



Facultad de Química
Genética y Biología Molecular
Clave 1630

Tarjetas de Estudio de la UNIDAD 5

TRANSCRIPCIÓN Y PROCESAMIENTO DEL ARN

Prof. Javier Plasencia de la Parra
Departamento de Bioquímica, Facultad de Química;
UNAM. Proyectos PAPIME PE201017 y PE206021



Tarjetas de Estudio de la Unidad 5

Las diapositivas de este archivo vienen organizadas en pares; la primera tiene una pregunta sobre algún concepto de la Unidad, para responder en formato de opción múltiple (una o varias opciones) o de relacionar columnas. La siguiente diapositiva tiene la respuesta, explicando el concepto, generalmente ilustrada con alguna imagen. Además, en la diapositiva de respuesta hay una pregunta adicional que ayudará a justificar y promoverá trabajo de investigación para reforzar el aprendizaje.

Al final de la presentación, está la clave de respuestas y una lista de fuentes de referencias.

Recomendación: Abrir el archivo pdf en modo de pantalla completa.

1. ¿Cómo se comparan los procesos de replicación y transcripción, en términos de la molécula molde y los productos que se generan?

Relacionar las columnas

A. Replicación

B. Transcripción

I. Se copian las dos cadenas de ADN

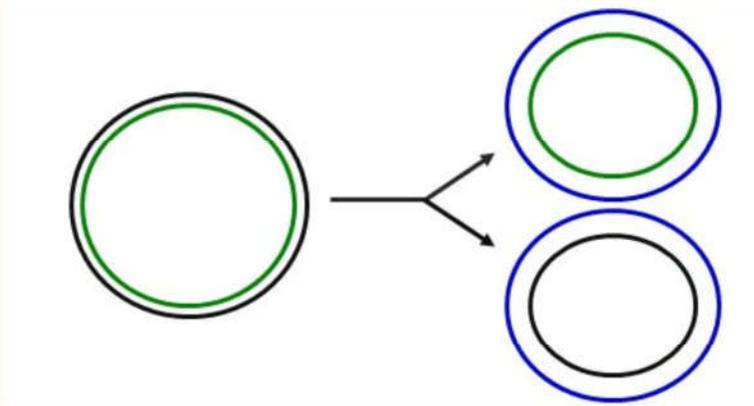
II. Se copia una sola cadena de ADN

III. Se hace copia de todo el genoma

IV. Se copia solamente un fragmento del genoma

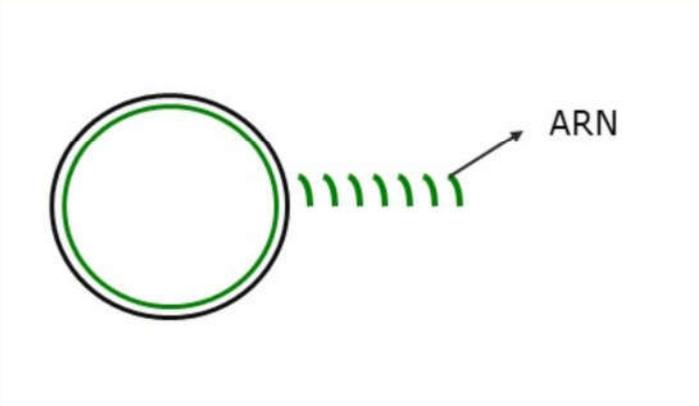
Replicación:

- Se requiere un molde de ADN
- Se copian dos cadenas de la doble hélice de ADN
- Se hace una copia de TODO el genoma



Transcripción:

- Se requiere un molde de ADN
- Se copia solamente una de las cadenas
- Se copia solamente un fragmento del genoma (gen)



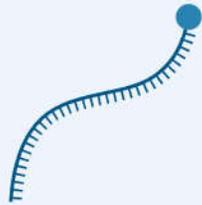
¿Hay genes en una de las cadenas del ADN o en ambas?

2. ¿Cuáles son los productos del evento de transcripción?

- A. Distintas clases de moléculas de ARN
- B. Moléculas de ARN mensajero y ARN ribosomal
- C. Distintas clases de moléculas de ARN y promotores
- D. Moléculas de ARN mensajero y ARN de transferencia

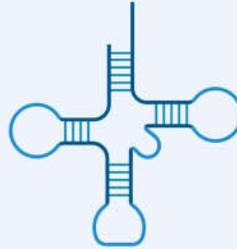
Los productos de la transcripción son moléculas diversas de ARN con funciones específicas en la célula

ARN mensajero



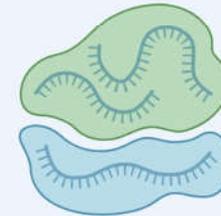
Contienen la información para la síntesis de proteínas

ARN de transferencia



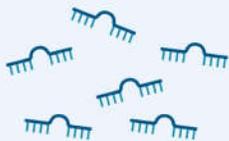
Actúan como adaptador entre el ARN mensajero y el aminoácido

ARN ribosomal



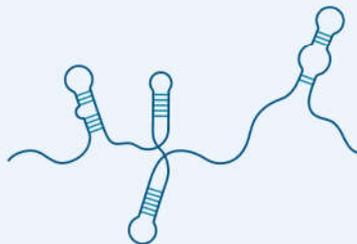
Forman parte del ribosoma

micro-ARN



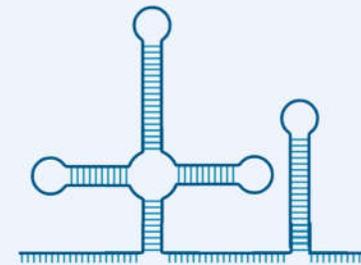
Regulan la expresión genética

ARN largo no codificantes



Regulan la expresión genética

ARN pequeños nucleares



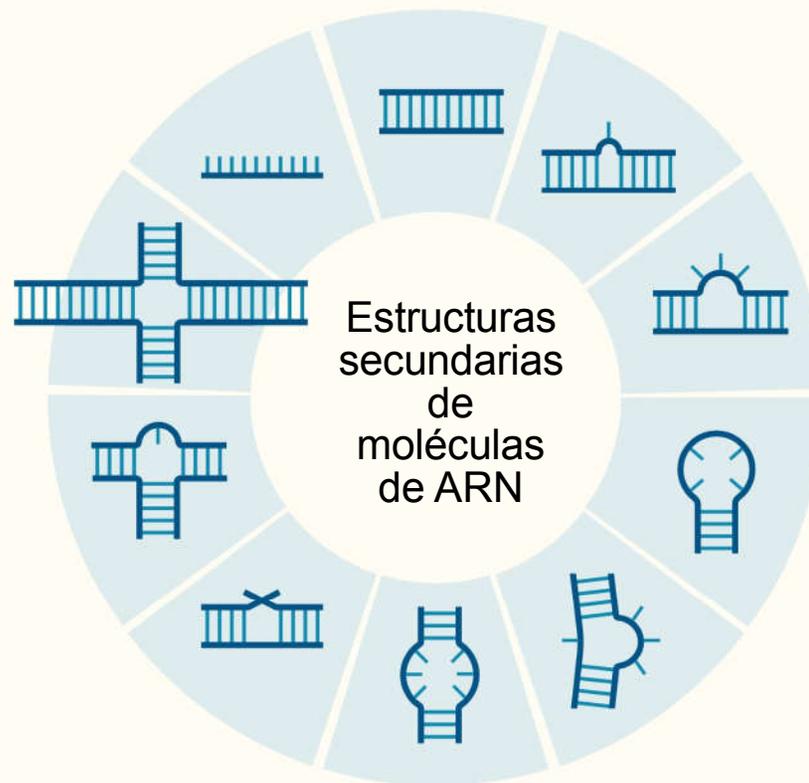
Participan en splicing del ARN mensajero

¿Cuál de estas moléculas es traducida en el ribosoma?

3. ¿A qué nos referimos con la estructura secundaria y terciaria de la molécula de ARN?

- A. A aquellas formadas por dos y tres moléculas de ARN, respectivamente
- B. A las estructuras que adquieren los ARN ribosomales, exclusivamente
- C. A las estructuras que adquieren los ARN de transferencia, exclusivamente
- D. Al plegamiento que adquieren todas las moléculas de ARN, mediante enlaces tipo Watson-Crick

Aunque las moléculas de ARN son de cadena sencilla, se pliegan, y a través de interacciones de Watson-Crick forman diversas estructuras secundarias.



4. ¿Cuál son los principales ARN ribosomales en células procariontes y eucariontes?

Relacionar columnas

A. Células Procariontes

B. Células Eucariontes

I. ARNr 18S

II. ARNr 23S

III. ARNr 16S

IV. ARNr 28S

Los ARN ribosomales son el tipo de ARN más abundantes, tanto en células procariontes como eucariontes.

PROCARIONTES:

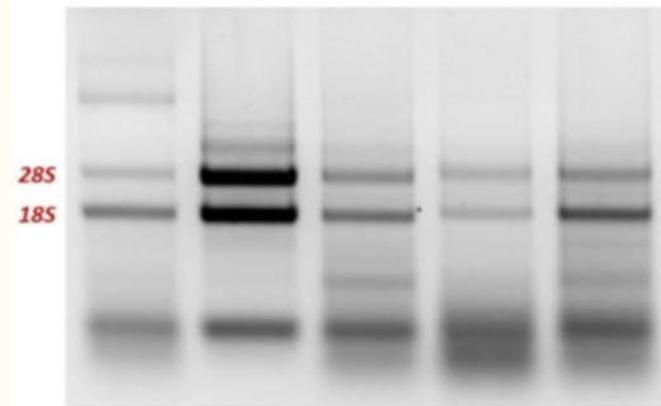
ARNr 23S: 2,904 nts.

ARNr 16S: 1,542 nts.

EUCARIONTES:

ARNr 28S: 4,718 nts.

ARNr 18S: 1,874 nts.



Electroforesis en gel de agarosa que muestra la separación de los ARNr 28S y 18S. En esta técnica la molécula más pequeña tiene una migración mayor.

Inicialmente, los ARN ribosomales se caracterizaron por centrifugación en gradiente de densidad y por eso se denominaron por unidades **S**.

S = Svedberg: Unidades de Sedimentación. La partícula más grande tiene mayor sedimentación en un gradiente de densidad.

¿Qué compuestos se utilizan para formar un gradiente de densidad?

5. ¿Cuál es la relación entre las secuencias de la cadena molde de ADN, la cadena codificante de ADN y la secuencia de la cadena de ARN transcrito?

- A. La molécula de ARN es idéntica en secuencia a la cadena molde
- B. La molécula de ARN es idéntica en secuencia a la cadena codificante
- C. La molécula de ARN es complementaria a la cadena molde
- D. La molécula de ARN es complementaria a la cadena codificante

- Solamente un fragmento de ADN, que corresponde a un gen, es copiado a ARN.
- Una de las dos cadenas es copiada a ARN.

ADN Cadena codificante (sentido): 5' -**ATTCCGATGTACGAGG**-3'

ADN Cadena molde (antisentido): 3' -**TAAGGCTACATGCTCC**-5'

ARN transcrito: 5' -**AUUCCGAUGUACGAGG**-3'

La secuencia de la molécula de ARN que se sintetiza es **complementaria** y **antiparalela** a la cadena molde.

La molécula de ARN que se sintetiza tiene la misma dirección y secuencia (con el cambio **T** por **U**) que la cadena codificante.

¿Cómo se determina cuál es la cadena molde y cuál es la cadena codificante?

6. ¿Cuáles son las subunidades que forman la ARNpolimerasa de la *E. coli* y cuál es la función de cada subunidad?

Relacionar columnas

A. Subunidad α

B. Subunidad β

C. Subunidad β'

D. Subunidad σ

I. Reconoce y se une al promotor

II. Contiene el sitio catalítico

III. Funciona como nodo de ensamblaje de las otras subunidades

IV. Se une al ADN y al cofactor Zn^{2+}

La ARN POLIMERASA de *E. coli* está formada por 4 subunidades

Subunidad α : Participa en el ensamblaje de las unidades y unión al DNA en la región UP. Hay dos subunidades α en el núcleo de la RNA pol.

Subunidad β : Contiene el sitio catalítico de la RNA pol.

Subunidad β' : Se une al DNA y también al cofactor Zn^{2+}

Subunidad σ : Reconocimiento del promotor específico.

Las subunidades α , β , y β' constituyen el núcleo de la RNA polimerasa.

La subunidad σ se asocia en forma reversible al núcleo de la enzima para formar la holoenzima.

¿Cuántos tipos de subunidad σ hay en *Escherichia coli*?
¿Por qué se requiere una diversidad de subunidades σ ?

7. ¿Qué es un promotor y cuál es su función en el proceso de transcripción?

- A. Es una secuencia presente el extremo 5' del ARN mensajero que regula la transcripción
- B. Es una secuencia presente el extremo 3' del ARN mensajero que regula la transcripción
- C. Es una secuencia presente en el ADN que regula la transcripción
- D. Es una proteína que se asocia a la ARN polimerasa para activar la transcripción

Un **promotor** es una secuencia de ADN que, generalmente, se encuentra “corriente arriba” del sitio de inicio de la transcripción y sirve como sitio de reconocimiento de factores transcripcionales y de la ARN polimerasa.



¿Qué es el sitio de inicio de la transcripción?

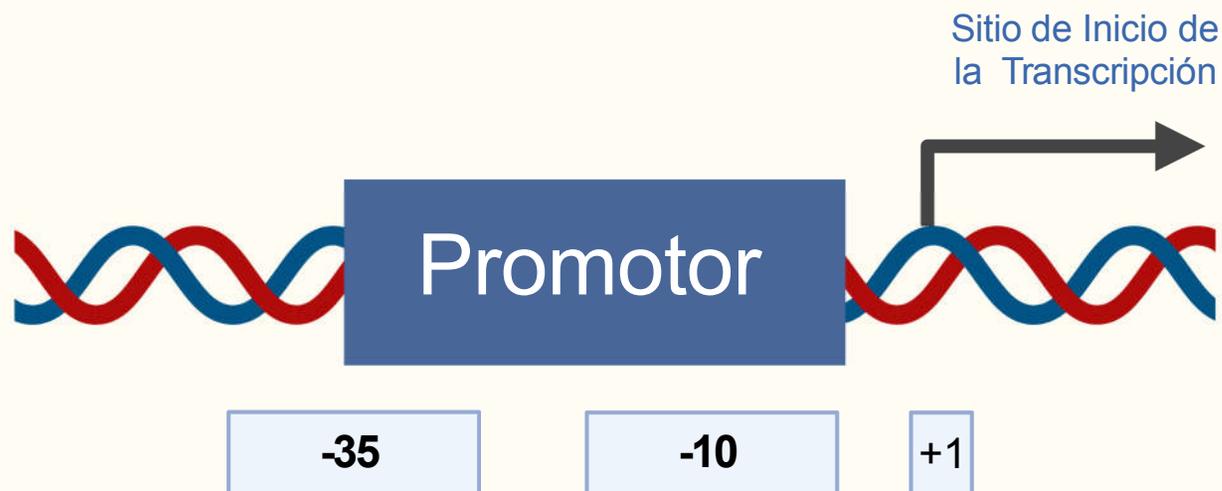
8. ¿Cuáles son los elementos de los promotores de genes procariontes?

- A. Caja -10 y Caja -35
- B. Caja -10 y Caja TATA
- C. Caja -35 y Caja TATA
- D. Caja TATA y Caja Pribnow

Los elementos de los promotores procariontes son:

Secuencia -10 o caja Pribnow (TATAAT). Comienza la apertura de la cadena.

Secuencia -35 (TTGTCA) Es la región de reconocimiento e interacción con el factor σ de la RNA polimerasa.



¿Por qué se usa numeración negativa (-10, -35) para identificar estas posiciones en el promotor?

9. ¿Cuál es la función del factor σ de la ARN polimerasa procarionte?

- A. Funcionar como nodo de ensamblaje de las subunidades para formar el núcleo de la enzima
- B. Unirse al catión Zn^{2+} para formar el centro catalítico de la enzima
- C. Facilitar la terminación mediante su interacción con la proteína Rho
- D. Unirse al promotor para estabiliza a la ARN polimerasa sobre el ADN molde e iniciar la transcripción

El **factor sigma (σ)** de la ARN polimerasa participa en la **iniciación** de la transcripción al **unirse a la caja -35** del promotor. Esta interacción causa la **apertura de entre 10 - 17 pb** de la doble cadena de ADN y permite que el núcleo de la ARN polimerasa se asocie fuertemente al ADN e inicie la transcripción. Cuando esto sucede, el **factor σ se disocia** de complejo y puede ser usado por otra molécula de ARN polimerasa.

¿Por qué en el proceso de transcripción no se requiere una helicasa, como en la replicación?

10. ¿Cuáles son los sustratos de la ARN polimerasa y el mecanismo de elongación durante la transcripción?

- A. La cadena codificante de ADN y ATP, GTP, CTP y UTP
- B. La cadena molde de ADN y ATP, GTP, CTP y UTP
- C. La cadena molde de ADN y ATP, GTP, CTP y TTP
- D. La cadena molde de ADN y dATP, dGTP, dCTP y dUTP

Los sustratos de la ARN polimerasa son:

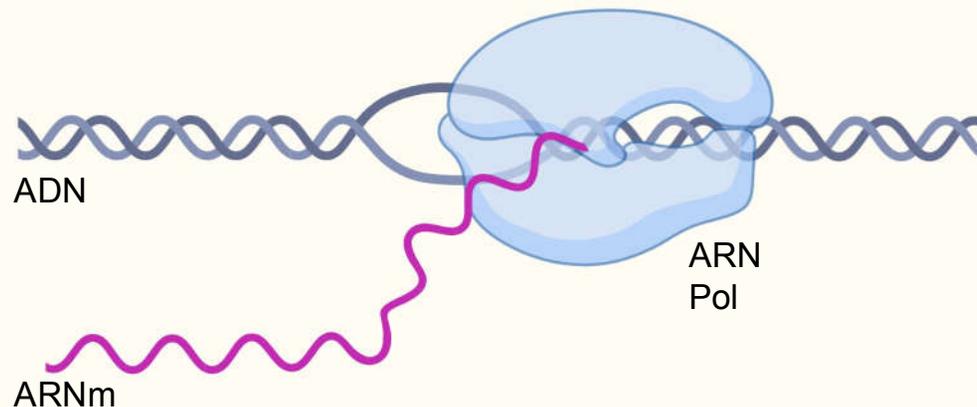
1. Una cadena molde de ADN
2. Los cuatro ribonucleótidos trifosfato: ATP, GTP, CTP y UTP

Se añaden ribonucleótidos polimerizándose la cadena a través de la formación de enlaces fosfodiéster.

La cadena se sintetiza en dirección **5' → 3'**

Proceso de Elongación de la Transcripción.

Síntesis de ARN siguiendo un molde de ADN.



¿Por qué la ARN polimerasa no requiere un cebador de ARN, como la ADN polimerasa?

11. ¿Cuáles son los mecanismos de terminación de la transcripción en procariontes?

- A. A través de la proteína Rho y terminadores intrínsecos
- B. A través de la proteína Rho y el factor sigma
- C. A través del factor sigma y terminadores intrínsecos
- D. A través de la proteína Rho y el extremo carboxilo de la ARN polimerasa

Hay dos mecanismos de terminación:

1. Mecanismo dependiente de la proteína Rho

La proteína Rho es un hexámero que se **une al ARN** que se está sintetizando y se mueve en dirección al sitio de síntesis.

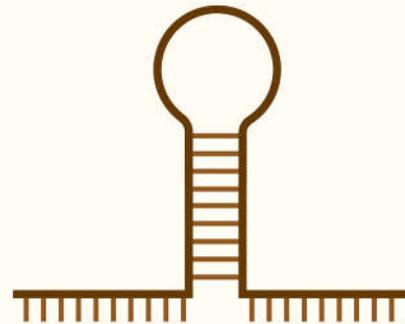
Desestabiliza al híbrido DNA – RNA, facilitando así la terminación de la transcripción.

¿Qué define la terminación de la transcripción?

2. Mecanismo mediado por terminadores intrínsecos

La secuencia al final del gen contiene **repeticiones invertidas** que son complementarias y que permiten la formación de una estructura de **tallo-asa en el RNA**.

Hay una región rica en Adeninas, de tal forma que el híbrido **DNA-RNA que se forma es débil y se disocia**.



Estructura secundaria que se forma en el ARN y desestabiliza al híbrido ARN -ADN

12. ¿Cuáles son las funciones y características de las tres ARN polimerasas eucariontes?

Relacione columnas entre la enzima y el ARN que sintetiza

- A. ARN polimerasa I
- B. ARN polimerasa II
- C. ARN polimerasa III

- I. ARN mensajero
- II. ARN de transferencia
- III. ARN ribosomal

Las ARN polimerasas eucariontes tienen **funciones especializadas** en cuanto a qué genes transcriben. Difieren también en su sensibilidad a inhibición por **α -amanitina**.

Enzima	Localización	Producto	Sensibilidad a α-amanitina
ARN polimerasa I	Nucleolo	ARNr 18S /ARNr 28S	Baja
ARN polimerasa II	Nucleoplasma	ARNmensajero	Alta
ARN polimerasa III	Nucleoplasma	ARNtransferencia	Intermedia

La α -amanitina es una toxina con estructura de péptido cíclico producida por el hongo Basidiomiceto, *Amanita phalloides*.



¿Qué es el nucleolo?

13. ¿Qué características tienen los promotores clase II eucariontes?

- A. Se caracterizan por tener la caja -10 y -35
- B. Son muy complejos y se caracterizan por contener un promotor basal y un promotor proximal
- C. Son muy complejos y se caracterizan por contener un promotor basal y una caja TATA
- D. Se caracterizan por contener un intrón y un promotor proximal

Los promotores (clase II) de los genes que transcribe la ARN Polimerasa II son más complejos que los procariontes. Muestran varios elementos de reconocimiento para diversos factores de transcripción.

En los promotores se distinguen dos regiones:

Promotor basal: Es la región donde se une la maquinaria transcripcional (ARN polimerasa II y otras proteínas) y formar el complejo de iniciación.

Promotor proximal. Se encuentra “río arriba” del promotor basal y contiene URE (Elementos regulatorios “río arriba”). Son sitios de unión de otras proteínas (factores de transcripción) que regulan específicamente la expresión del gen.

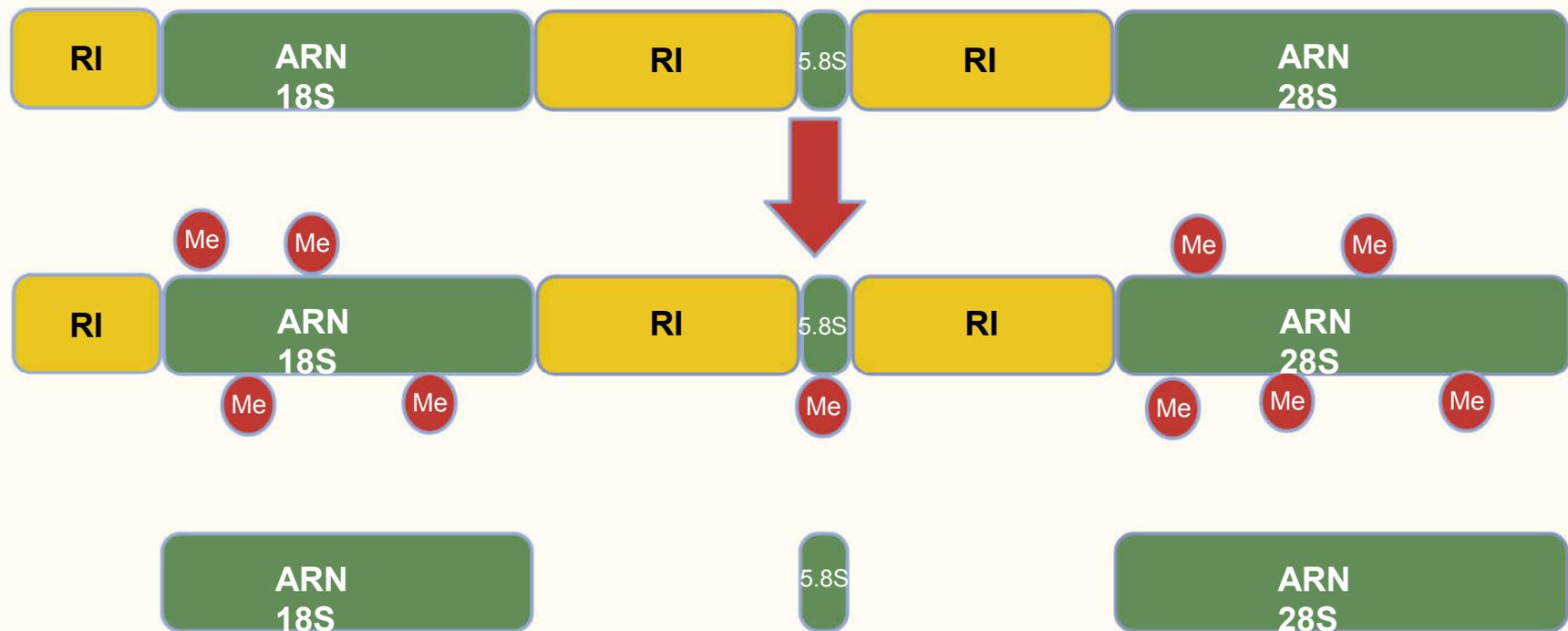
Proporcione un ejemplo de factor de transcripción basal y de un factor de transcripción proximal.

14. ¿Qué modificaciones post-transcripcionales sufren los ARN ribosomales?

- A. Acetilación y corte endonucleolítico para liberar los ARN ribosomales del precursor
- B. Metilación y corte endonucleolítico para liberar los ARN ribosomales del precursor
- C. Metilación y corte endonucleolítico para eliminar las regiones intergénicas y empalmar los ARN ribosomales
- D. Remoción de los extremos 3' y 5' de los ARN ribosomales

Los ARN ribosomales (18S, 28S y 5.8S) son sintetizados como una sola unidad transcripcional y se genera un pre-ARN 45S que es metilado en ciertas posiciones para guiar el corte y liberar a los ARN de las regiones intergénicas (RI).

pre-ARN 45S



¿Cuál es la consecuencia de este procesamiento en términos de la estequiometría ribosomal?

15. ¿Qué modificaciones post-transcripcionales sufren los ARN mensajeros eucariontes en sus extremos?

- A. La eliminación de los intrones y el empalme de exones
- B. La adición de 7-Metil guanosina en el extremo 3' y poliadenilación en el extremo 5'
- C. La adición de 7-Metil guanosina en el extremo 5' y poliadenilación en el extremo 3'
- D. La adición del cebador en el extremo 5' y del poliadenilación en el extremo 3'

Los ARN mensajeros eucariontes son modificados en sus extremos 5' y 3'

En el **extremo 5'** ocurre la reacción de "capping" o encapuchamiento que consiste en la unión de un residuo de 7-metil guanósina, por una guanililtransferasa.

Se forma un enlace 5' -5' trifosfato

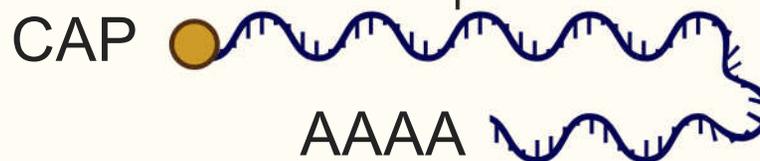
Esta modificación:

- Protege al ARNm de exonucleasas
- Facilita la unión del ARNm al ribosoma

En el **extremo 3'** ocurre la poliadenilación.

En la región 3'-UTR, la enzima poli-A polimerasa incorpora entre 30 y 300 unidades de **Adenosina**. Usa ATP como sustrato y no requiere molde de ADN.

La cola de poli-A permite que el ARNm se una a la proteína **PAB** (Poly-A-Binding), favoreciendo su estabilidad y traducibilidad en el ribosoma.



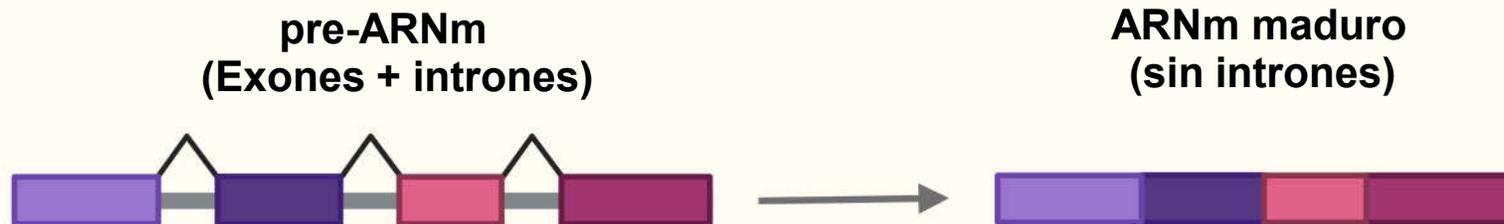
ARNm eucarionte: CAP en el extremo 5' y poli-A en el extremo 3'

¿Qué experimento diseñarías para demostrar la función de estas modificaciones sobre la estabilidad del ARN mensajero?

16. ¿Qué es el evento de *splicing* que sufren los ARN mensajeros eucariontes?

- A. Es el proceso en el que se eliminan los intrones y se empalman los exones
- B. Es el proceso en el que se eliminan los exones y se empalman los intrones
- C. Es el proceso en el que se modifican los extremos 3' y 5' de los ARN mensajeros
- D. Es el proceso de translocación de los ARN mensajeros del núcleo para su incorporación al ribosoma

El *splicing* es el evento mediante el cual se eliminan los intrones de un ARN mensajero precursor (heteronuclear) y se empalman los exones para generar un ARN mensajero maduro.



¿Qué son los sitios de empalme 3' y 5' y el sitio de ramificación?

17. ¿Qué factores son responsables de realizar el evento de *splicing*?

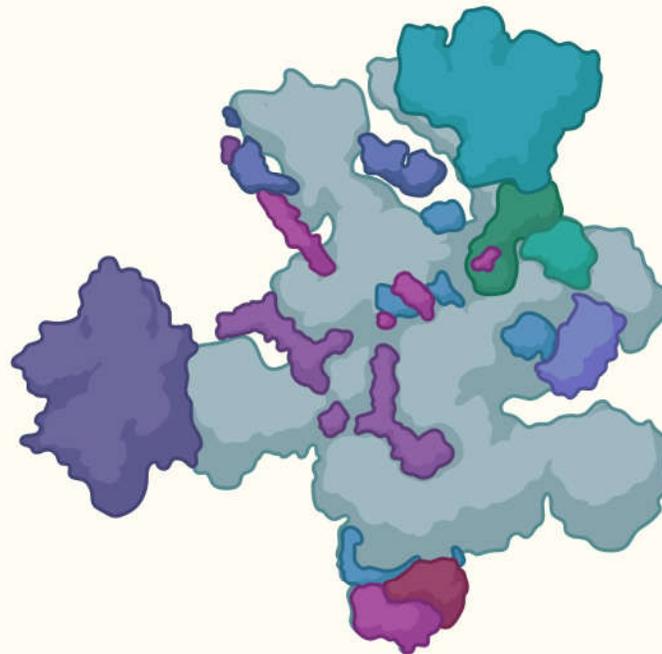
- A. Las proteínas ribosomales
- B. Las proteínas asociadas a la cromatina
- C. El mismo ARN mensajero, pues siempre es autocatalítico
- D. Un complejo de proteínas y ARNs

El splicing del ARNm es catalizado por un complejo macromolecular de **snRNP** (**small nuclear Ribonuclear Particles**), que están conformadas por ARNs pequeños asociados a proteínas.

La subunidad de ARN (U1, U2, U4, U5 y U6) forma puentes de hidrógeno con las bases en los sitios de reconocimiento de los intrones (3', 5' y la rama).

A todo este complejo de moléculas se le conoce como Spliceosome.

¿Cómo se descubrieron los snRNPs?

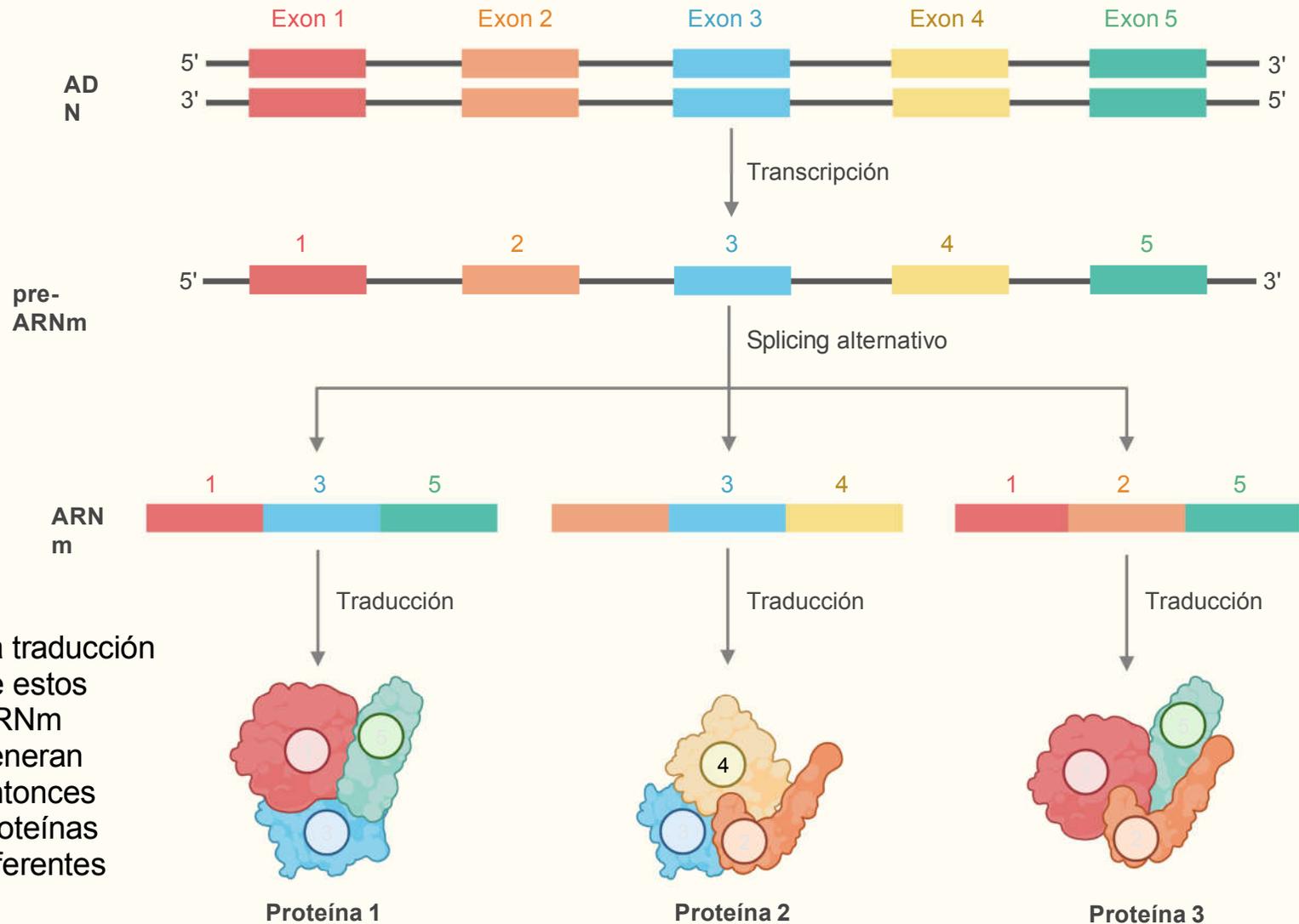


Complejo
snRNP

18. ¿A qué nos referimos con el concepto *splicing* alternativo?

- A. A veces los ARN ribosomales se procesan de forma diferencial, generando distintas isoformas
- B. Al hecho de que algunos ARN mensajeros heteronucleares son procesados de manera diferencial, generando dos o más ARN mensajeros maduros
- C. Al hecho de que algunos ARN mensajeros son reconocidos por micro-ARNs, provocando que se interfiera su traducción

Los ARNm heteronucleares (hn) de algunos genes pueden ser procesados (*splicing*) de manera diferencial generando dos o más ARNm maduros distintos.



Aproximadamente, ¿qué % de los ARNs en humanos sufren splicing alternativo?

Clave de Respuestas:

Pregunta	Respuesta
1	A: I y III B: II y IV
2	A
3	D
4	A: II, III y IV B: I y IV
5	C
6	A: III B: II C: IV D: I
7	C
8	A
9	D
10	B

Pregunta	Respuesta
11	A
12	A: III B: I C: II
13	B
14	B
15	C
16	A
17	D
18	B

Referencias:

- Bergtrom, G. **Basic Cell and Molecular Biology**. UWM Digital Commons. (2018).
- Brooker, R.J. **Genetics: Analysis and Principles**. 4th. Ed. McGraw Hill. (2012).
- Griffiths; A.J.F., Gelbart, W.M., Miller, J.H., Lewontin, R.C. **An Introduction to Genetic Analysis**. 8th. Freeman Publishers. (2005).
- Krebbs, J.E., Goldstein, E.S., Kilpatrick, S.T. **Lewin's Essential Genes**. 3th. Ed. Jones & Bartlett Learning. (2013).
- Lodish, H., Berk, A., Kaiser, C.A., Krieger, M., Bretscher, A., Ploegh, H., Martina, K.C., Yaffe, M., Amon, A. **Molecular Cell Biology**. 9th. Ed. Freeman Publishers. (2021).
- McLennan, A., Bates, A., Turner, P., White, M. Bios. **Notas Instantáneas de Biología Molecular**. 4ta. Ed. Mc. Graw Hill Ed. (2013).

Agradecimientos



Proyecto PAPIME PE201017: Enseñanza interactiva mediante el empleo de las TIC's para la asignatura Genética y Biología Molecular.

Proyecto PAPIME PE206021: Elaboración de material para promover el aprendizaje activo de asignaturas de Bioquímica y Biología Molecular en la Facultad de Química.



Figuras elaboradas con
Biorender.com

