



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE SINALOA  
Unidad Académica de Ciencias de la  
Nutrición y Gastronomía.

# Genética: Bases moleculares de la herencia. Código genético y Traducción.

*Dr. Javier Magaña<sup>1</sup>. Anna Islas<sup>2</sup>. Diego Moreira<sup>2</sup>. Eduardo Vargas<sup>2</sup>.*

*1. Responsable de la materia. 2. Estudiantes de la licenciatura de nutrición.*



## Código genético

Una vez fabricado el ARNm, la información presente en su secuencia se utilizará para la síntesis de una proteína. La transcripción es un proceso fácil, dado que el DNA puede actuar de forma directa como un molde para la síntesis del RNA por apareamiento entre bases complementarias. Por el contrario, la conversión de la información del RNA a proteína representa una traducción con símbolos muy diferentes. Esta traducción no puede realizarse uno a uno entre los nucleótidos del ARNm y los aminoácidos de la proteína. La secuencia de nucleótidos de un gen, a través del ARNm, es traducida a una secuencia de aminoácidos siguiendo una serie de reglas, conocidas como el código genético (Figura 1).<sup>1</sup> El código genético es un código de tripletes o codones, en el cual tres nucleótidos codifican cada aminoácido de una proteína.<sup>2</sup>

		Second position				
		U	C	A	G	
First position (5' end)	U	UUU } Phe	UCU } Ser	UAU } Tyr	UGU } Cys	U
		UUC } Phe	UCC } Ser	UAC } Tyr	UGC } Cys	C
		UUA } Leu	UCA } Ser	UAA } Stop	UGA } Stop	A
		UUG } Leu	UCG } Ser	UAG } Stop	UGG } Trp	G
C	CUU } Leu	CCU } Pro	CAU } His	CGU } Arg	U	
	CUC } Leu	CCC } Pro	CAC } His	CGC } Arg	C	
	CUA } Leu	CCA } Pro	CAA } Gln	CGA } Arg	A	
	CUG } Leu	CCG } Pro	CAG } Gln	CGG } Arg	G	
A	AUU } Ile	ACU } Thr	AAU } Asn	AGU } Ser	U	
	AUC } Ile	ACC } Thr	AAC } Asn	AGC } Ser	C	
	AUA } Ile	ACA } Thr	AAA } Lys	AGA } Arg	A	
	AUG } Met	ACG } Thr	AAG } Lys	AGG } Arg	G	
G	GUU } Val	GCU } Ala	GAU } Asp	GGU } Gly	U	
	GUC } Val	GCC } Ala	GAC } Asp	GGC } Gly	C	
	GUA } Val	GCA } Ala	GAA } Glu	GGA } Gly	A	
	GUG } Val	GCG } Ala	GAG } Glu	GGG } Gly	G	

Figura 1. Código genético.

La secuencia de nucleótidos de un RNAm se lee en grupos consecutivos de tres nucleótidos o tripletes. El ARN es un polímero de cuatro nucleótidos diferentes, así que hay  $4 \times 4 \times 4 = 64$  combinaciones posibles de tres nucleótidos que en consecución codifican un aminoácido o señal del proceso de la traducción.<sup>1</sup> Tres son codones de terminación, mientras que 61 codones llamados codones con sentido codifican para los aminoácidos. Por lo tanto algunos aminoácidos son especificados por más de un triplete (codones sinónimos) por esto se dice que es un código degenerado. Solamente el triptófano y la metionina están codificados por un solo codón.<sup>2</sup>

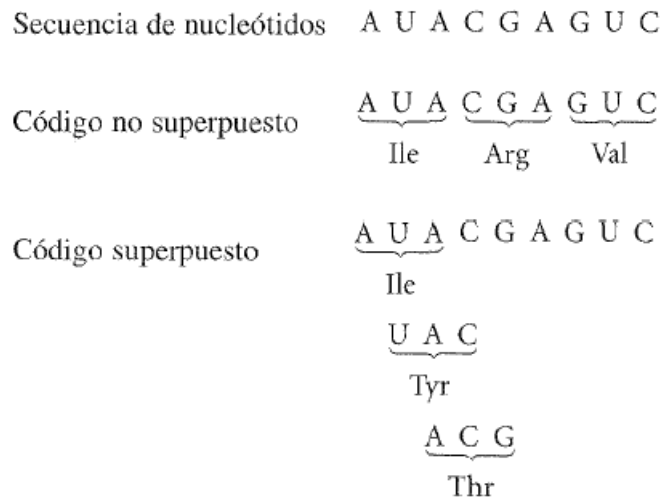
### **Características del código genético**

- A) *El código es universal.* Se observa la misma correspondencia en todos los sistemas estudiados. (Sólo en los sistemas de síntesis de proteínas de mitocondrias y algunos protozoos se han descubierto variaciones).
- B) *El código contiene un triplete de iniciación (AUG) correspondiente a metionina.* La traducción inicia por este triplete y codifica el aminoácido mencionado.
- C) *El código contiene tres tripletes sin sentido (UAA, UAG y UGA) a los que no corresponde ningún aminoácido y sirven para finalizar la traducción.*
- D) El código contiene 61 tripletes para codificar 20 aminoácidos.
- E) Los tripletes aparecen yuxtapuestos en el mensajero, desde iniciación a terminación sin huecos ni solapamientos.<sup>3</sup>

### **Marco de lectura**

Una secuencia de RNA podría traducirse siguiendo cualquiera de los marcos de lectura diferentes dependiendo del punto en que empieza el proceso de decodificación. (Ver figura 2)

Los tres marcos de lectura tienen conjuntos distintos de codones que especificarán proteínas con secuencias distintas.<sup>1</sup> Por lo que sólo una de las tres pautas de lectura de un ARNm codifica la proteína correcta.<sup>2</sup> El marco de lectura queda establecido por el codón de iniciación.<sup>1</sup>

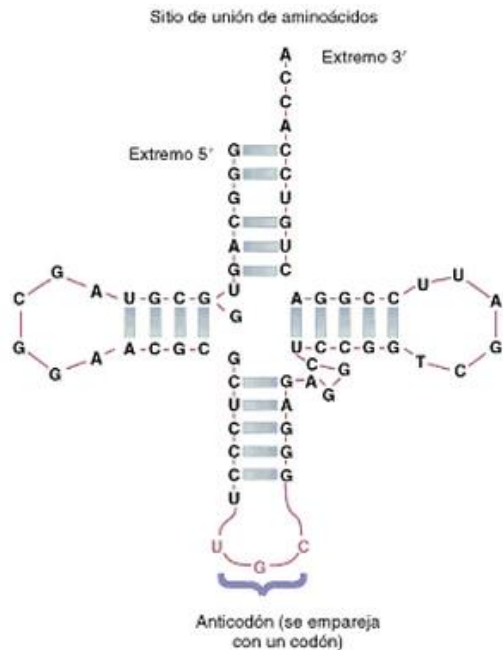


**Figura 2.** Ejemplo de marco de lectura.

## Traducción

La información de la secuencia codificante de un gen es transcrita a una molécula intermediaria de ARN, cuya secuencia es idéntica a la de la cadena codificante del ADN y complementaria a la de la cadena molde. Después la secuencia de la información en la molécula de ARN mensajero (ARNm) es traducida a una secuencia de aminoácidos<sup>1</sup>.

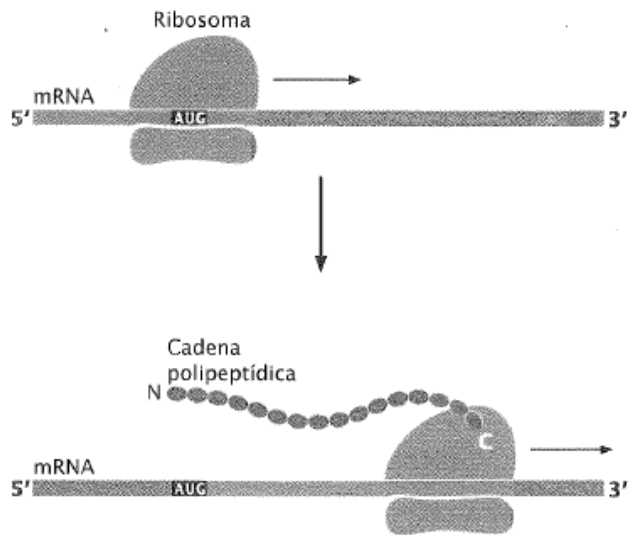
Como ya se mencionó, la traducción es el proceso mediante el cual la secuencia nucleotídica del ARNm se utiliza para construir una cadena de aminoácidos siguiendo la secuencia codificada en el ADN. Sin embargo, el ARNm no puede unirse directamente a los aminoácidos. En cambio, interactúa con moléculas de ARN de transferencia (ARNt), que son hebras de ARN en forma de hoja de trébol<sup>2</sup> (Figura 1).



**Figura 1.** ARN de transferencia

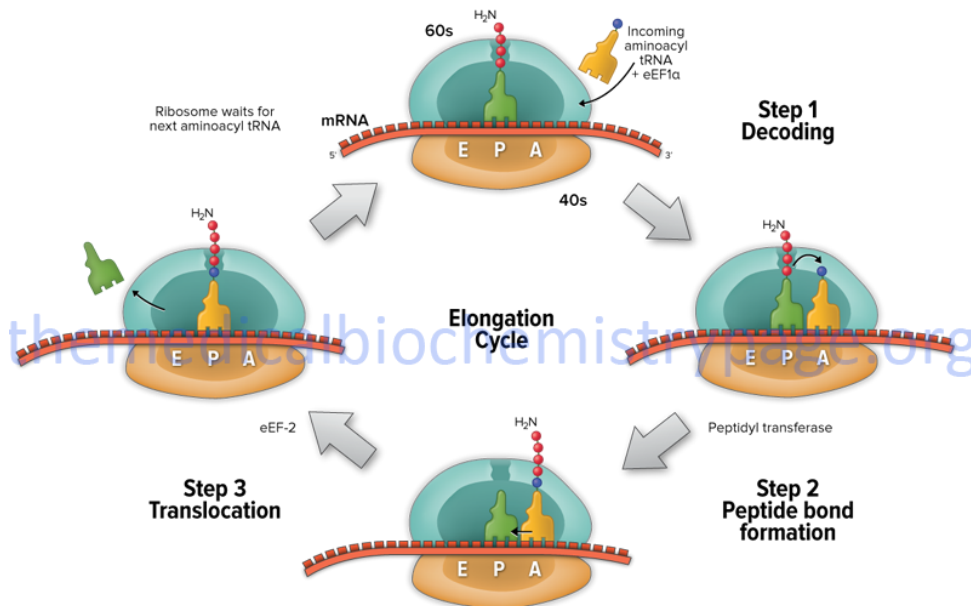
Cada molécula de ARNt cuenta con un lugar extremo 3' para su unión con un aminoácido específico mediante un enlace covalente, por acción de la **enzima aminoacil-ARNt sintetasa**. En el extremo opuesto del trébol hay una secuencia de tres nucleótidos denominada **anticodón**, que experimenta un emparejamiento de bases complementarias con el codón correspondiente del ARNm. El aminoácido fijado se transfiere entonces a la cadena polipeptídica que se está sintetizando<sup>2</sup>.

El lugar citoplasmático de la síntesis proteínica es el **ribosoma**, que consiste en partes aproximadamente iguales de proteínas enzimáticas y ARN ribosómico (ARNr). La función del ARNr es ayudar a unir el ARNm y ARNt al ribosoma. Durante la traducción el ribosoma se une primero a un lugar de inicio en la secuencia de ARNm. Este lugar consiste en un codón específico, AUG, que especifica el aminoácido metionina. A continuación, el ribosoma se une al ARNt en la superficie, para que pueda producirse el emparejamiento de bases entre ARNt y ARNm. El ribosoma se desplaza por la secuencia de ARNm, codón a codón, en dirección 5' a 3' (Figura 2).<sup>2</sup>



**Figura 2.** Iniciación de la traducción.

La siguiente etapa en la traducción es la elongación, en la cual los aminoácidos se unen para crear una cadena polipeptídica. El primer paso es la entrega del ARNt cargado al sitio Aminoacil, o **sitio A**. Esto requiere la presencia del *factor de elongación Tu*, *factor de elongación Ts* y GTP. Después el aminoácido es unido a la cadena y pasa al sitio peptidilo, o **sitio P**, por la **peptidil transferasa**. Y por último, ya que está formada la cadena polipeptídica, se traslada al sitio de salida, o **sitio E**, para pasar al citoplasma<sup>3</sup> (Figura 3).



**Figura 3.** Ciclo de elongación.

Antes de que un polipéptido recién sintetizado pueda iniciar su existencia como proteína funcional, sufre **modificación postraduccional**. Estas modificaciones pueden adoptar varias formas, incluyendo la división en unidades polipeptídicas más pequeñas o la combinación con otros polipéptidos. Otras modificaciones son la adición de cadenas laterales de carbohidratos al polipéptido<sup>2</sup>.

## Referencias bibliográficas

1. Alberts, Bruce. *Biología molecular de la célula*. 5ta edición. Ediciones Omega, S. A. 2010.
2. Pierce, Benjamín. *Genética: Un enfoque Conceptual*. Editorial Médica Panamericana. 3ª Edición. España. 2009.
3. Romeo, Carlos. *Genética humana*. Universidad de Deusto. España. 2009.
4. Passarge, Eberhard. *Genética Texto y Atlas*. Editorial Médica Panamericana. 3ª Edición. España. 2010.
5. Jorde, Lynn. Et al. *Genética Médica*. Elsevier Mosby. 4ª Edición. España. 2012



**Mundo Genética®**