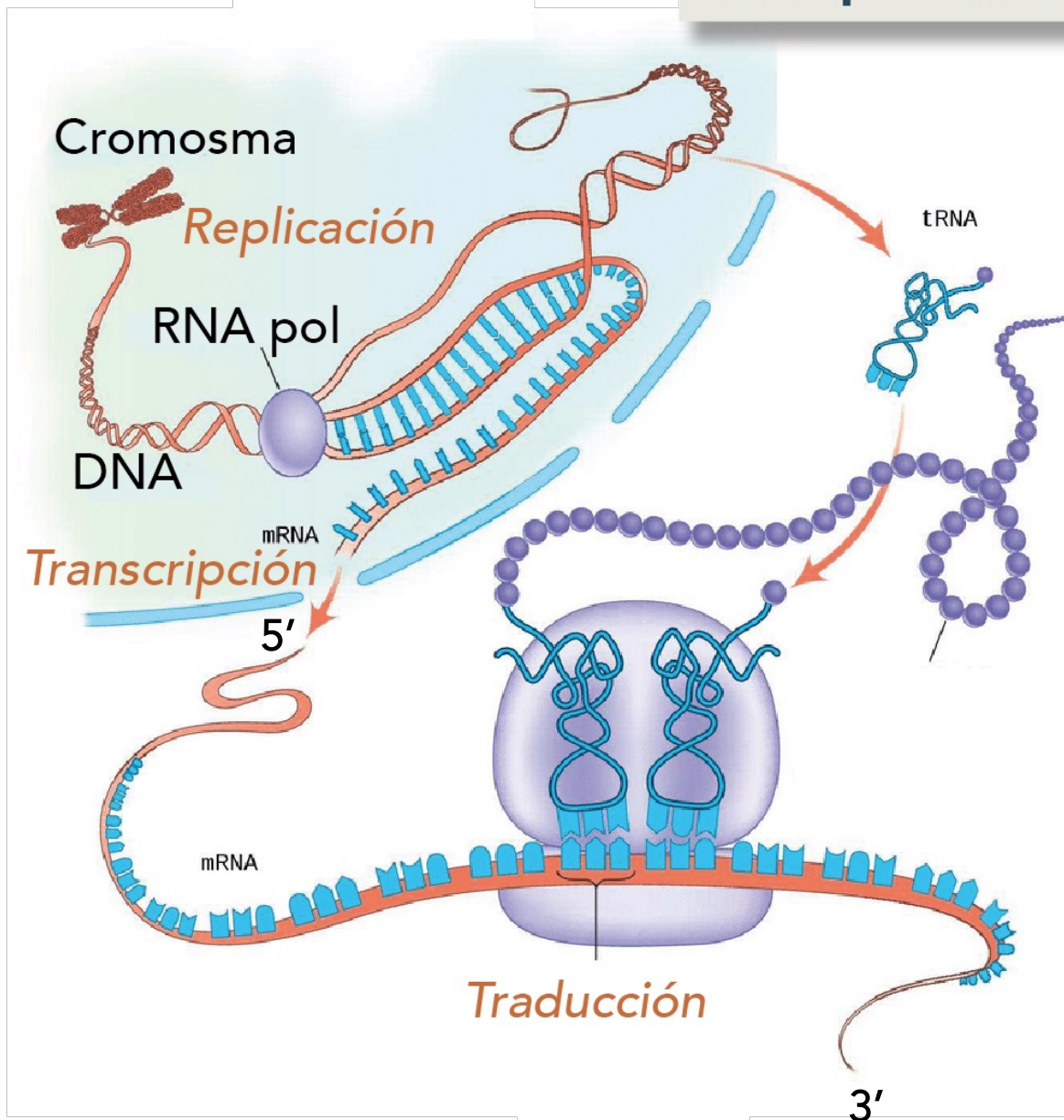


Componentes de la traducción y Código genético



Traducción

Ribosomas

(rRNA, Proteínas, Act. Ribozima)

tRNAs

(AARSs aminoacil RNA sintetisas, modificaciones bases, plegamiento)

mRNAs

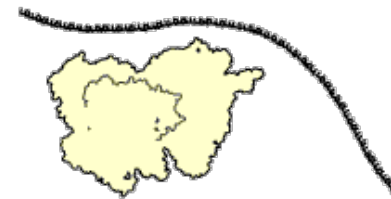
(ORFs, plegamiento, componentes)

Código genético

(Características, Interpretación, codón/anticodón, bamboleo)

E. coli is carried out by $\approx 10,000-100,000$ ribosomes and proceeds at a maximal **speed** of about 20 aa/sec

5'



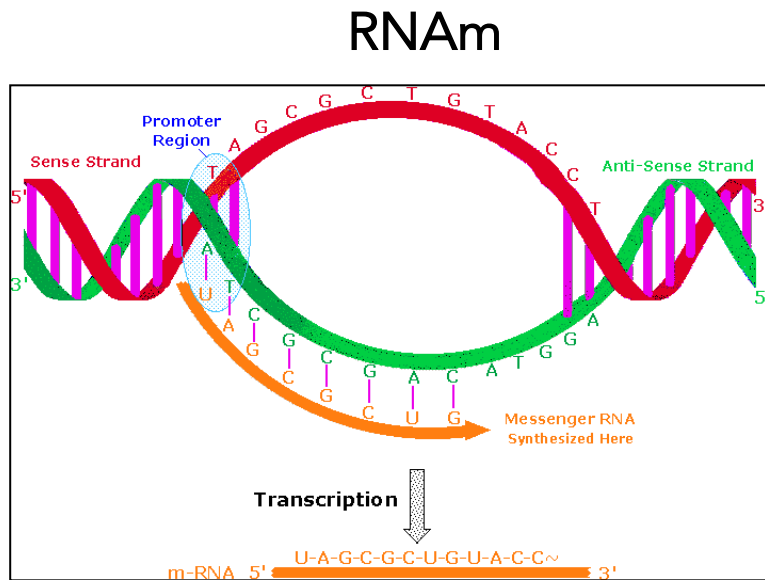
Cada tipo de RNA sufre una forma diferente de procesamiento CO-ó POST- transcripcional

(Procariontes y Eucariontes)

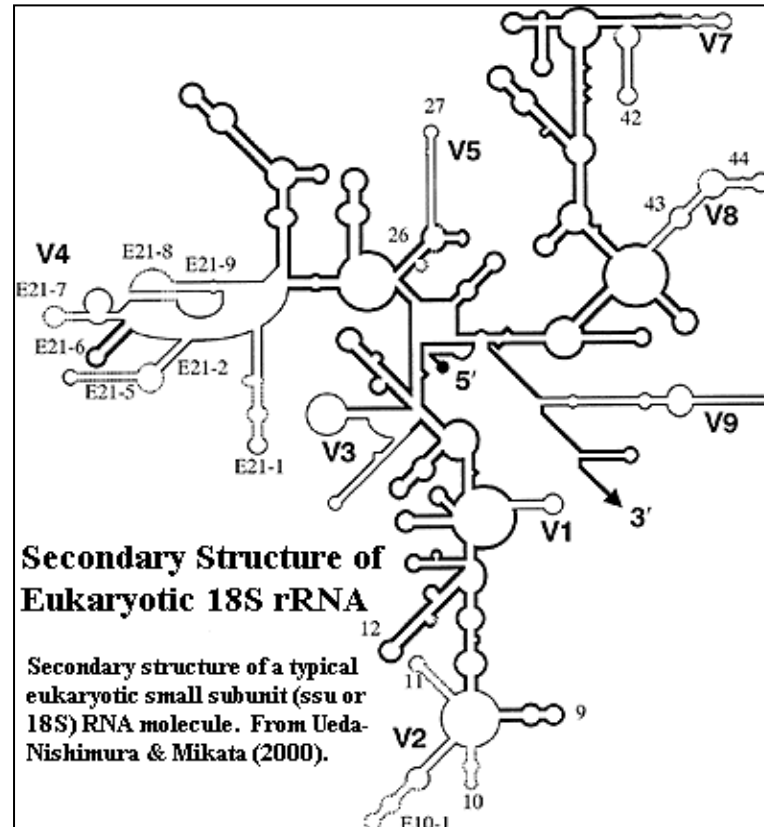
rRNA

tRNA

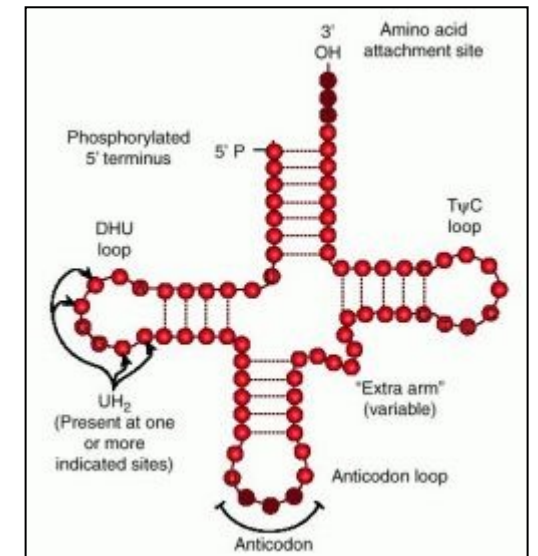
(Eucariontes)



- Adición del 5' cap
- Corte y empalme (splicing)
- Poliadenilación en 3'

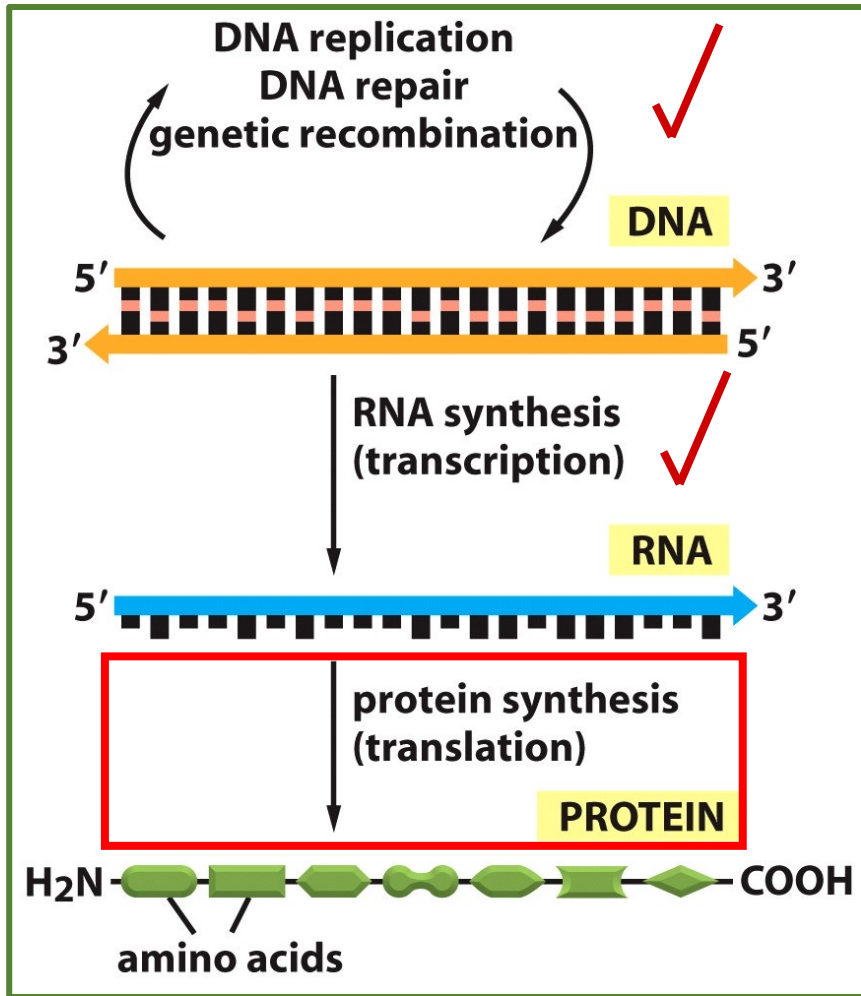


- Metilación de la ribosa.
- Remoción de partes intermedias del pre-RNA_r

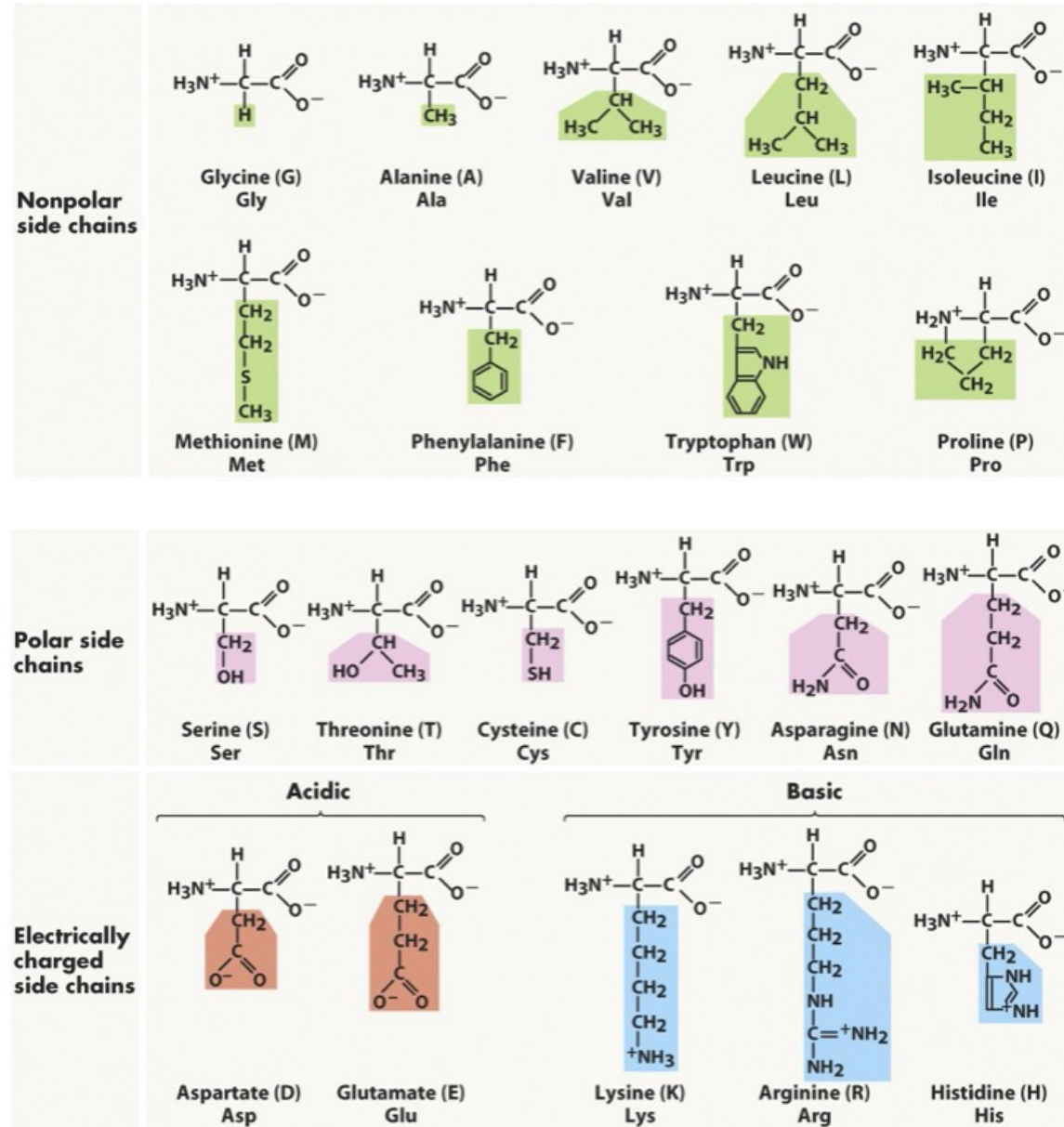


- Remoción de extremos
- Modificación de las bases.
- Adición de -CCA

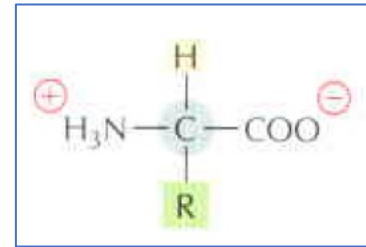
Dogma Central BM



AMINOÁCIDOS

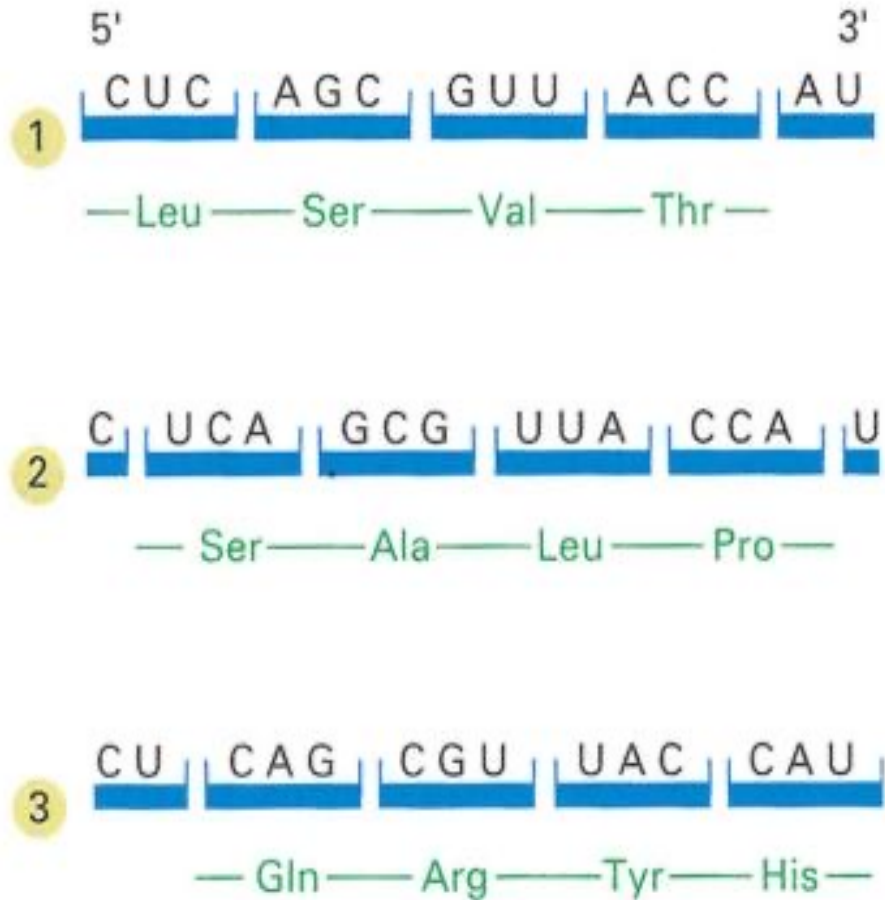


Carbono
Hidrógeno
Oxígeno
Nitrógeno
Azufre

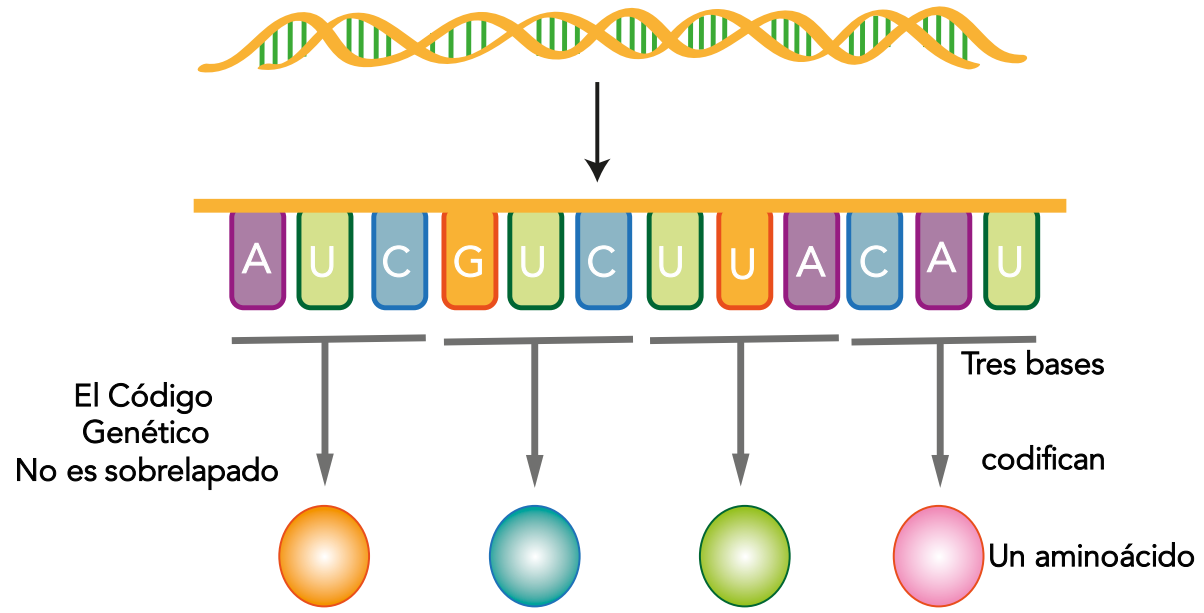


- Carbono alfa asimétrico
- L-aminoácidos en proteínas

Si la secuencia del mRNA se lee por tripletes NO sobrelapados



¿Cómo saber cuál de los tres marcos de lectura (ORF) es el correcto?



¡ Se define por el codón de inicio AUG y un codón de paro en marco = ORF !

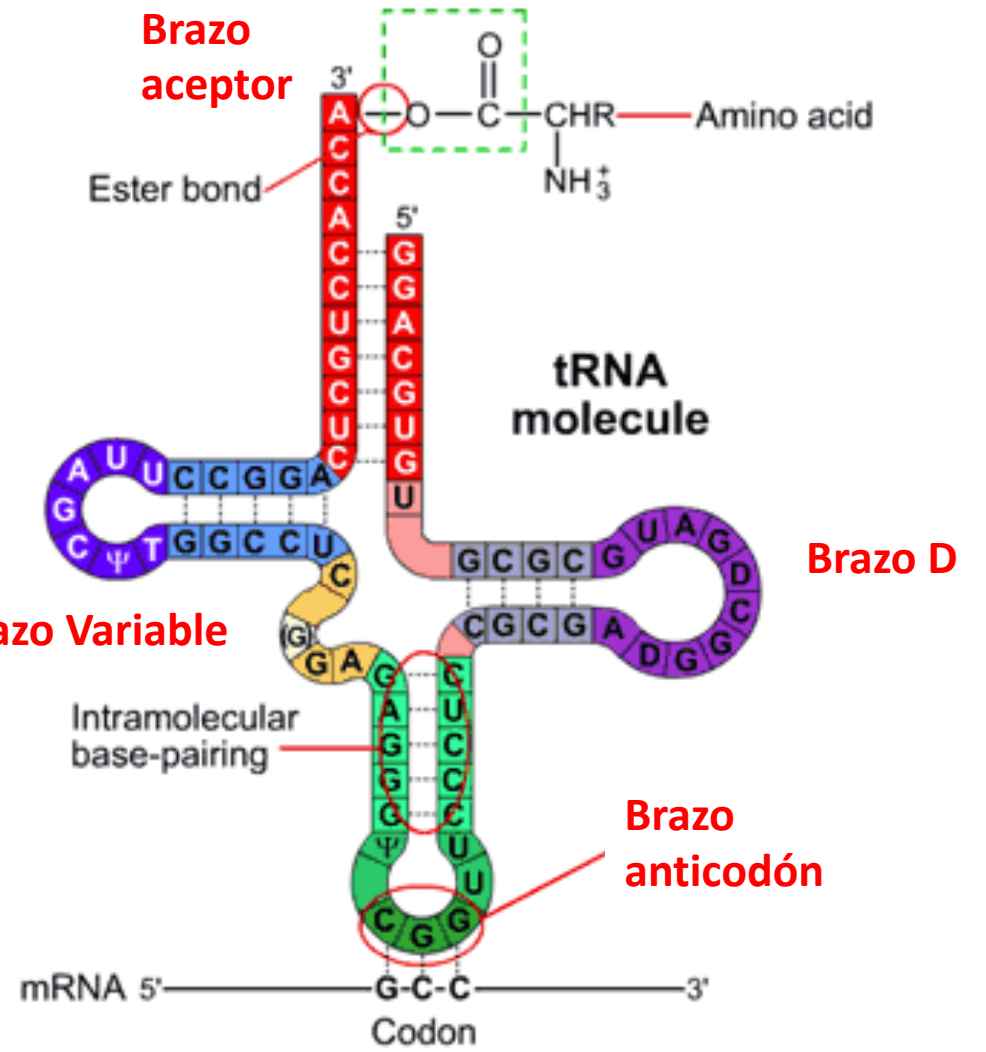
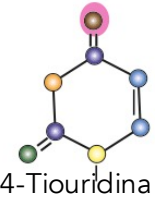
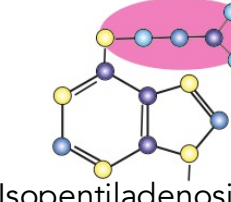
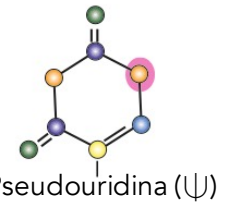
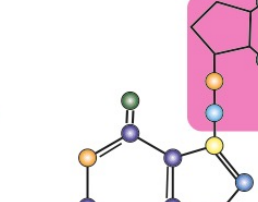
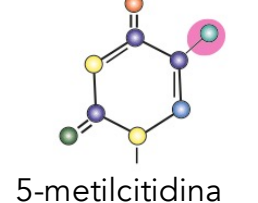
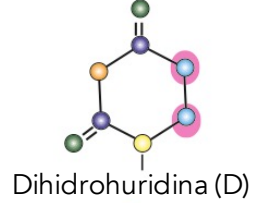
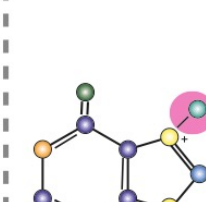
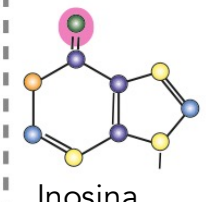
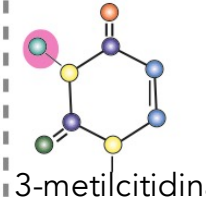
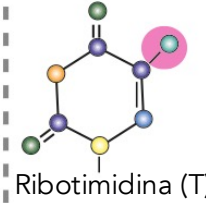
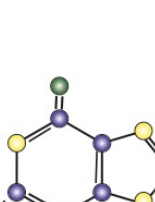
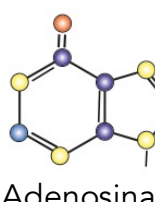
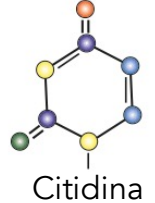
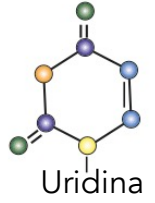
Bases modificadas en el tRNA

Estructura secundaria de tRNA

Bases normales

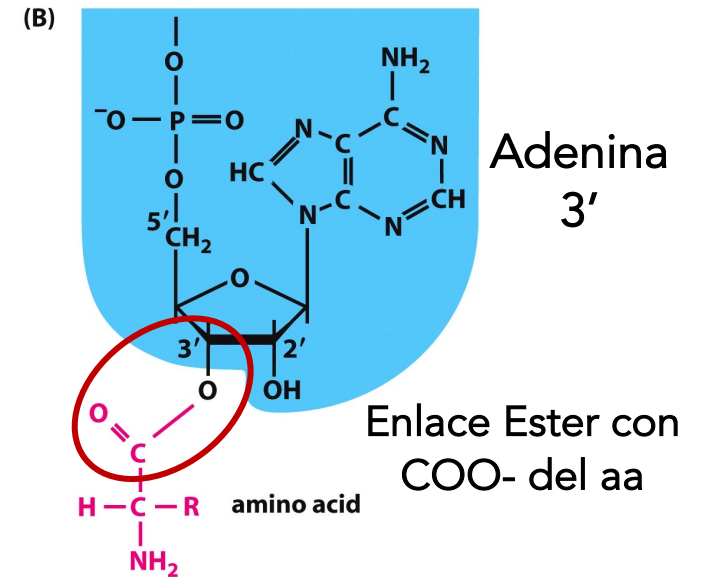
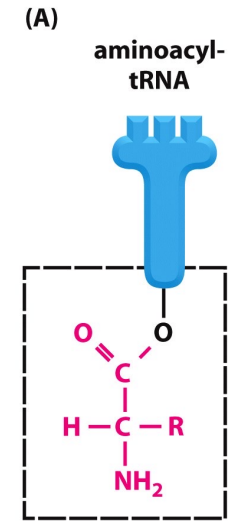
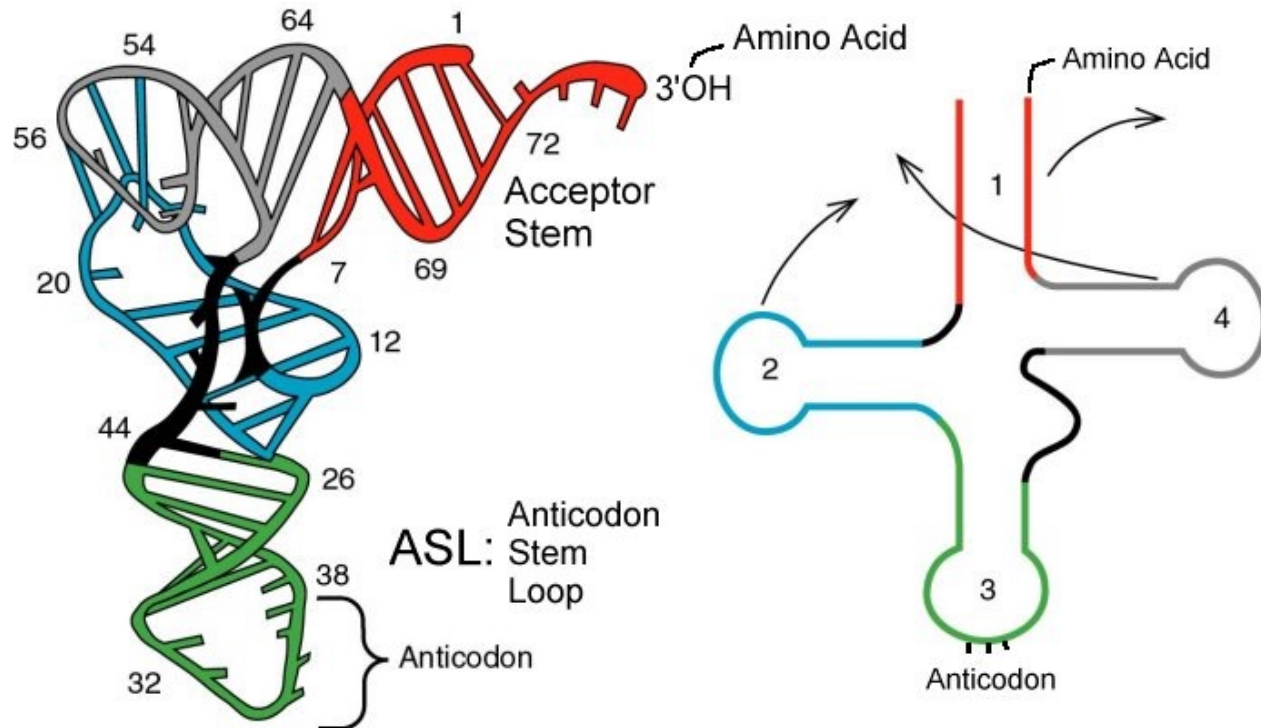
Bases modificadas

- C
- CH
- CH₂
- CH₃
- N
- NH
- NH₃
- O
- S
- OH
- COCH₃



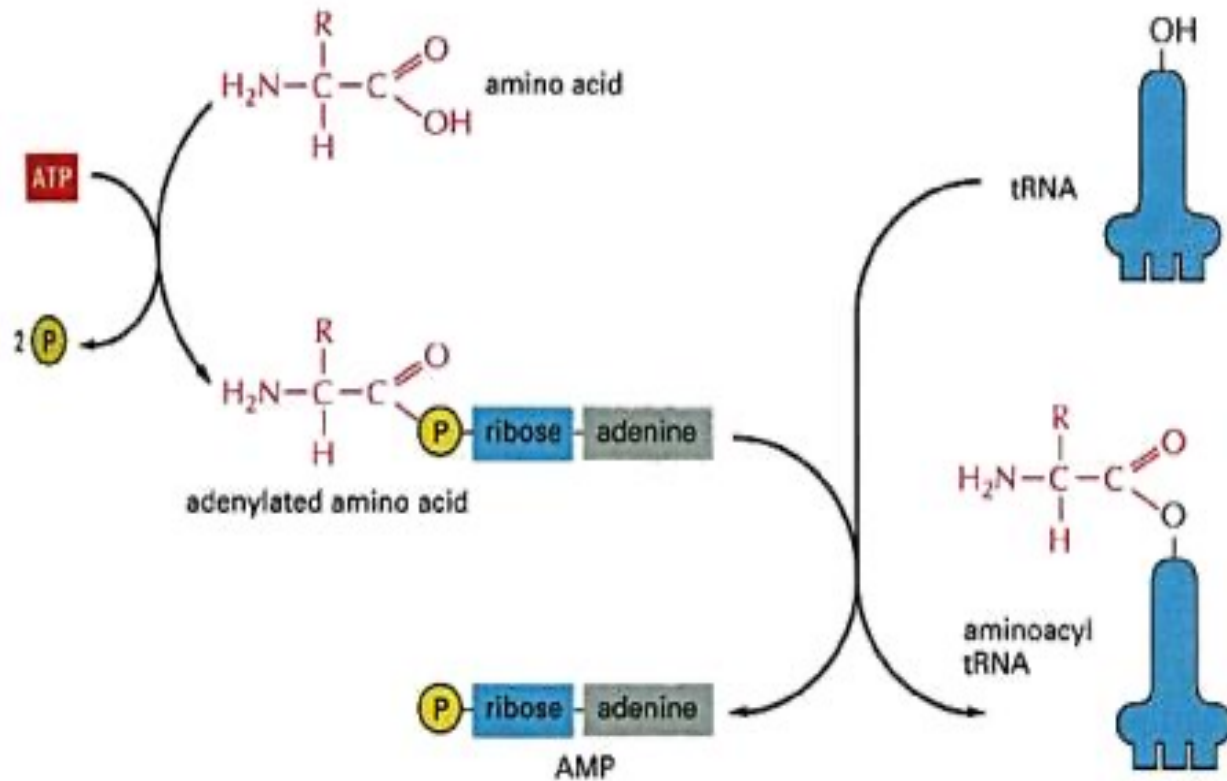
El tRNA es el intérprete del Código Genético

- El tRNA se pliega sobre sí mismo para adoptar una estructura terciaria con forma de L invertida.
- En un extremo queda el brazo aceptor de aminoácido y en el otro el brazo anticodón.



Aminoacilación del tRNA por AARS

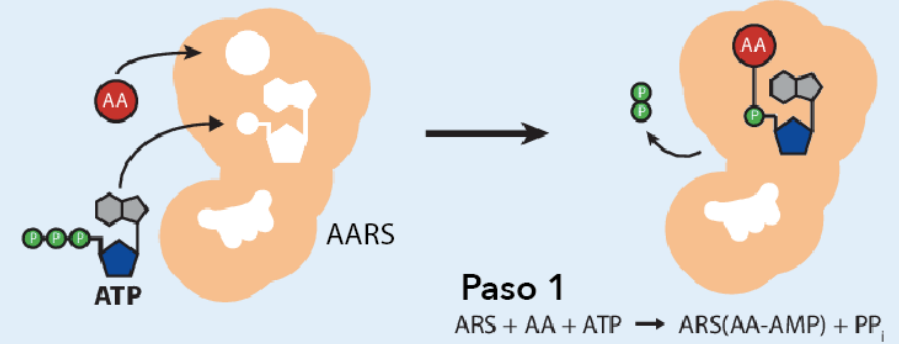
1. Activación del aminoácido por Aminoacil tRNA Sintetasa (AARS) y ATP
2. Transferencia del aminoácido a un tRNA conocido (formación de enlace ester 3'-OOC)



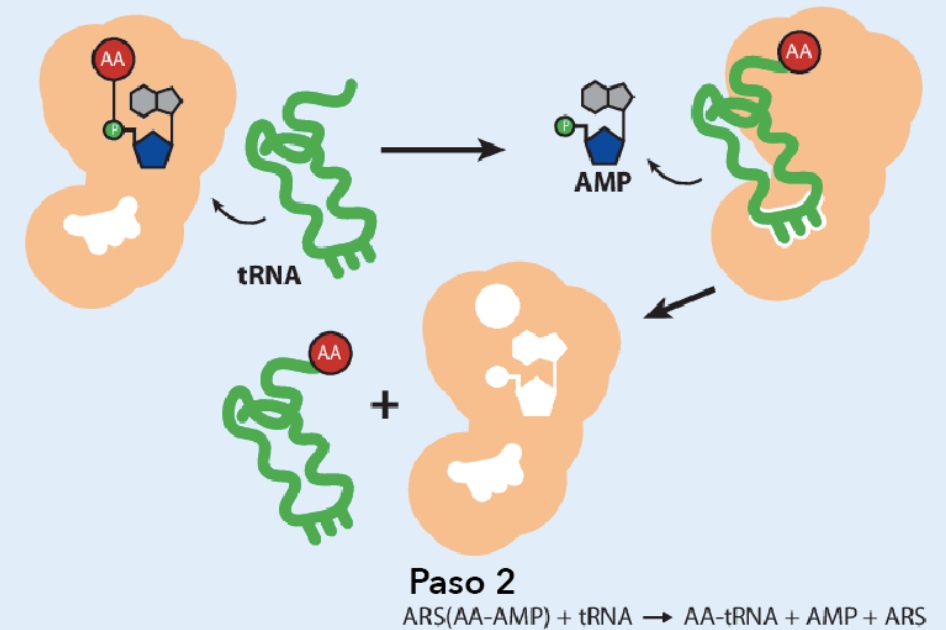
Existen 20 AARSs distintas

¡FIDELIDAD!

Activación del aminoácido (GASTO DE 1 ATP)

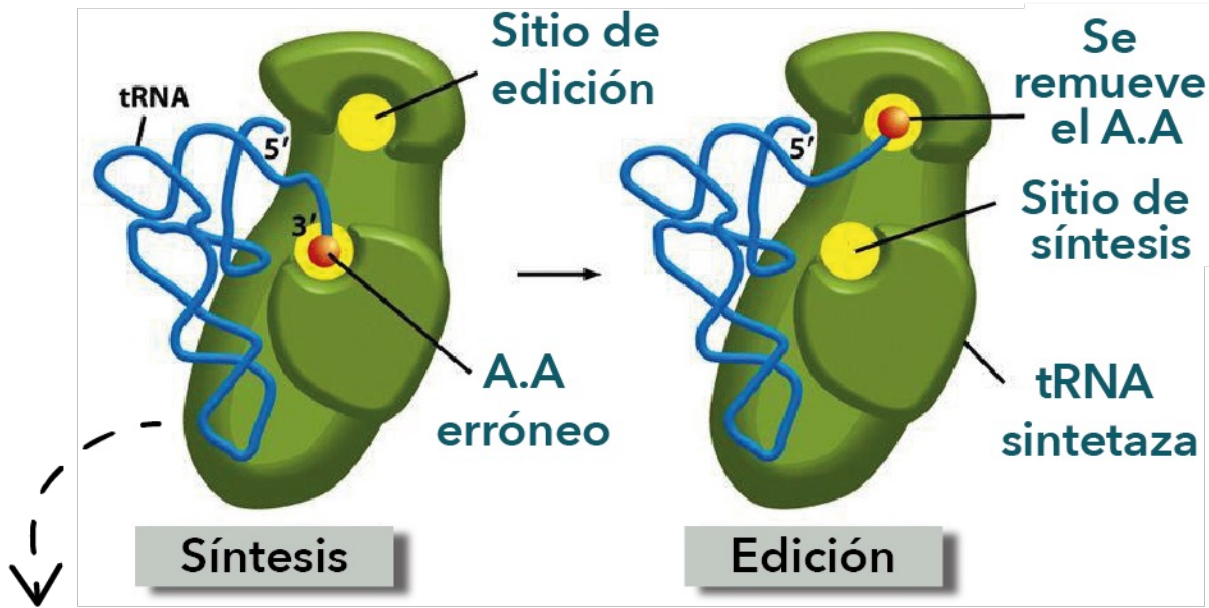


Transferencia del aminoacil al tRNA



tRNAs: edición y proofreading de las AARSs

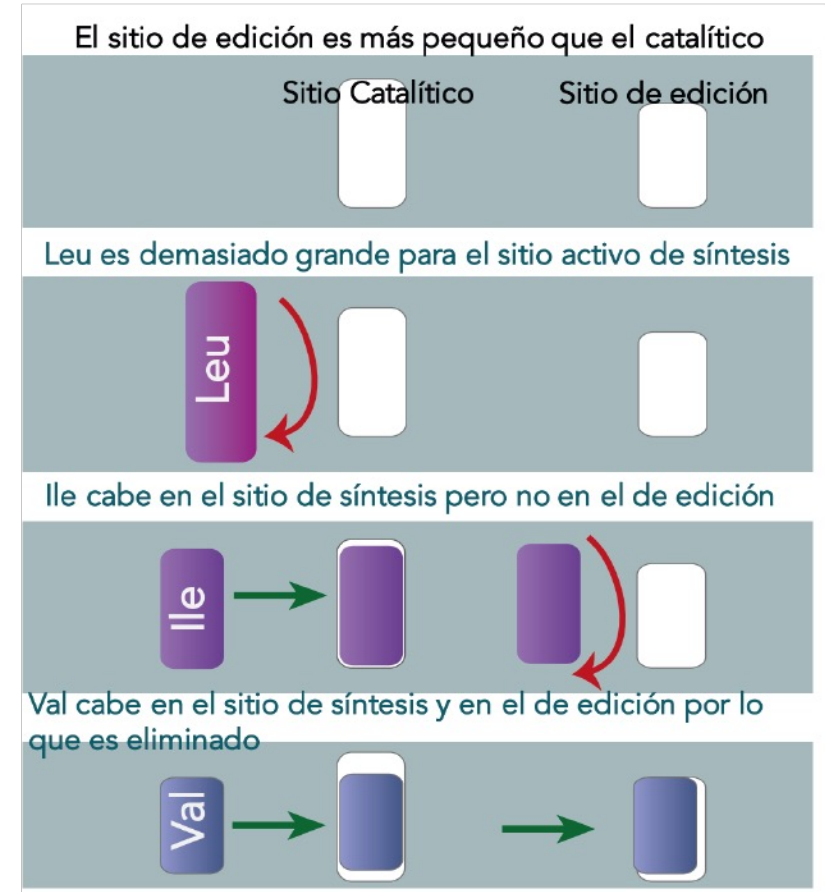
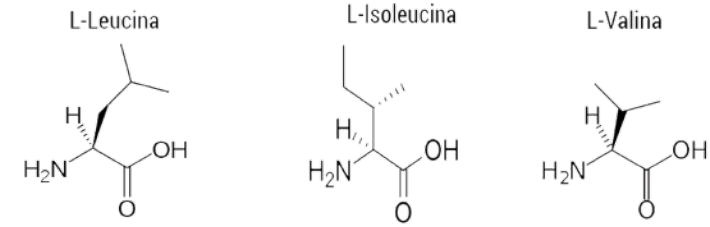
Las AARS tienen dos mecanismos de corrección:
para el aminoácido y para el tRNA



Las AARSs tienen la capacidad de reconocer elementos en el tRNA que les permite identificar al tRNA específico que deben de aminoacilar.

Para identificar al A.A. las AARSs cuentan con un doble filtro para poder discriminar a los A.A muy parecidos

Isoleucil-tRNA-sintetasa



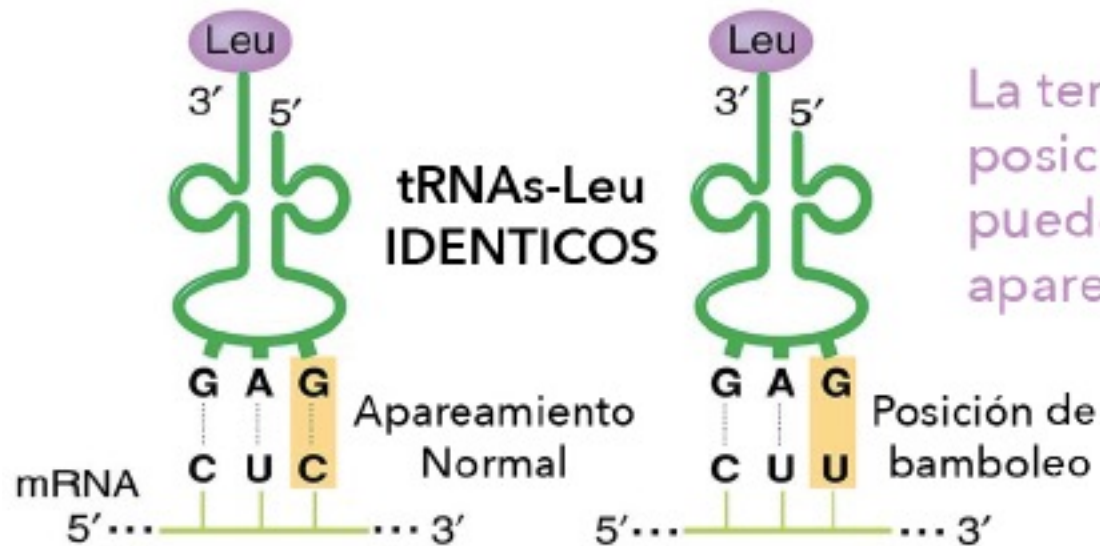
Estos mecanismos reducen los errores a 1 por cada 40,000 aminoacilaciones

Código genético: propiedades e interacción codón-anticodón

Hipótesis del Bamboleo

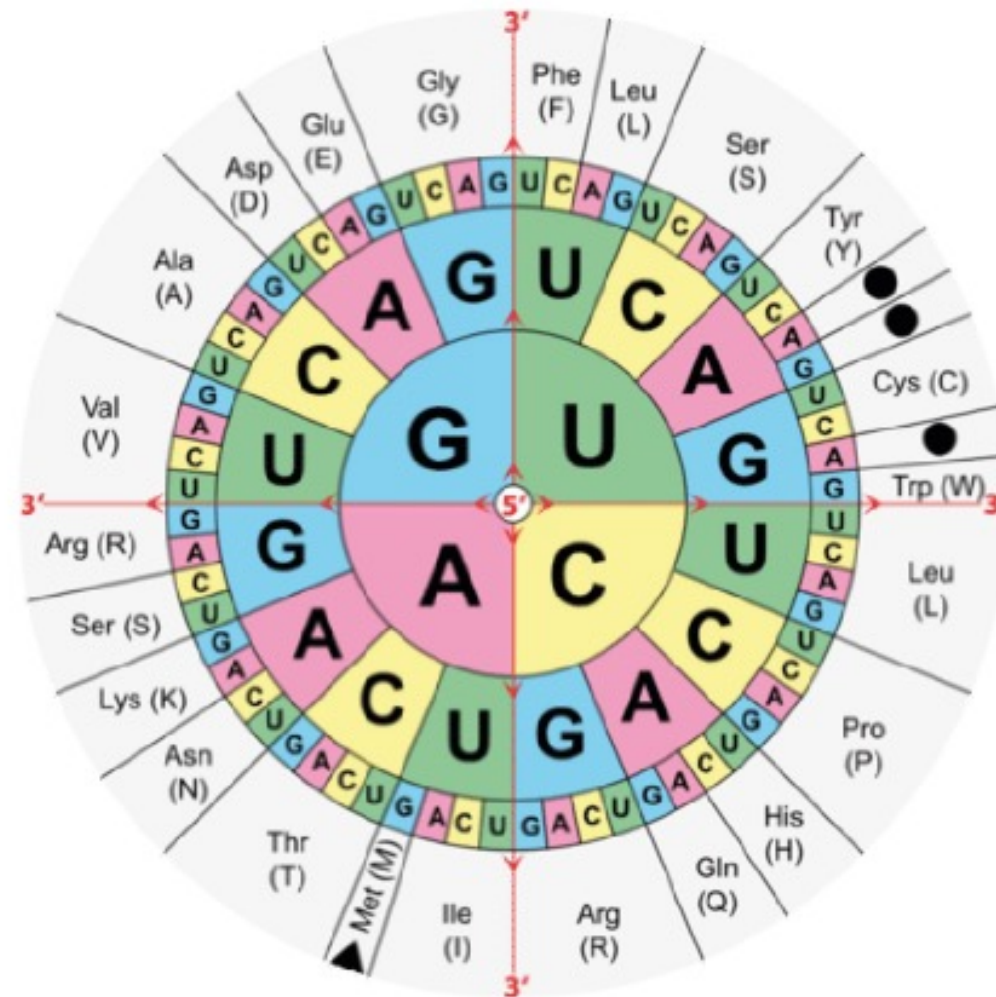
Un mismo tRNA puede reconocer varios codones (mismo a.a)

La base 3 del codón (3') puede presentar mayor variación identificando el mismo aminoácido



Apareamientos permitidos

Posición 5' del anticodón	Posición 3' del codón
A	U
C	C
G	C
U	A
I	A
	U
	C



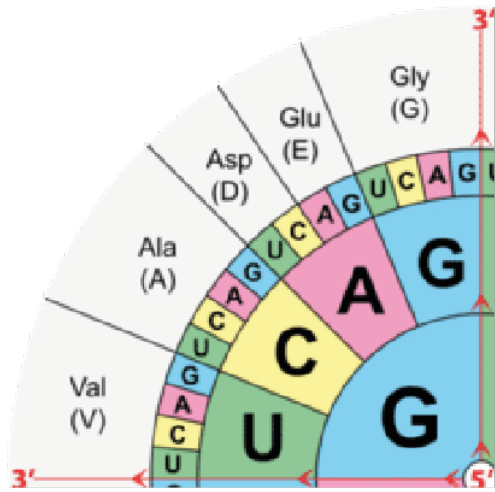
Bacterias
31 tRNAs



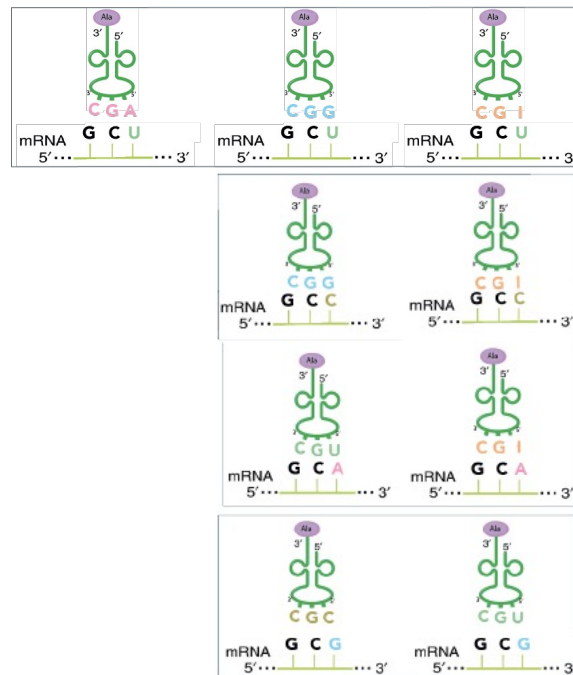
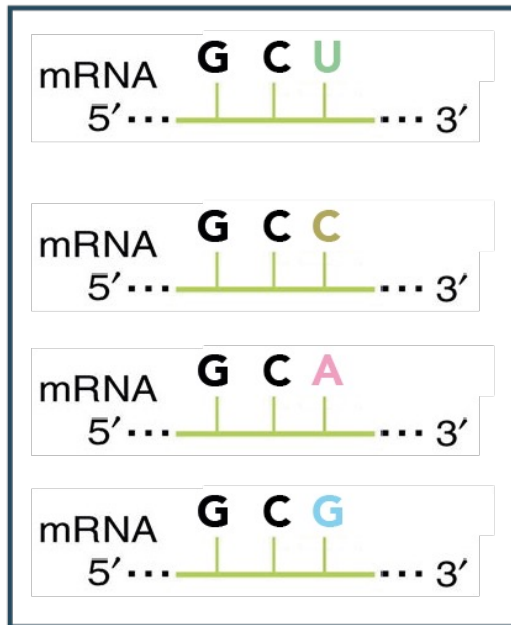
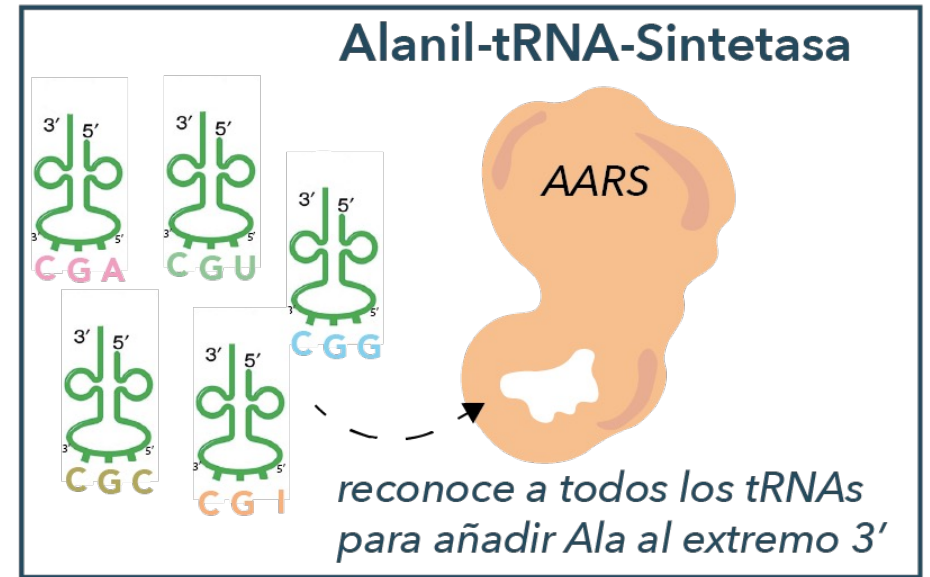
Eucariontes
48 tRNAs

Codones para Alanina (Ala)

Bamboleo para los codones de Ala



Posición 5' del anticodón	Posición 3' del codón
A	U
C	G
G	C
U	U
I	A
	G
	A
	U
	C

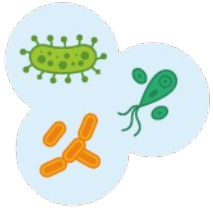


Teóricamente tendríamos 5 tRNAs posibles para reconocer codones de Ala

Gracias al bamboleo, sólo necesitamos 2 tRNAs para reconocer los 4 codones de Ala

Ribosomas: Composición de ribosomas procariontes y eucariontes

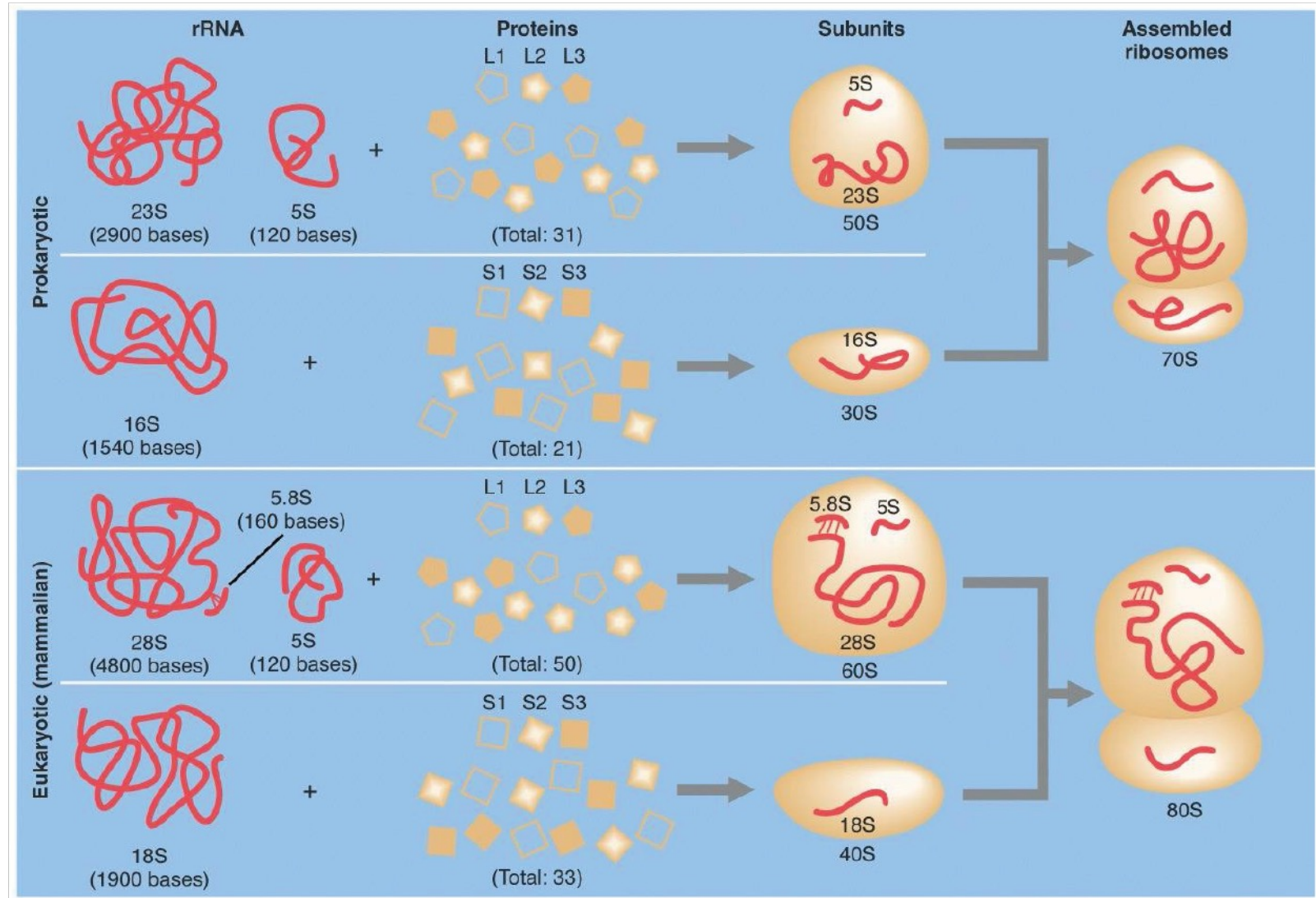
En el ribosoma
ocurre la síntesis de proteínas



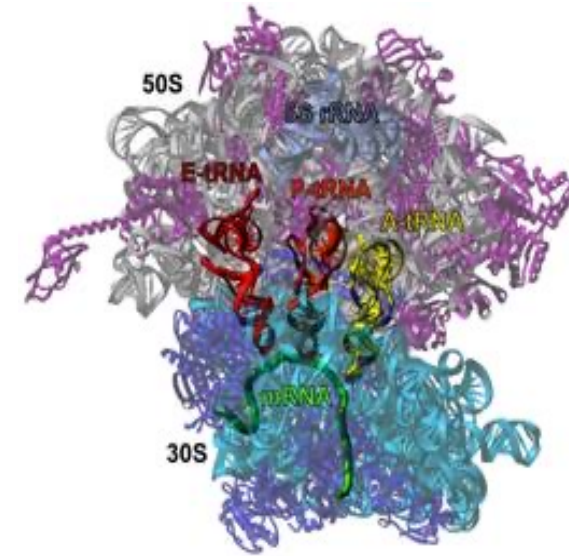
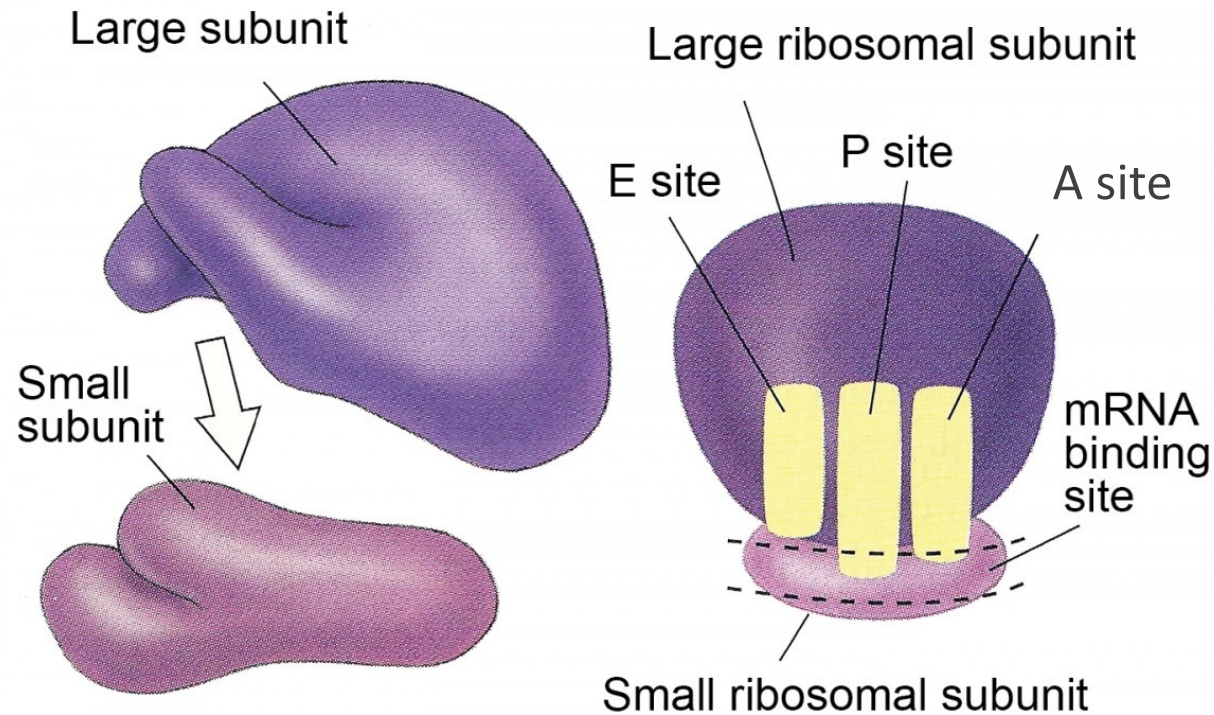
Ribosomas Procariontes
70s
30s + 50s



Ribosomas Eucariontes
80s
40s + 60s

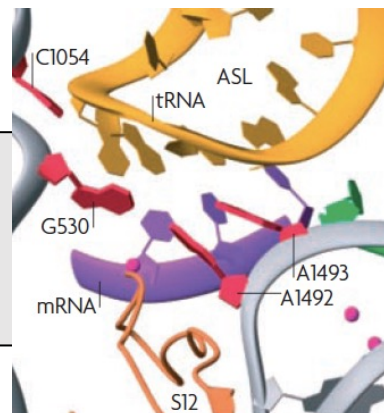


El Ribosoma: relevancia del rRNA 16S/18S y 23S/28S

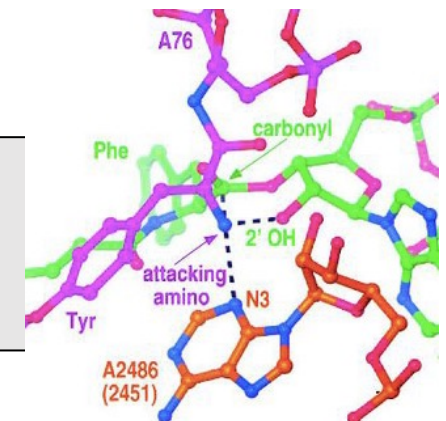


En los sitios A, P, E se ubican tRNAs
Brazo Aminoacilado – 50S o 60S
Brazo Anticodón – 30S o 40S

Centro decodificador:
Subunidad pequeña 30S/40S
rRNA 16S/18S



Centro Peptidil transferasa:
Subunidad grande 50S/60S
rRNA 23S/28S



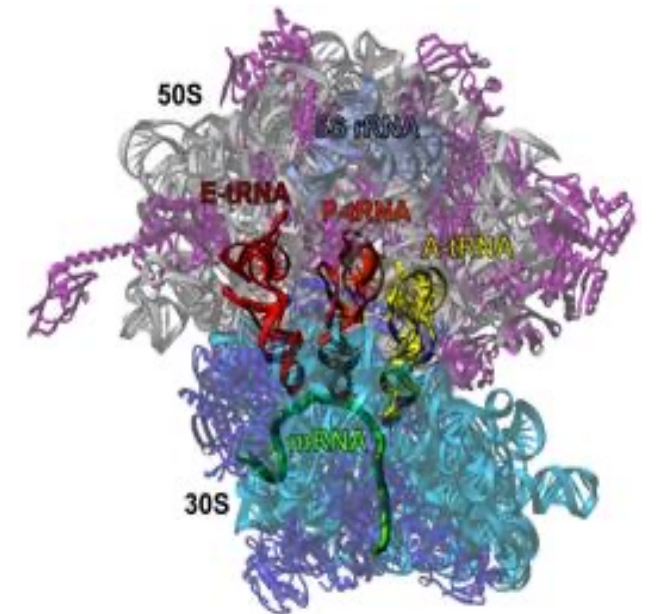
El ribosoma realiza 3 funciones:

- a) Función genética (decodificar la secuencia)
- b) Función enzimática (catalizar la formación del enlace peptídico)
- c) Función de translocación

Función genética - subunidad pequeña (rRNA 16S ó 18S)

Función enzimática - subunidad grande (rRNA 23S ó 28S)

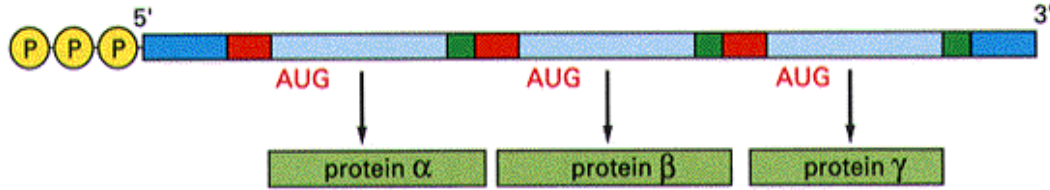
Función de translocación --- ambas subunidades



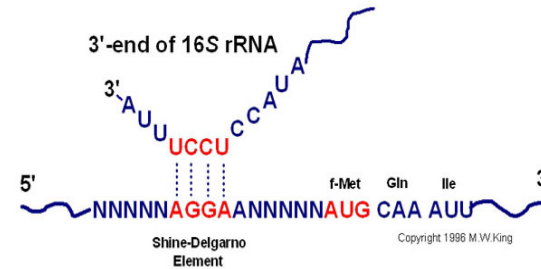
El mRNA debe reclutar a la subunidad pequeña del RIBOSOMA

Procarionte

Policistrónico (varios ORFs)

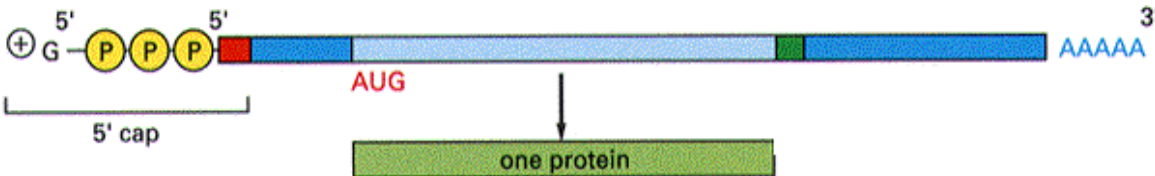


Shine-Dalgarno (SD) o Ribosome Binding Sequence (RBS)

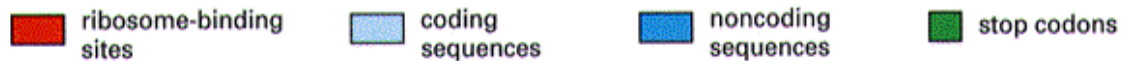


Eucarionte

Monocistrónico (1 ORF)

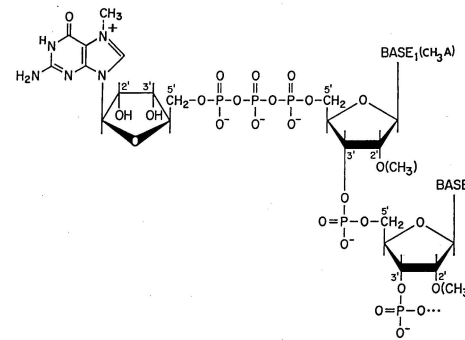


key:



From The Art of MBoC³ © 1995 Garland Publishing, Inc.

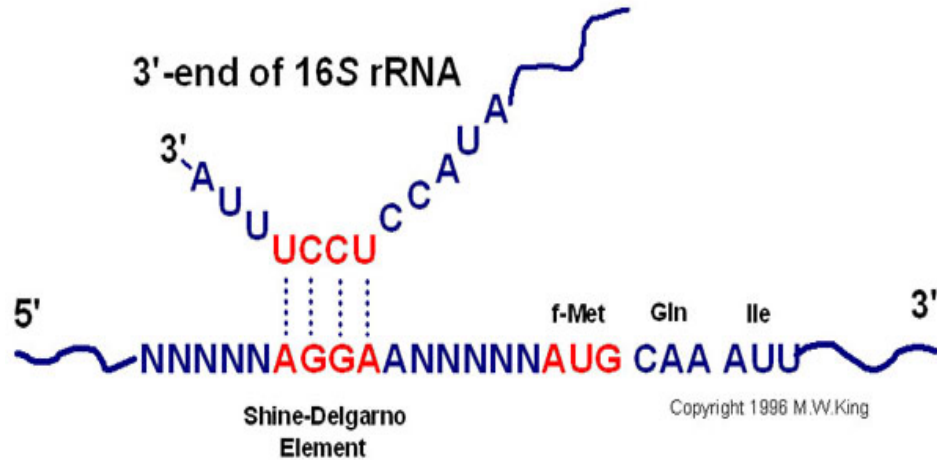
5' Cap



Shine-Dalgarno es una secuencia en el mRNA bacteriano que se encuentra alrededor de 10 nt ANTES (hacia el 5') del AUG de cada ORF. Es complementaria a una secuencia en el extremo 3' del rRNA 16S. No está en mRNAs eucariontes ni la complementaria en el rRNA18S. En eucariontes el ribosoma se une al 5'Cap.

Selección del Codón de inicio AUG del ORF

Bacteria



SD ó RBS

Al asociarse la subunidad 30S mediante complementariedad **16S rRNA : SD**, el codón **AUG** queda en el sitio P

Eucarionte

Se realiza escrutinio desde el **5'Cap** hasta el primer AUG en contexto
Kozak: Purina en posición -3; G en posición +4

