



Facultad de Química
Genética y Biología Molecular
Clave 1630

Tarjetas de Estudio de la UNIDAD 6

CÓDIGO GENÉTICO Y TRADUCCIÓN

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



Tarjetas de Estudio de la Unidad 6

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. ¿Qué es un codón, y cuántos hay en el código genético?

- A. Es una secuencia de tres nucleótidos en el ARN mensajero que determina un aminoácido
- B. Es una secuencia de tres nucleótidos en el ARN de transferencia que determina un aminoácido
- C. Es una secuencia de dos nucleótidos en el ARN mensajero que determina un aminoácido
- D. Es una secuencia de tres nucleótidos en el ARN mensajero que determina tres aminoácidos

Un **codón** es una secuencia de **tres bases en el ARN mensajero** que determina un aminoácido en la secuencia de la proteína o causa la terminación de la traducción.

En el código genético hay 64 codones de los cuales **61** determinan aminoácidos y **3** funcionan como **señales de terminación** de la traducción.

Pos. 1	Posición 2								Pos. 3
	U		C		A		G		
U	UUU	Phe	UCU	Ser	UAU	Tyr	UGU	Cys	U
	UUC		UCC		UAC		UGC		
U	UUA	Leu	UCA	Ser	UAA	Ter*	UGA	Ter*	A
	UUG		UCG		UAG		UGG		
C	CUU	Leu	CCU	Pro	CAU	His	CGU	Arg	U
	CUC		CCC		CAC		CGC		
C	CUA	Leu	CCA	Pro	CAA	Gln	CGA	Arg	C
	CUG		CCG		CAG		CGG		
A	AUU	Ile	ACU	Thr	AAU	Asn	AGU	Ser	U
	AUC		ACC		AAC		AGC		
A	AUA	Met	ACA	Thr	AAA	Lys	AGA	Arg	A
	AUG		ACG		AAG		AGG		
G	GUU	Val	GCU	Ala	GAU	Asp	GGU	Gly	U
	GUC		GCC		GAC		GGC		
	GUA		GCA		GAA		GGA		
	GUG		GCG		GAG		GGG		

Por ejemplo, ¿en que varía la secuencia de los 4 codones par la glicina (Gly)?

2. ¿Cuáles son las propiedades del código genético?

(Múltiples respuestas)

- A. Hay un código genético para procariontes y otro para eucariontes
- B. Es redundante, lo que significa que cada codón determina uno o dos aminoácidos
- C. Es redundante, lo que significa que la mayoría de los aminoácidos están determinados por más de un codón
- D. Es universal, lo que significa que el mismo código genética opera para todos los organismos

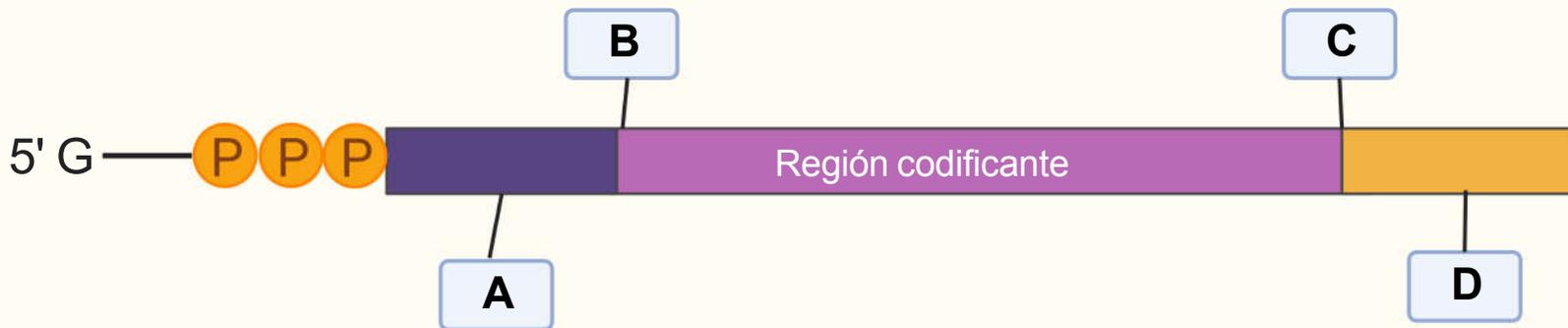
El código genético es:

Redundante: dado que hay 61 codones para especificar 20 aminoácidos, la mayoría de los aminoácidos (18), están determinados por más de un codón. También se emplea el término en inglés: “*degenerate*” para denotar esta propiedad.

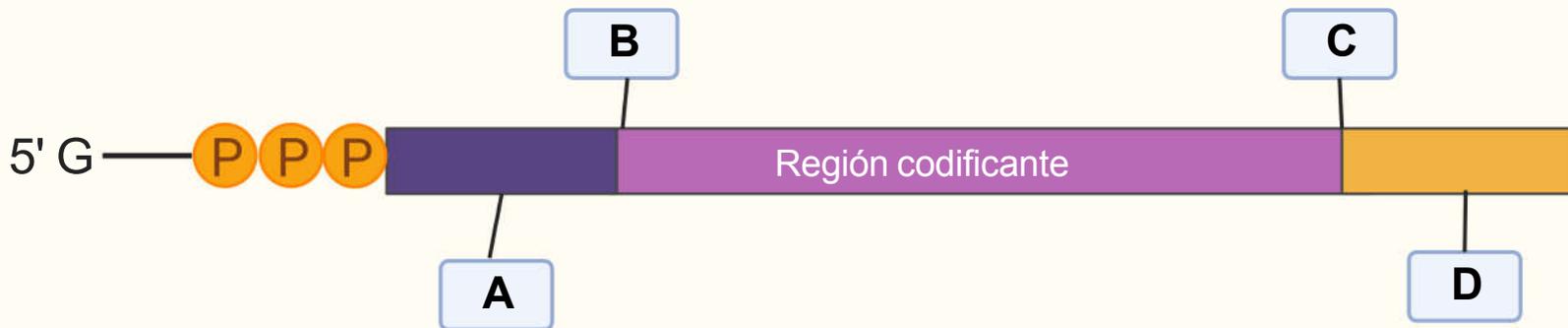
Universal: significa que el mismo código genético opera para todos los organismos (procariontes, arqueas, eucariontes).

¿Qué implicaciones biotecnológicas tiene que el código genético sea universal?

La figura representa la estructura de un ARNm eucariote. ¿Qué señalan las letras **A**, **B**, **C** y **D**?



En la estructura del ARN mensajero eucarionte se reconocen 4 regiones:



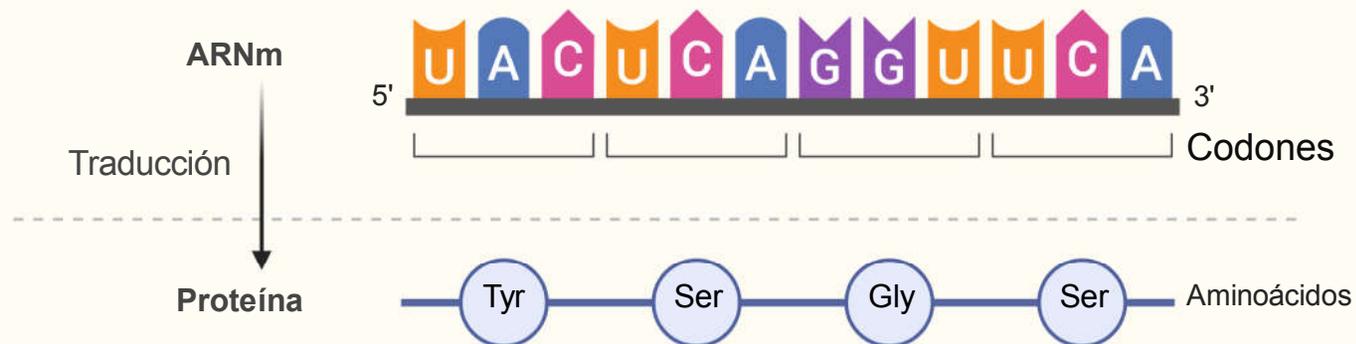
- A:** Región 5'-UTR (**Un**Translated **R**egion)
- B:** Codón de Inicio
- C:** Codón de Término
- D:** Región 3'-UTR (**Un**Translated **R**egion)

¿Dónde se localizaría el sitio de inicio de la **transcripción**?

4. ¿Qué es un marco abierto de lectura (*Open Reading Frame; ORF*)?

- A. Es una secuencia en el ARN de transferencia contenida entre los codones de inicio y de término que define la región traducida
- B. Es una secuencia en el ARN mensajero contenida entre los codones de inicio y de término que define la región traducida
- C. Es una secuencia en el ARN mensajero contenida entre el codón de inicio y el extremo 3'
- D. Es una secuencia en el ARN mensajero contenida entre el codón de inicio y el extremo 5'

Un **marco abierto de lectura (ORF)** es la secuencia en el ARN mensajero contenida entre el codón de inicio y el codón de término que determinará el orden de aminoácidos en la cadena polipeptídica.

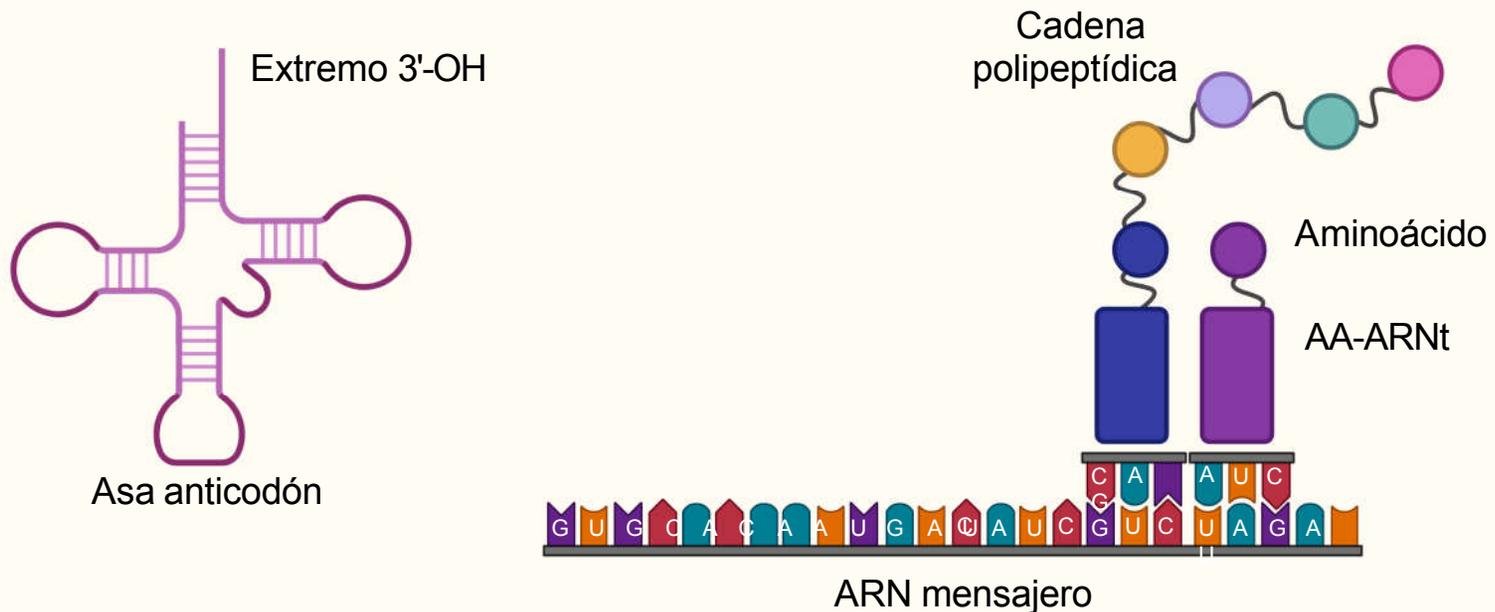


¿Qué sucede si al leer el marco de lectura, nos desplazamos un nucleótido hacia la derecha?

5. ¿Cuál molécula permite relacionar la secuencia de nucleótidos en el ARN mensajero con los aminoácidos que formarán la proteína?

- A. La subunidad grande del ribosoma pues cataliza la formación del enlace peptídico
- B. La aminoacil-ARN sintetasa pues une al aminoácido a su ARN de transferencia
- C. El factor de elongación G pues permite el movimiento del ribosoma sobre el ARN de transferencia
- D. El ARN de transferencia pues reconocen el codón en el ARN mensajero y acarrear al aminoácido

Los **ARNs de transferencia** funcionan como moléculas **traductoras** del código genético pues reconocen el codón en el ARN mensajero a través la interacción con el asa anticodón, que son complementarias. En su extremo 3'-OH está unido covalentemente el aminoácido correspondiente al codón.



¿Cuántos ARN de transferencia requiere una célula para leer los 61 codones de aminoácidos?

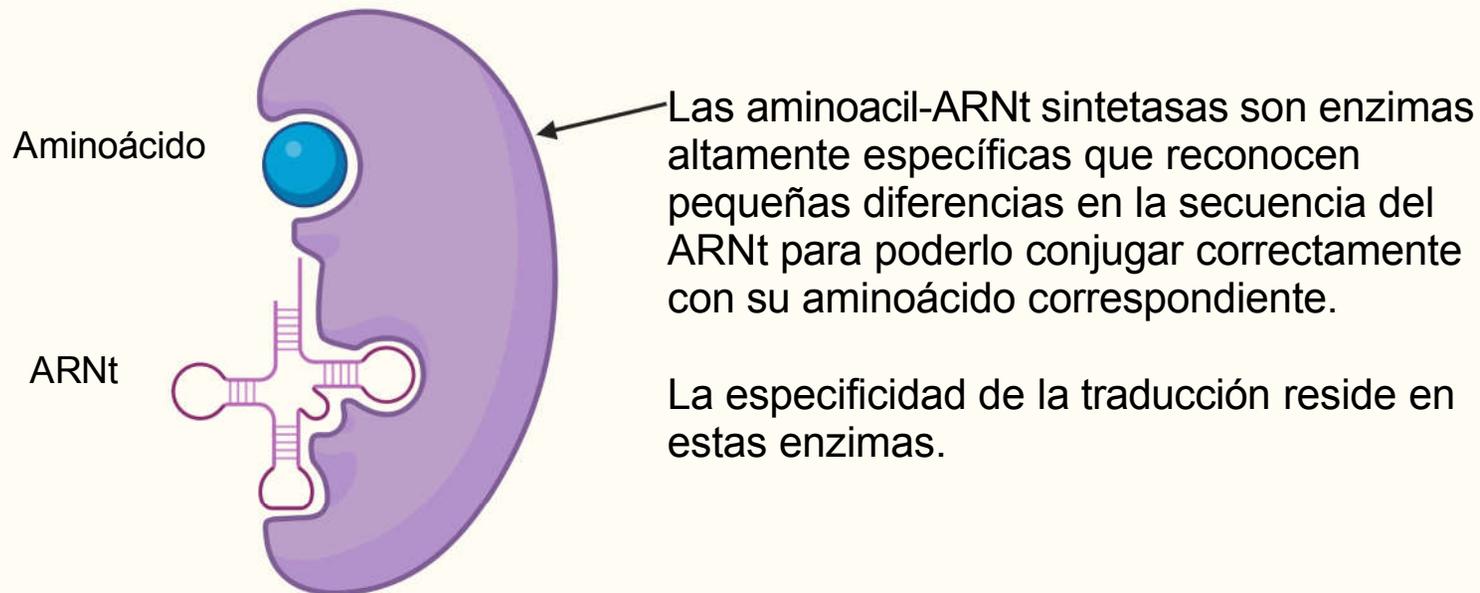
6. ¿Cómo se une el aminoácido al ARN de transferencia específico?

(Múltiples respuestas)

- A. Por acción de la Aminoacil-ARNt sintetasa
- B. Por acción del ARN ribosomal 23S de la subunidad grande del ribosoma
- C. Por la unión del grupo carboxilo al extremo 3'-OH del ARN de transferencia
- D. Por la unión del grupo carboxilo al extremo 5'-OH del ARN de transferencia

La **aminoacil ARNt sintetasa** es la enzima que se encarga de conjugar específicamente cada aminoácido con su ARNt. La reacción ocurre en dos pasos:

- 1) Activación del aminoácido con ATP para formar Aminoacil-AMP.
- 2) Unión del grupo carboxilo del aminoácido al extremo 3'-OH del RNA de transferencia.



¿Qué intermediario se forma en la primera reacción?

7. ¿Qué son los ribosomas y cuál es su función en la traducción?

- A. Son complejos formados por ARN y proteínas, se unen al ARN mensajero y catalizan la formación del enlace peptídico
- B. Son complejos formados por ADN y proteínas, se unen al ARN mensajero y catalizan la formación del enlace peptídico
- C. Son organelos donde ocurre la síntesis de proteínas
- D. Son regiones en el núcleo donde ocurre la síntesis de proteínas

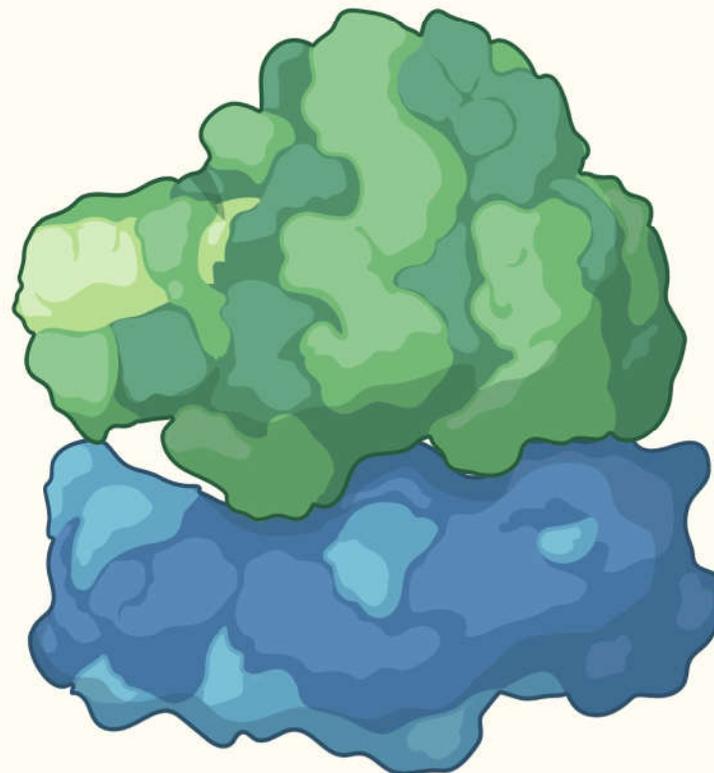
Los ribosomas son complejos macromoleculares formados por proteínas y ARN ribosomal.

En procariontes están formados por dos subunidades:

-La **subunidad pequeña (30S)** que se une al ARN mensajero y decodifica la información genética. Esta subunidad contiene al ARN ribosomal 16S.

-La **subunidad grande (50S)** que tiene actividad de peptidil transferasa que cataliza la formación del enlace peptídico. Contiene al ARN ribosomal 23S.

Ribosoma
procarionte



Subunidad 50S

Subunidad 30S

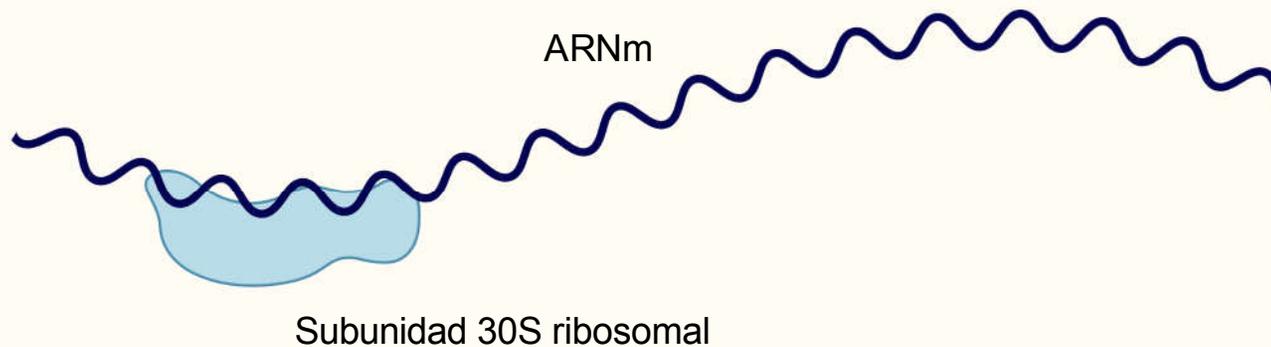
¿Cómo se
determinó la
estructura del
ribosoma?

8. ¿Cómo es reconocido el ARN mensajero por la subunidad pequeña del ribosoma (30S)?

- A. Mediante la interacción entre la región codificante del ARN mensajero con el ARN ribosomal 16S
- B. Mediante la interacción entre la región 5'-UTR del ARN mensajero con el ARN ribosomal 16S
- C. Mediante la interacción entre la región 3' del ARN mensajero con el ARN ribosomal 16S
- D. Mediante la interacción entre la región 5'-UTR del ARN mensajero con el ARN ribosomal 23S

En los ARNm procariontes hay una secuencia altamente conservada en la región 5'-UTR que está a una distancia de entre 8 y 13 nts del codón de inicio AUG.

Esta secuencia es rica en purinas y el consenso es: **-AGGAGGU-**



Esta secuencia se aparea por interacciones de puentes de hidrógeno con una secuencia complementaria que se encuentra en el ARNr 16S de la subunidad pequeña del ribosoma. Este reconocimiento sirve para posicionar de manera correcta al ARNm en el ribosoma con respecto al codón de inicio y permite la traducción correcta.

Esta región en el ARN mensajero se llama **Secuencia de Shine-Dalgarno o sitio de unión al ribosoma.**

¿Cuál es la importancia de esta interacción inicial para el proceso de traducción?

9. ¿Cuál es la función de los factores de iniciación de la traducción procariontes?

(Múltiples Respuestas)

- A. IF2 se asocia al fMet-ARNt, facilitando su interacción con el codón AUG en el ARN mensajero
- B. IF2 se asocia al ARN ribosomal 30S, permitiendo la unión del ARN mensajero
- C. IF3 se une a la subunidad 30S del ribosoma y previenen la unión de la subunidad 50S en ausencia del ARN mensajero.
- D. IF1 se asocia al fMet-ARNt, facilitando su interacción con el codón AUG en el ARN mensajero

Los factores de iniciación (**IF1 e IF3**) se unen a la subunidad 30S del ribosoma y previenen la unión de la subunidad 50S en ausencia del ARN mensajero.

El factor **IF2** se asocia al fMet-ARNt, facilitando su interacción con el codón AUG en el ARN mensajero.

Una vez posicionadas estas moléculas, se disocia el **IF1**, lo que permite la unión de la subunidad 50S para la formación del complejo de iniciación de la traducción.

¿Qué cofactor requiere la proteína IF2 para su función?

¿Qué función tienen los sitios E, P y A del ribosoma?

(Relacionar columnas)

A. Sitio A

B. Sitio P

C. Sitio E

I. Unión del AminoAcil-ARNt

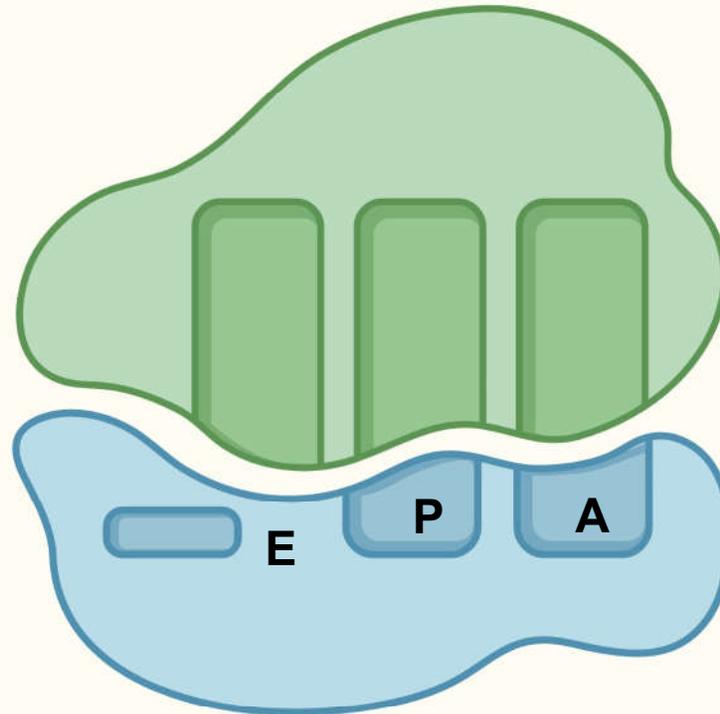
II. Sitio de salida del ARNt vacío

III. Unión del AminoAcil-ARNt que
acarrea la cadena
polipeptídica

En el **sitio A** del ribosoma se une el aminoacil-ARNt correspondiente al siguiente aminoácido en la secuencia.

En el **sitio P** del ribosoma se asocia el RNAt que acarrea la cadena polipeptídica después de la translocación.

El **sitio E** del ribosoma funciona como región para la salida del RNAt vacío.



Esquema del ribosoma que muestra los sitios E, P y A.

11. ¿Cuáles son las fases de la elongación de la traducción y qué ocurre en cada una de ellas?

Relacionar columnas

A. Ocupación del Sitio A

B. Formación del enlace peptídico

C. Translocación

I. Movimiento del ribosoma a lo largo del ARN mensajero

II. Participación del AA-ARNt

III. Función de la peptidil transferasa

12. ¿Dónde reside la actividad de peptidil transferasa en el ribosoma procarionte?

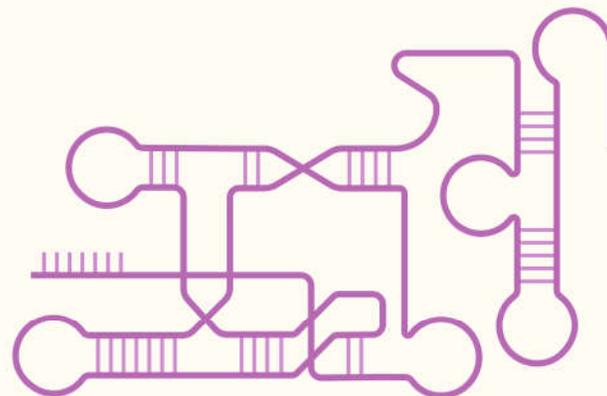
- A. En el ARN ribosomal 16S de la subunidad grande
- B. En el ARN ribosomal 16S de la subunidad pequeña
- C. En el ARN ribosomal 23S de la subunidad pequeña
- D. En el ARN ribosomal 23S de la subunidad grande

El centro de **peptidil transferasa** se encuentra en el **ARN ribosomal 23S** con participación de algunas proteínas de la **subunidad grande** del ribosoma procarionte.

Es una **ribozima** que acomoda a los sustratos estereoquímicamente para facilitar la formación del enlace peptídico.

Este centro catalítico está altamente conservado filogenéticamente, y entonces en células eucariontes el centro de peptidil transferasa reside en el ARN ribosomal 28S.

Estructura secundaria del ARN ribosomal 23S donde reside la actividad de peptidil transferasa.

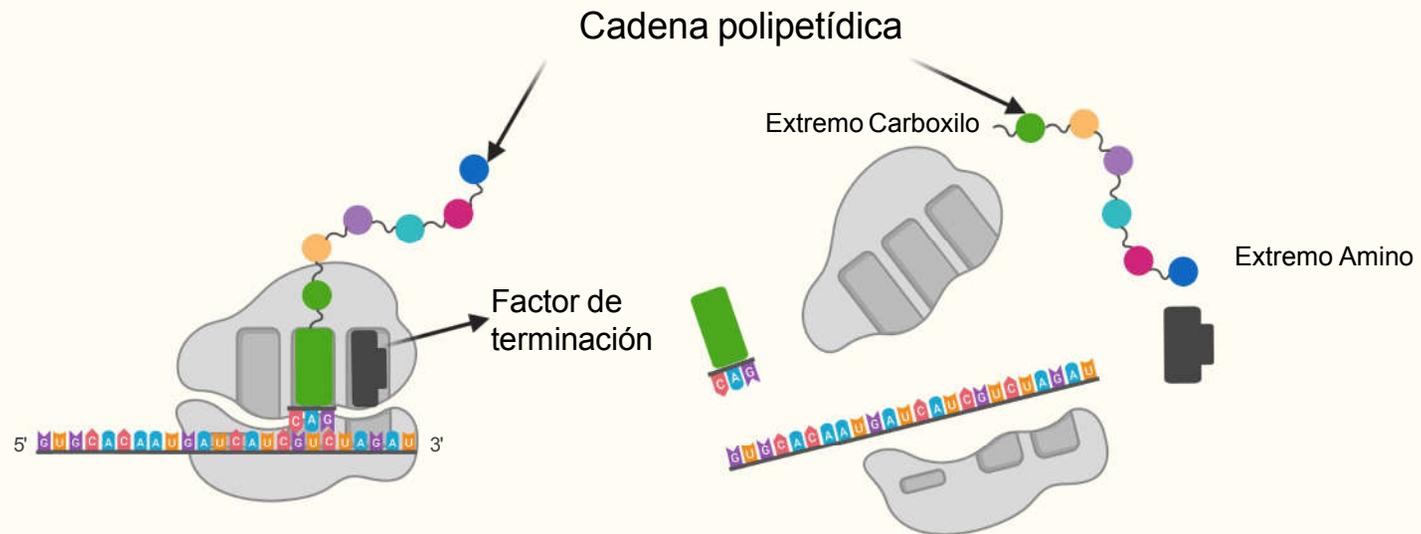


¿Cuáles son los grupos reactantes en la reacción que cataliza la peptidil transferasa?

13. ¿Cómo ocurre la terminación de la traducción?

- A. Cuando el sitio A del ribosoma ocupa algún codón de término, entonces participa una proteína para liberar a la cadena polipeptídica
- B. Cuando el sitio P del ribosoma ocupa algún codón de término, entonces participa una proteína para liberar a la cadena polipeptídica
- C. Cuando el sitio A del ribosoma ocupa el codón AUG, entonces participa una proteína para liberar a la cadena polipeptídica
- D. Cuando el sitio A del ribosoma ocupa algún codón de término, entonces participa un ARN de transferencia para liberar a la cadena polipeptídica

Cuando el sitio A del ribosoma es ocupado por alguno de los tres codones de terminación (**UAA, AAG, UGA**), en lugar de asociarse un aminoacil-ARNt, es reconocido por una proteína que es un factor de terminación (o liberación).



El factor de liberación tiene una topología semejante a la de un ARNt. Acarrea una molécula de agua que es empleada para la hidrólisis del enlace éster entre el último aminoácido y el RNAt.

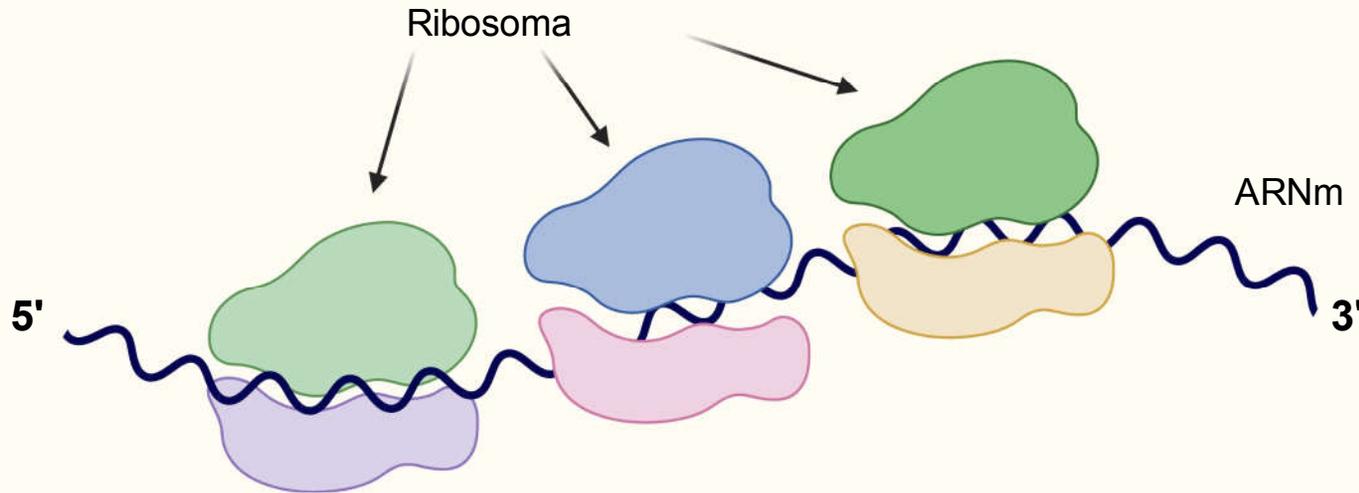
Con esta ruptura se genera el extremo carboxilo de la proteína.

¿Qué actividad enzimática libera a la cadena polipeptídica en presencia de agua?

14. ¿Qué son los polisomas?

- A. Son complejos formados por un ARN mensajero al que se unen múltiples ribosomas y es traduccionalmente inactivo
- B. Son complejos formados por varios ARN mensajeros unidos a un ribosoma y es traduccionalmente inactivo
- C. Son complejos formados por un ARN mensajero al que se unen múltiples ribosomas y es traduccionalmente activo
- D. Son complejos formados por varios ARN mensajeros unidos a un ribosoma y es traduccionalmente activo

Los polisomas son complejos formados por un ARNm al que se asocian **varios ribosomas** de manera secuencial, de manera que ocurre la síntesis sucesivas de moléculas de la proteína.



Polisoma: Un ARNm con varios ribosomas

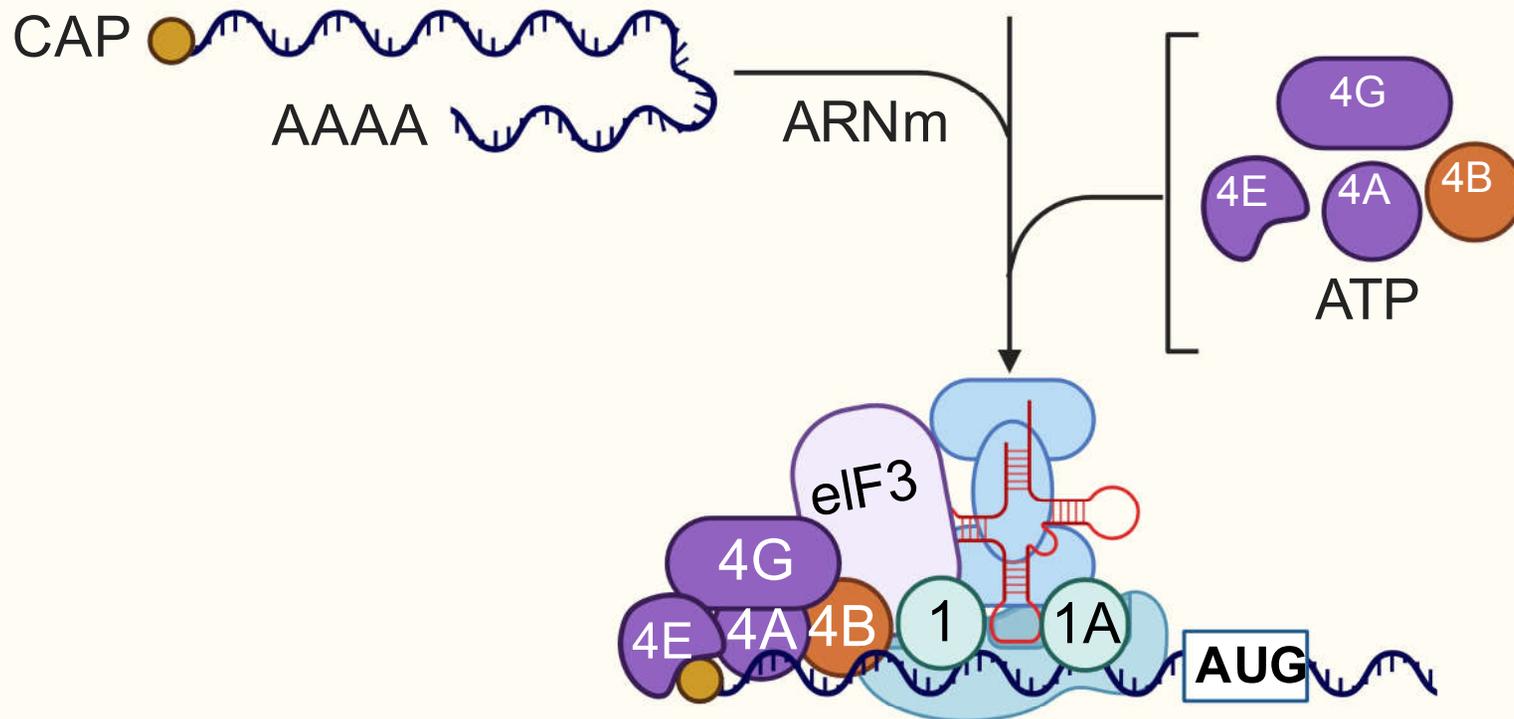
¿Todos los ARN mensajeros forman polisomas o también hay monosomas?

15. ¿Cómo es reconocido el ARN mensajero en el ribosoma eucarionte?

(Múltiples respuestas)

- A. A través de la unión del CAP a proteínas, factores de iniciación
- B. A través de la unión del CAP a AA-ARN de transferencia
- C. A través de la unión de la cola de Poli-A a proteínas, factores de iniciación
- D. A través de la unión del CAP a la cola de Poli-A para circularizar la molécula

El ARN mensajero se une a los **factores de iniciación (eIF)** a través de la estructura del **CAP en el extremo 5'**. La proteína **PAPB (poli-A binding protein)** se une a la cola de poli-adeninas en el extremo 3' del RNAm. Estas interacciones permiten la incorporación del RNA mensajero al ribosoma y la lectura correcta del marco de lectura.



¿Qué significa el término “escaneo del ribosoma” que se da en la iniciación de la traducción en eucariotes?

16. ¿Cuáles son los mecanismos generales de direccionamiento de proteínas en células eucariontes?

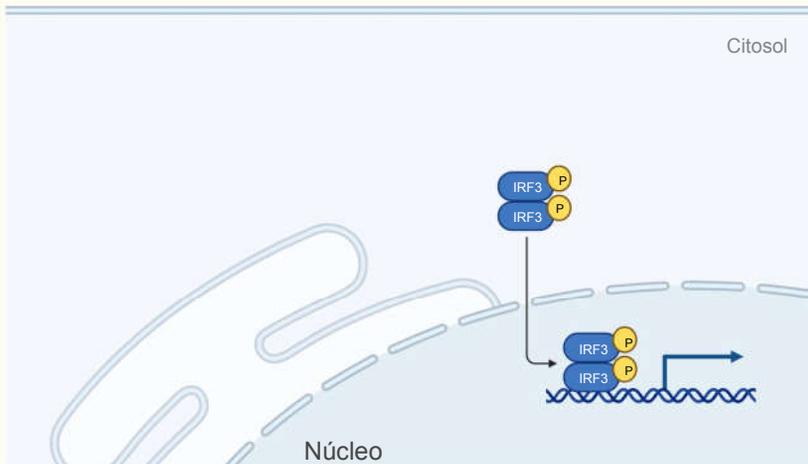
(Múltiples respuestas)

- A. Direccionamiento Co-Traduccional ejemplificado por translocación de proteínas al núcleo
- B. Direccionamiento Post-Traduccional ejemplificado por translocación de proteínas al núcleo
- C. Direccionamiento Co-Traduccional ejemplificado por translocación de proteínas a la membrana plasmática
- D. Direccionamiento Post-Traduccional ejemplificado por translocación de proteínas a la membrana plasmática

Una vez sintetizada la proteína, ésta debe ser translocada al compartimento celular correcto o al exterior de la célula para cumplir su función.

En eucariontes, hay múltiples destinos y se reconocen dos mecanismos generales de translocación de proteínas:

- **Direccionamiento post-traducciona**l: Proteínas que van al núcleo, mitocondria, cloroplasto, peroxisoma.
- **Direccionamiento co-traducciona**l: Proteínas que van al retículo endoplásmico, aparato de Golgi, lisosomas, membrana plasmática o que son excretadas.



Direccionamiento post-traducciona. Translocación de una proteína al núcleo a través de poros nucleares.

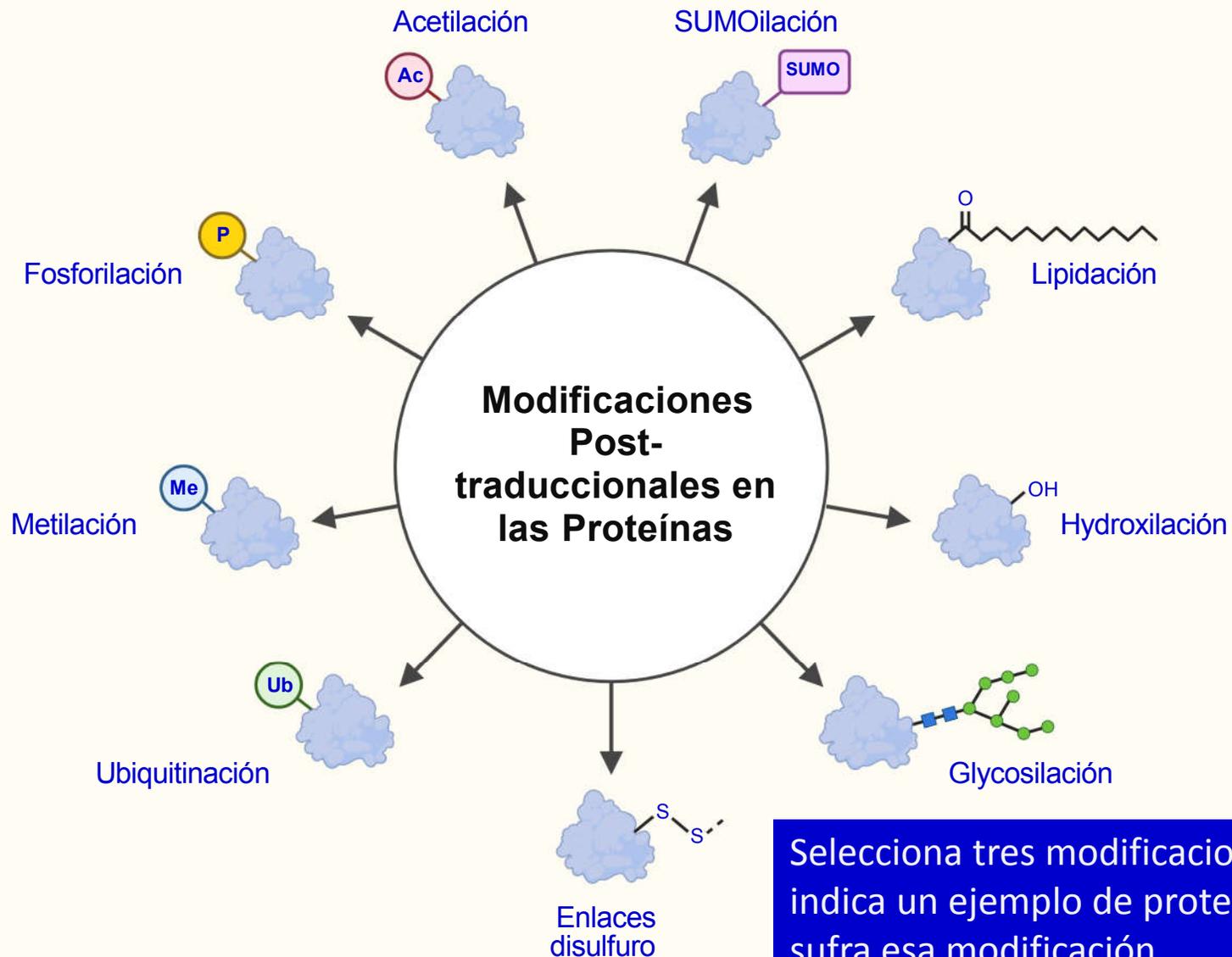


Direccionamiento co-traducciona. Se forman vesículas que contienen a proteínas que serán secretadas o incorporadas a la membrana plasmática.

17. ¿Cuáles son las principales modificaciones covalentes que sufren las proteínas?

Se solicita describir los cambios post-traduccionales que sufren las proteínas en las cadenas laterales de sus aminoácidos

Las proteínas sufren varias modificaciones covalentes en ciertos aminoácidos. Estas modificaciones están asociadas con su función.



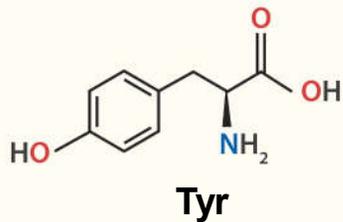
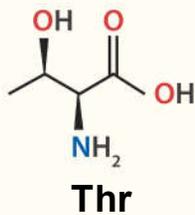
Selecciona tres modificaciones e indica un ejemplo de proteína que sufra esa modificación

18. En la fosforilación de proteínas, ¿cuáles aminoácidos son fosforilados y qué efecto tiene esta modificación sobre la actividad?

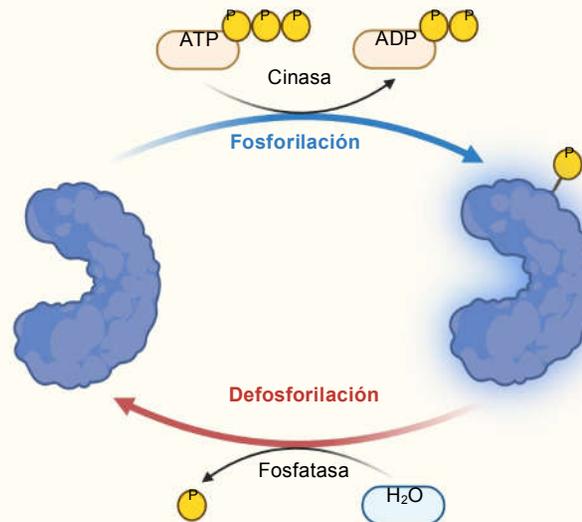
- A. Son los aminoácidos hidroxilados, como Serina, Treonina y Tirosina
- B. Son los aminoácidos hidroxilados, como Lisina, Arginina y Tirosina
- C. Son los aminoácidos básicos, como Lisina y Arginina
- D. Son los aminoácidos ácidos, Glutámico y Aspártico

La fosforilación es la modificación regulatoria más común. Los aminoácidos que se fosforilan tienen un grupo **hidroxilo**, y estos son: **Serina, Treonina y Tirosina**.

La fosforilación de un residuo de aminoácido puede ocasionar un cambio conformacional en la proteína afectando su función; puede activar a una enzima o inhibirla. La fosforilación también puede incidir en la localización celular de una proteína. Ésta es una modificación reversible pues hay fosfatasas que hidrolizan el fosfato.



Fosforilación de proteínas



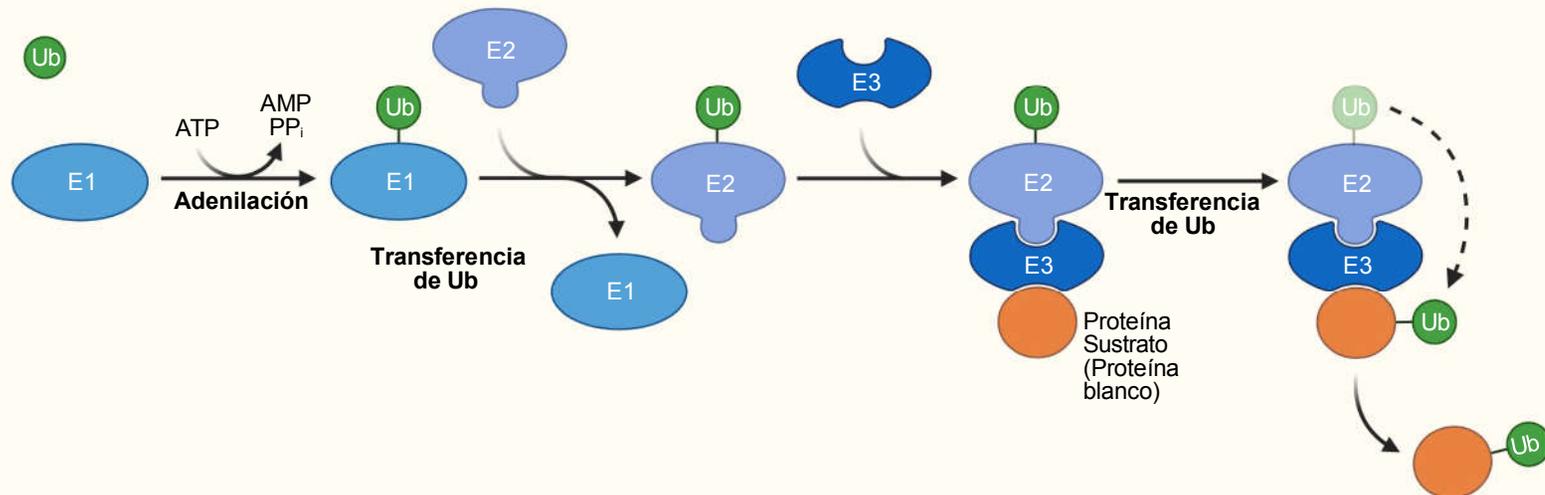
Indica tres ejemplos de proteínas cuya actividad se regula por fosforilación

19. ¿Qué es la ubiquitina y cuál es su función?

- A. Es una proteína que se une por interacciones electrostáticas a otras proteínas lo que determina la vida media de éstas
- B. Es una proteína que se une covalentemente a otras proteínas lo que regula su actividad enzimática
- C. Es una proteína que se une covalentemente a otras proteínas lo que determina la vida media de éstas
- D. Es una enzima con actividad de proteasa, que hidroliza a las enzimas a las que se une

La **ubiquitina (Ub)** es una proteína que es conjugada covalentemente a otras proteínas por ligasas de ubiquitina (E1, E2 y E3). Las proteínas poliubiquitinadas son sustratos para ser hidrolizadas en el proteasoma.

Ubiquitinación (Ub) de proteínas



¿Qué enfermedad(es) están asociadas con un defecto en la ubiquitinación?

Clave de Respuestas:

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

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

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

