



Traducción en procariotas y eucariotas, código genético y aminoácidos

DOI: 10.13140/RG.2.2.15293.90089

Cristian Molinares Pacheco

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Libre de Colombia

cmolinaresp1028@gmail.com

Sesión 143

El proceso de traducción consiste en la síntesis de proteínas a partir del código genético que está encriptado en los codones en el ARN mensajero (ARNm). Este proceso está conservado en todos los dominios de la vida y su papel es imprescindible en la viabilidad celular. Para llevar a cabo el proceso de traducción, se requieren varios elementos. Los ribosomas, complejos de ribonucleoproteínas que constan de una subunidad menor y una mayor, ambas con un papel imprescindible. Los ARN de transferencia (ARNt), en conjunto con los ARNm, aportan la fidelidad al proceso mediante la complementariedad de bases codón (en el ARNm) – anticodón (en el ARNt). Los ARNt cargados portan un aminoácido específico que permitirá, mediante esta complementariedad de bases, adicionar el aminoácido necesario en el péptido que se está formando durante el proceso. Las aminoacil ARNt sintetasas, son enzimas que cargan de manera adecuada y específica un aminoácido sobre un ARNt mediante un enlace éster en su extremo 3'. Los factores de traducción, son proteínas que asisten durante el proceso, su intervención es indispensable durante las rondas de traducción, varían entre eucariotas y procariotas, sin embargo, tienen funciones homólogas. El proceso consta de una etapa de Iniciación, una de Elongación y una de Terminación, la conferencia proporciona información detallada sobre cada una de ellas tanto en procariotas como en eucariotas, aclarando las diferencias y brindando datos de actualidad muy relevantes. Para finalizar, se expone un análisis del código genético, la hipótesis de wobble de Francis Crick y su relación con la importancia de la estructura de los aminoácidos.

<https://sites.google.com/view/apcmac/conferencias-y-m%C3%B3dulos#h.1dm3fk9wy400>

Referencias recomendadas

1. Shine, J., & Dalgarno, L. (1974). The 3'-terminal sequence of Escherichia coli 16S ribosomal RNA: complementarity to nonsense triplets and ribosome binding sites. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 71(4), 1342-1346.
2. Ban, N., Nissen, P., Hansen, J., Moore, P. B., & Steitz, T. A. (2000). The complete atomic structure of the large ribosomal subunit at 2.4 Å resolution. *Science*, 289(5481), 905-920.
3. Olombrada, M., Peña, C., Rodríguez-Galán, O., Klingauf-Nerurkar, P., Portugal-Calisto, D., Oborská-Oplová, M., ... & García-Ortega, L. (2020). The ribotoxin α -sarcin can cleave the sarcin/ricin loop on late 60S pre-ribosomes. *Nucleic Acids Research*, 48(11), 6210-6222.

4. Hashem, Y., & Frank, J. (2018). The jigsaw puzzle of mRNA translation initiation in eukaryotes: a decade of structures unraveling the mechanics of the process. *Annual review of biophysics*, 47, 125-151.
5. Brodersen, D. E., Clemons Jr, W. M., Carter, A. P., Wimberly, B. T., & Ramakrishnan, V. (2002). Crystal structure of the 30 S ribosomal subunit from *Thermus thermophilus*: structure of the proteins and their interactions with 16 S RNA. *Journal of molecular biology*, 316(3), 725-768.
6. Pringle, E. S., McCormick, C., & Cheng, Z. (2019). Polysome profiling analysis of mRNA and associated proteins engaged in translation. *Current Protocols in Molecular Biology*, 125(1), e79.
7. Sonneveld, S., Verhagen, B. M., & Tanenbaum, M. E. (2020). Heterogeneity in mRNA Translation. *Trends in Cell Biology*.
8. Dinkova, T. D., & Sánchez de Jiménez, E. (2010). El ribosoma: lo que nos ha enseñado su estructura. *Educación química*, 21(1), 93-95.
9. Gelsinger, D. R., Dallon, E., Reddy, R., Mohammad, F., Buskirk, A. R., & DiRuggiero, J. (2020). Ribosome profiling in archaea reveals leaderless translation, novel translational initiation sites, and ribosome pausing at single codon resolution. *Nucleic Acids Research*, 48(10), 5201-5216.
10. Gonatopoulos-Pournatzis, T., & Cowling, V. H. (2014). Cap-binding complex (CBC). *Biochemical Journal*, 457(2), 231-242.
11. Gorriti, M. F., & Moreno, J. R. (2014). Secuencias reguladoras de la transcripción en procariontes. *REDUCA (Biología)*, 7(5).
12. Kaczanowska, M., & Rydén-Aulin, M. (2007). Ribosome biogenesis and the translation process in *Escherichia coli*. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 71(3), 477-494.
13. Yang, C., Hockenberry, A. J., Jewett, M. C., & Amaral, L. A. (2016). Depletion of Shine-Dalgarno sequences within bacterial coding regions is expression dependent. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 6(11), 3467-3474.
14. Jørgensen, R., Ortiz, P. A., Carr-Schmid, A., Nissen, P., Kinzy, T. G., & Andersen, G. R. (2003). Two crystal structures demonstrate large conformational changes in the eukaryotic ribosomal translocase. *Nature Structural & Molecular Biology*, 10(5), 379-385.
15. Zur, H., & Tuller, T. (2016). Predictive biophysical modeling and understanding of the dynamics of mRNA translation and its evolution. *Nucleic acids research*, 44(19), 9031-9049.
16. Maquat, L. E., Tarn, W. Y., & Isken, O. (2010). The pioneer round of translation: features and functions. *Cell*, 142(3), 368-374.
17. Tema 9. Traducción. Disponible en: <<https://www.slideserve.com/keefe/tema-9-traduccion>>
18. Traducción de DNA a Proteínas. (2014). Disponible en: <<https://www.youtube.com/watch?v=stb1KGHivJo&t=43s>>
19. Traducción. (2014). Disponible en : <https://www.youtube.com/watch?v=8Hsz_Vmcy-Y>

20. Aminoácidos. (2010). Disponible en: <>https://temas-selectos-de-ciencias.blogspot.com/p/aminoacidos_3.html
21. Guerra, K. A., Peluyera, A. V., & López, V. V. (2018). Los códigos genéticos mitocondriales: características, origen y evolución. *Revista de Educación Bioquímica*, 36(4), 129-140.