamiento de los ARN mensajeros

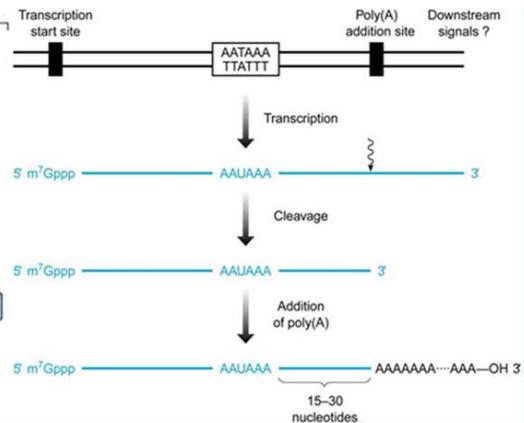


Estabilidad del mensajero

Capping

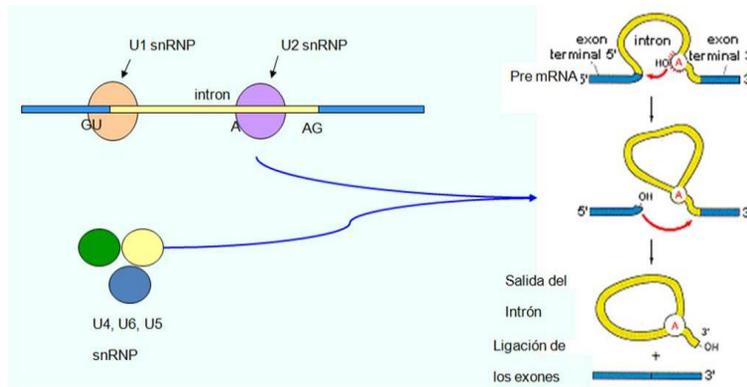


Poliadenilación en extremo 3'



El proceso de corte y empalme

- Ensamblado secuencial de partículas riboproteicas (SNURPs)
- Apareamiento de bases con el mRNA
- Corte y empalme
- Liberación del intrón

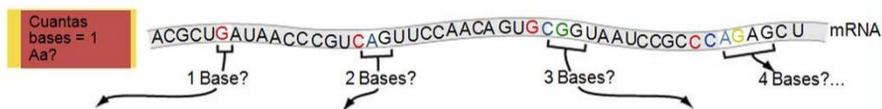


Traducción y Código Genético

El problema del pasaje de información

El orden de las bases en una porción del ADN representa un código para una secuencia de aminoácidos específica.

Hay 4 bases en el ARN (U, C, A, G) y deben especificar 20 aminoácidos.



Cuántas bases = 1 Aa?

U	C	A	G
1	2	3	4

Un código simple implica sólo 4 Aas.

4 < 20: No alcanza

Un código en dobletes específica 4x4 = 16 Aas.

UU	UC	UA	UG
1	2	3	4
CU	CC	CA	CG
5	6	7	8
AU	AC	AA	AG
9	10	11	12
GU	GC	GA	GG
13	14	15	16

16 < 20: No alcanza

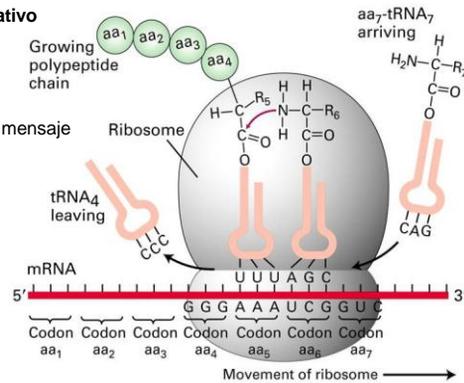
Un código en tripletes especifica 4 x 4 x 4 = 64 Aas.

UUU	UUC	UUA	UUG
1	2	3	4
CCU	CCC	CCA	CCG
5	6	7	8
AAU	AAC	AAA	AAG
9	10	11	12
GGU	GGC	GGA	GGG
13	14	15	etc...

64 > 20: Más que suficiente

Síntesis de proteínas

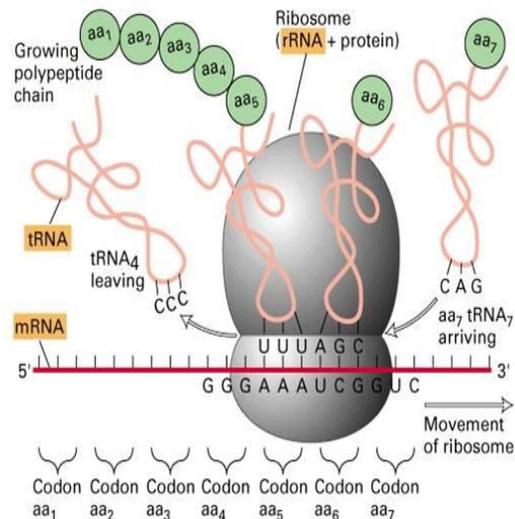
- La síntesis proteica ocurre de modo semejante en todas las células
- El DNA porta la información para la síntesis proteica en una secuencia de nucleótidos
- El RNA transporta la información al citoplasma donde ocurre la síntesis proteica
- Tres tipos de RNA desempeñan un papel cooperativo
 - mRNA transportador de la información
 - rRNA asociado a proteínas forma el ribosoma
 - tRNA portadores de aminoácidos, lectores del mensaje
- El orden de los aminoácidos en la cadena proteica (secuencia) está determinado por la secuencia (orden) de nucleótidos
- El orden de los aminoácidos en la cadena proteica (secuencia) determina la función de la nueva proteína
- Es necesario un código bilingüe para pasar la información de la secuencia de bases a aminoácidos (código genético)



Los papeles de los ARN en la síntesis proteica

TRADUCCION

- Pasaje de información de un ARNm a una cadena polipeptídica
- La lectura depende de la interacción codón en el ARNm – anticodón en el ARNt (apareamiento de bases)
- Mediado por complejo ribo-proteico: ribosomas (interacción ADN-proteínas)
- Direccionalidad de copia



Ambigüedad y redundancia

- No ambiguo (cada codón especifica sólo un aminoácido)
- Redundante (distintos codones para un aminoácido)

existen codones sinónimos

familias de codones:

XYPur

XYPyr

tRNA como adaptador

reconocimiento codón-anticodón

hipótesis del balanceo

- Degenerado (codones sinónimos pueden ser leídos por un mismo anticodón)

		Second letter						
		U	C	A	G			
U	UUU	Phe (F)	UCU	Ser (S)	UAU	Tyr (Y)	UGU	Cys (C)
	UUC		UCC		UAC		UGC	
	UUA	Leu (L)	UCA		UAA	Stop	UGA	Stop
	UUG		UCG		UAG	Stop	UGG	Trp (W)
C	CUU		CCU		CAU	His (H)	CGU	
	CUC	Leu (L)	CCC	Pro (P)	CAC		CGC	Arg (R)
	CUA		CCA		CAA	Gln (Q)	CGA	
	CUG		CCG		CAG		CGG	
A	AUU		ACU		AAU	Asn (N)	AGU	Ser (S)
	AUC	Ile (I)	ACC	Thr (T)	AAC		AGC	
	AUA		ACA		AAA	Lys (K)	AGA	Arg (R)
	AUG	Met (M)	ACG		AAG		AGG	
G	GUU		GCU		GAU	Asp (D)	GGU	
	GUC	Val (V)	GCC	Ala (A)	GAC		GGC	Gly (G)
	GUA		GCA		GAA	Glu (E)	GGA	
	GUG		GCG		GAG		GGG	

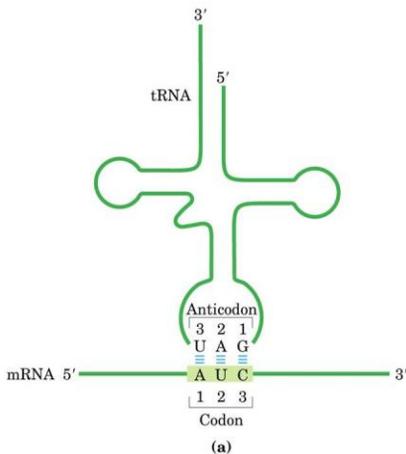
= Chain termination codon (stop)
 = Initiation codon

Reconocimiento codón-anticodón

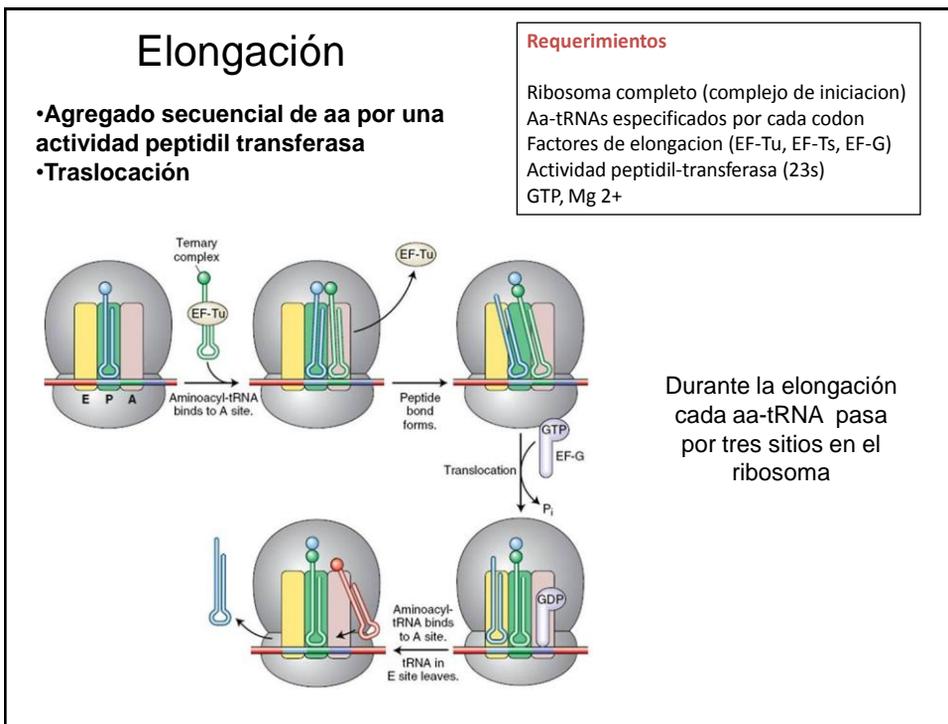
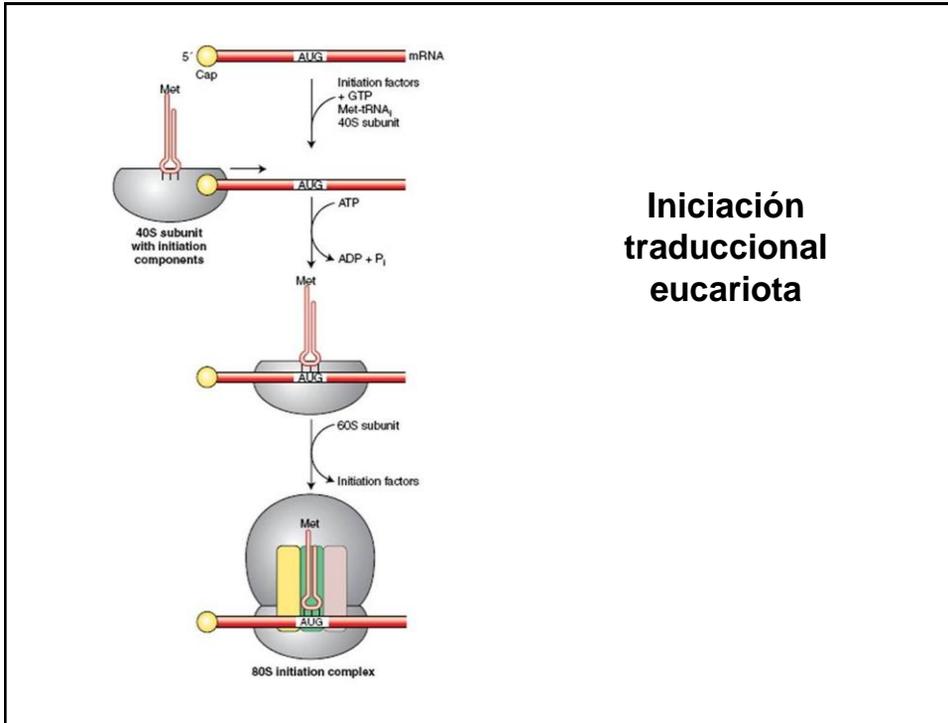
Amino acid sequence Met — His — Phe — Thr — Asn — Arg — Tyr — Ser
 Reading frame 1 5' **AUG** CAC UUU A C U A A C C G C U A U U C C 3'

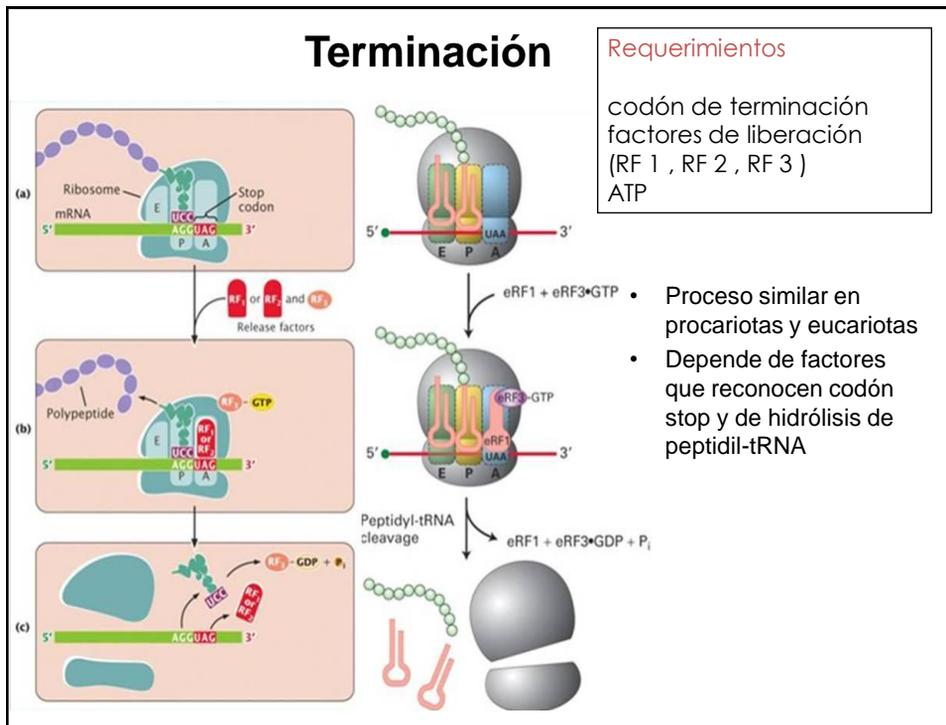
Other mRNA sequences that specify the same amino acid sequence

C A U	U U C	A C C	A A U	C G U	U A C	U C U
A C A				C G A		U C G
A C G				C G G		U C A
				A G A		A G U
				A G G		A G C



tRNA como adaptador
 reconocimiento codón-anticodón
 hipótesis del balanceo
 codones sinónimos pueden ser leídos por un mismo anticodón





EN EUCARIOTAS EXISTEN DIVERSOS NIVELES DE REGULACIÓN

La diversidad de procesos que llevan a la expresión génica ofrece varios niveles de regulación

Las imágenes incluidas en esta presentación son del dominio público y no se pretendió violentar ningún derecho de copyright