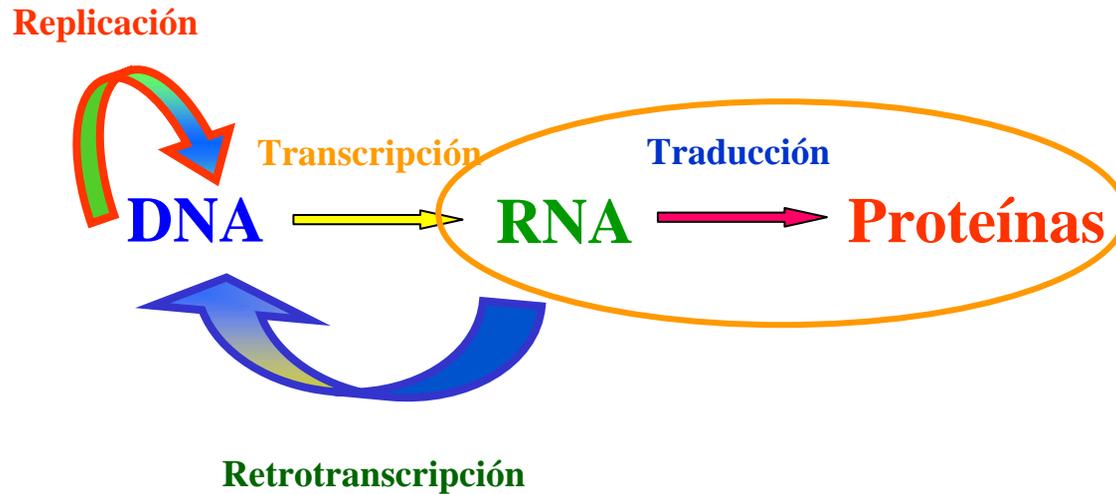
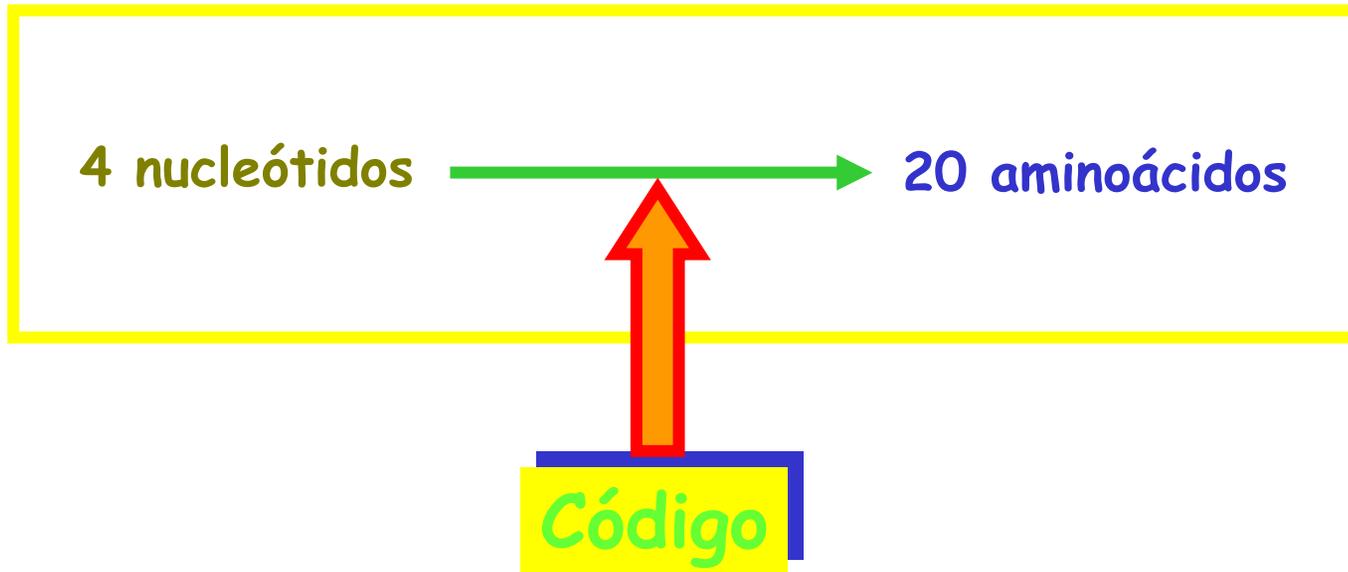


Flujo de información genética



Código genético

¿ Cómo se traduce la información contenida en el ARNm a proteínas ?



Código genético

- * La relación entre la secuencia de bases en el ADN o su transcrito ARN y la secuencia de aminoácidos en las proteínas.
- * En la década de los sesenta se determinó que al menos tres nucleótidos eran necesarios para codificar un aminoácido.

1 nucleótido  4 aminoácidos

2 nucleótidos  16 aminoácidos

3 nucleótidos  64 aminoácidos

Naturaleza del código genético

Código genético

* El código genético es universal.

* Todos los organismos vivos usan el mismo código genético.

* El ARNm de un determinado organismo (humano) puede ser traducido correctamente a proteínas en otro organismo (bacteria).

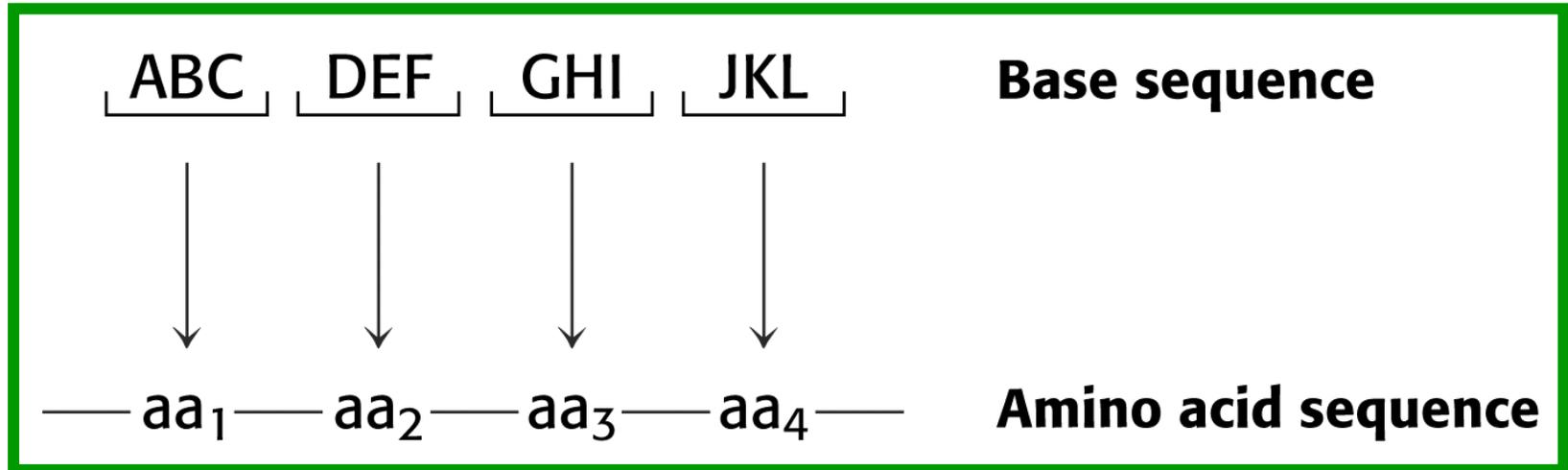
Pequeñas excepciones

TABLE 5.5 Distinctive codons of human mitochondria

Codon	Standard code	Mitochondrial code
UGA	Stop	Trp
UGG	Trp	Trp
AUA	Ile	Met
AUG	Met	Met
AGA	Arg	Stop
AGG	Arg	Stop

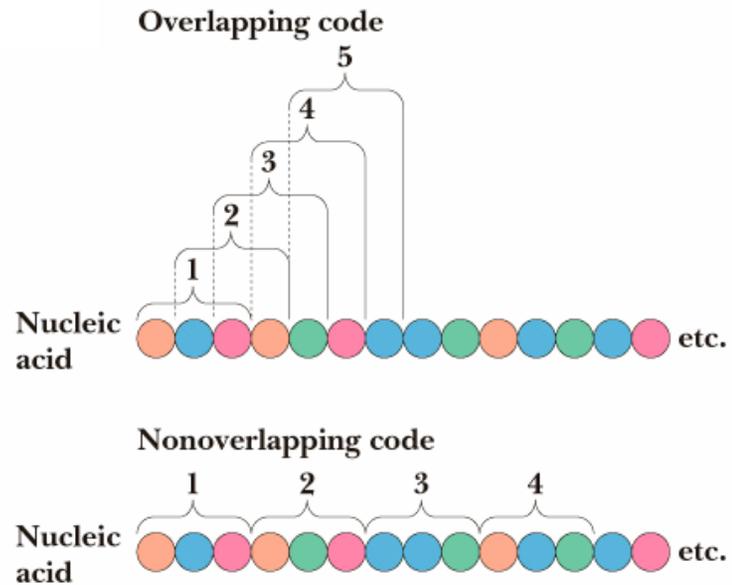
Código genético

* Tres nucleótidos **codifican un aminoácido.**



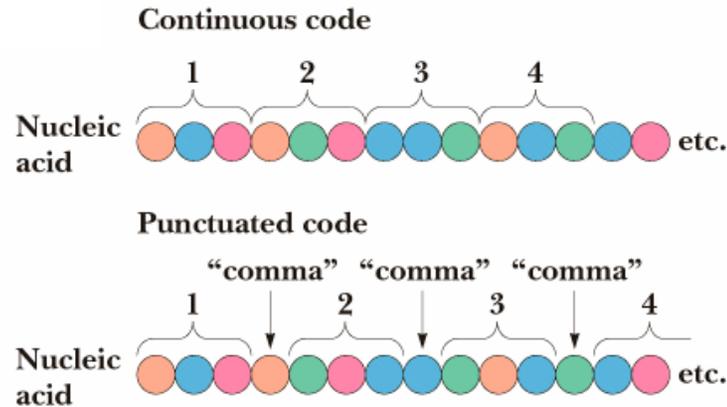
Código genético

* Los tripleteos no se leen de forma superpuesta.



Código genético

* El código genético es continuo. No existen “*signos de puntuación*”.



Código genético

* El código genético no es ambiguo.

* Un triplete de nucleótidos siempre codifica para el mismo aminoácido

* El código genético está degenerado.

* Un aminoácido puede venir codificado por varios tripletes. Sinónimos.

64 tripletes
y
20 aminoácidos

61 tripletes codifican para aminoácidos.
3 tripletes son señales de stop. (UAA, UAG y UGA).

* Solamente los aminoácidos Trp y Met tienen un solo triplete.

* El número de tripletes se relaciona con la frecuencia de uso de los aminoácidos.

Código genético

¿ Qué ventaja biológica tiene que el código genético sea degenerado ?

* Minimiza los efectos deletéreos de las mutaciones.

Menor probabilidad de mutaciones que originen la terminación de la cadena.

* Permite variaciones en la secuencia de ADN sin cambios en la secuencia de aminoácidos.

ADN con diferentes contenidos en G + C
pueden codificar las mismas proteínas

Primera posición 5'	Segunda posición				Tercera posición 3'
U	U Phe Phe Leu Leu	C Ser Ser Ser Ser	A Tyr Tyr Stop Stop	G Cys Cys Stop Trp	U C A G
C	Leu Leu Leu Leu	Pro Pro Pro Pro	His His Gln Gln	Arg Arg Arg Arg	U C A G
A	Ile Ile Ile Met	Thr Thr Thr Thr	Asn Asn Lys Lys	Ser Ser Arg Arg	U C A G
G	Val Val Val Val	Ala Ala Ala Ala	Asp Asp Glu Glu	Gly Gly Gly Gly	U C A G

RNA de transferencia

- * Representa la **molécula clave** en la síntesis de proteínas.
- * Actúan como **adaptadores** entre las cuatro bases de los ácidos nucleicos y los veinte aminoácidos de las proteínas.

* Se conocen más de 100 moléculas de **ARNt** diferentes y todas tienen un **diseño común**.



```
graph LR; Enzima-aa --> ARNt; ARNt --> ARNm; style ARNt stroke:#f96,stroke-width:2px
```

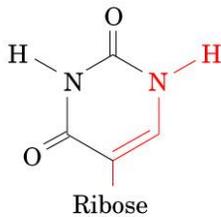
* Tiene forma de L.

RNA de transferencia

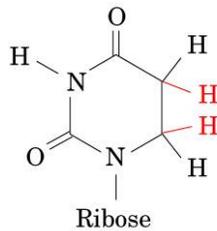
Son cadenas sencillas de entre 73 y 93 nucleótidos.

Contienen muchas bases poco comunes (de 7 a 15 por molécula).

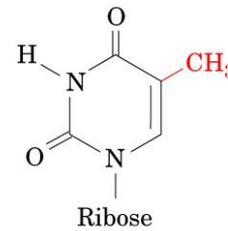
Uracil derivatives



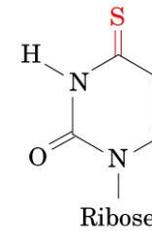
Pseudouridine (ψ)



Dihydrouridine (D)

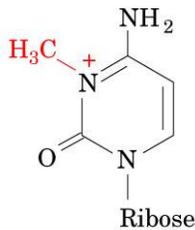


Ribothymidine (T)

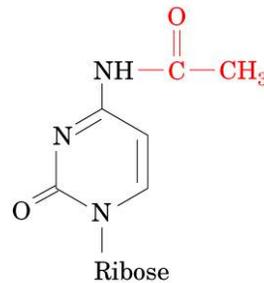


4-Thiouridine (s⁴U)

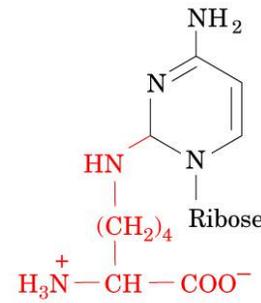
Cytosine derivatives



3-Methylcytidine (m³C)



N⁴-Acetylcytidine (ac⁴C)



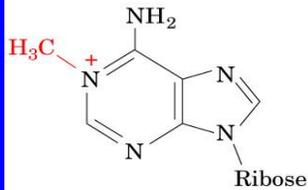
Lysidine (L)

RNA de transferencia

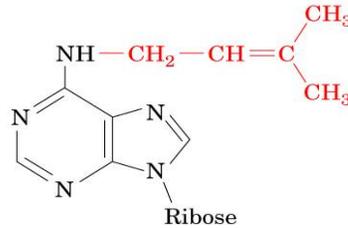
Son cadenas sencillas de entre 73 y 93 nucleótidos.

Contienen muchas bases poco comunes (de 7 a 15 por molécula).

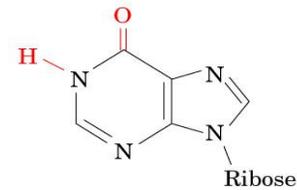
Adenine derivatives



1-Methyladenosine (m¹A)

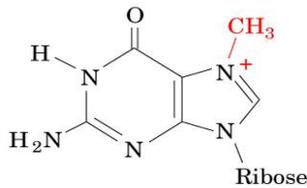


N⁶-Isopentenyladenosine (i⁶A)

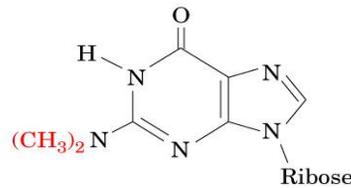


Inosine (I)

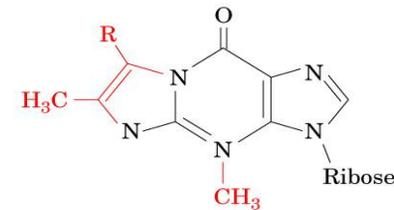
Guanine derivatives



N⁷-Methylguanosine (m⁷G)



N²,N²-Dimethylguanosine (m₂²G)



R = H Wyosine (Wyo)

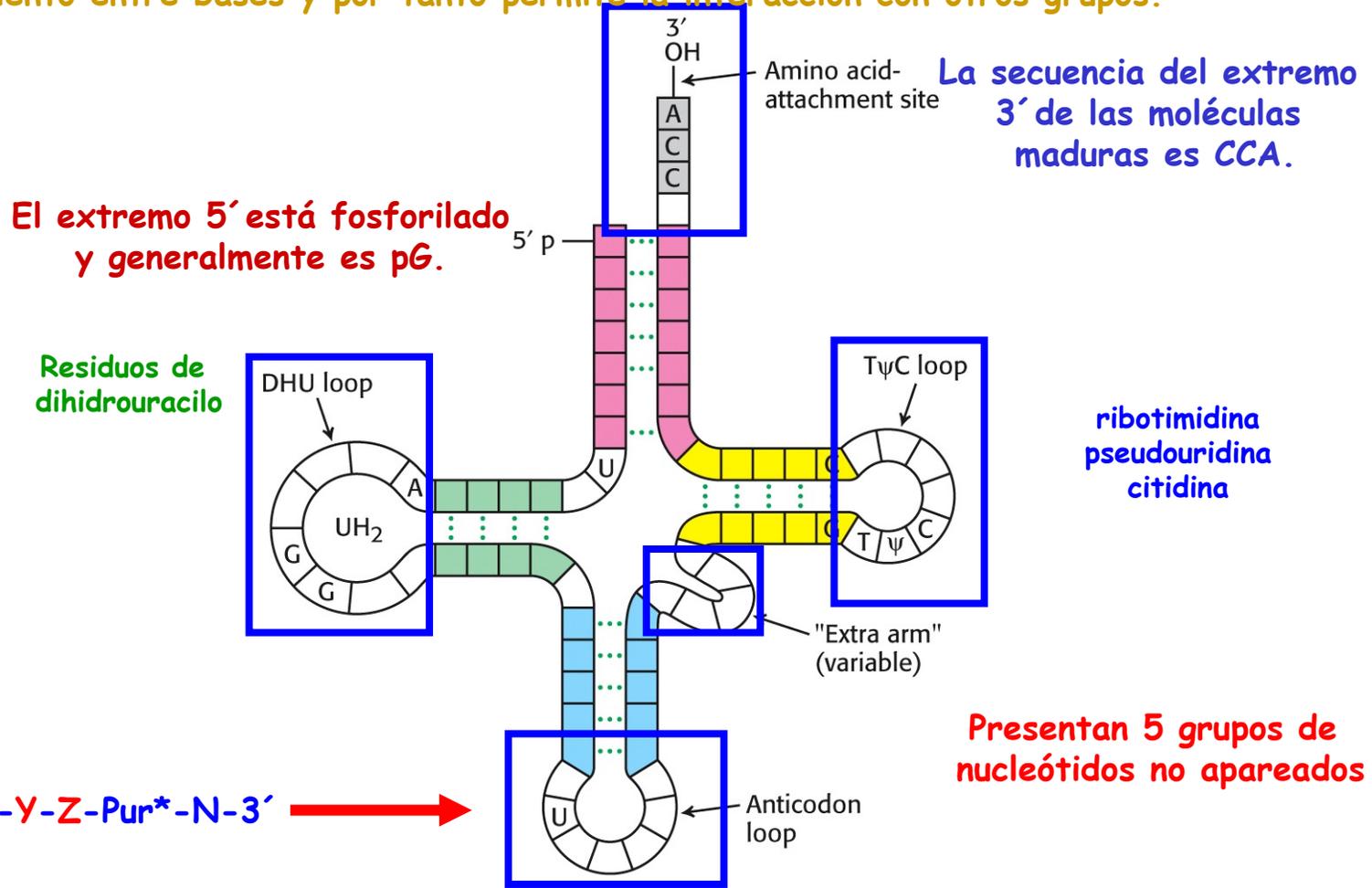


RNA de transferencia

Son cadenas sencillas de entre 73 y 93 nucleótidos.

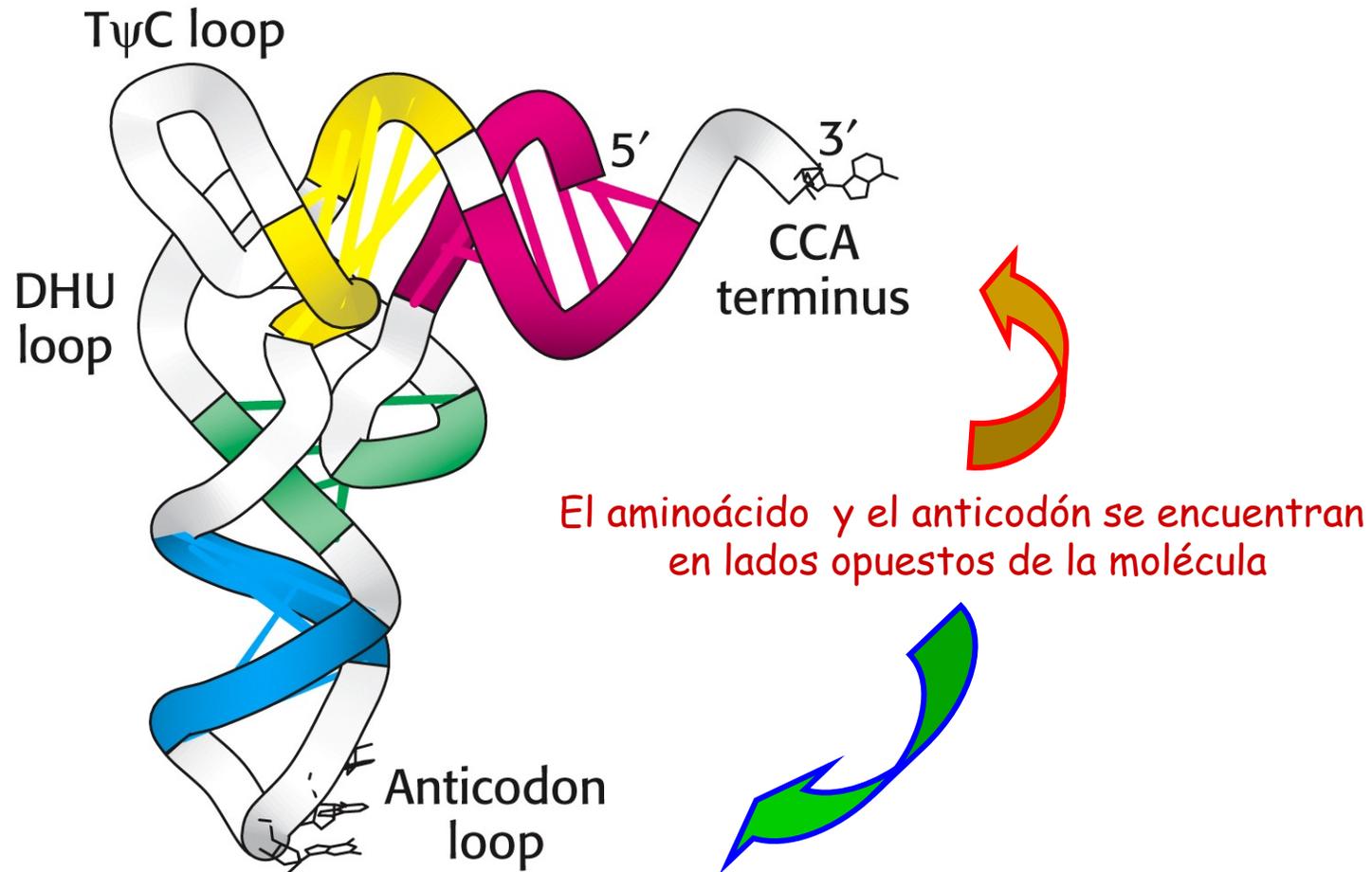
Contienen muchas bases poco comunes (de 7 a 15 por molécula).

Evita el apareamiento entre bases y por tanto permite la interacción con otros grupos.

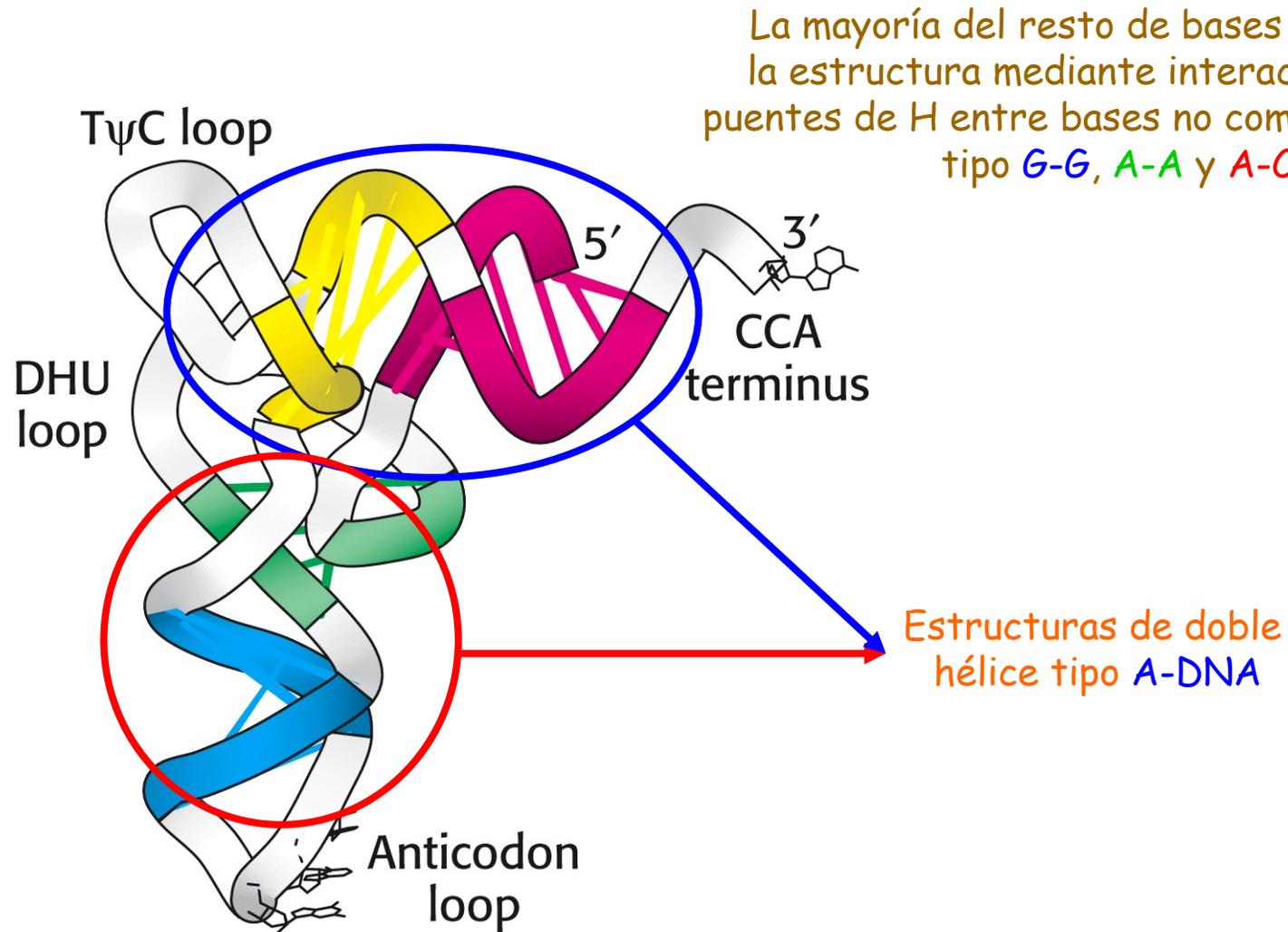


RNA de transferencia

Estructura tridimensional



RNA de transferencia

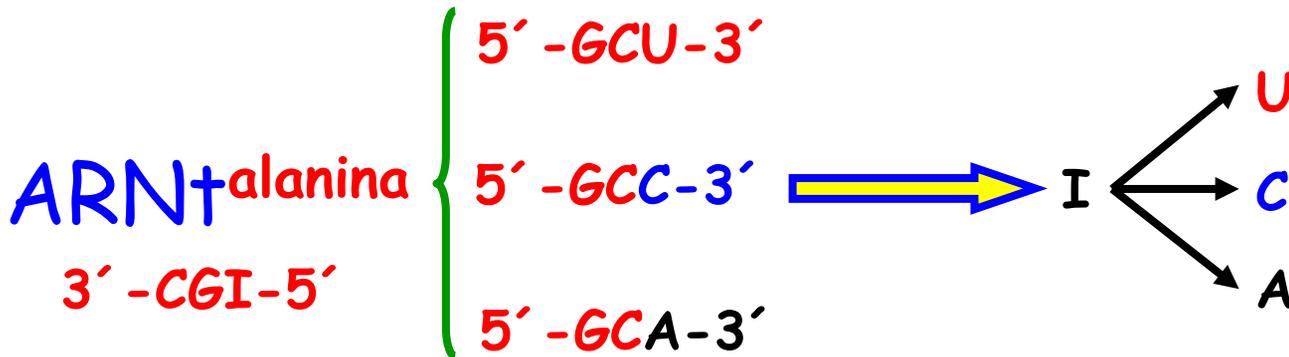


Hipótesis del balanceo

* El **codón** del ARNm es reconocido por el **anticodón** del ARNt.

* Algunas moléculas de ARNt pueden reconocer **más de un codón**.

¿Cómo ocurre?



* Esto ocurre porque el reconocimiento del tercer nucleótido del codón es **menos restrictivo desde el punto de vista estérico** que el de los dos primeros.

* Las modificaciones de las bases, tanto en el anticodón como en la **vecindad** influyen la capacidad de **apareamiento del anticodón-codón**.

Hipótesis del balanceo

- * El apareamiento de las dos primeras bases de los codones se hace de manera estándar.
- * Dos codones que difieran en alguna de sus dos primeras bases deben de ser reconocidos por ARNt diferentes.
- * La primera base de un anticodón determina que un ARNt pueda leer uno, dos o tres tipos de codones.

TABLE 29.3 Allowed pairings at the third base of the codon according to the wobble hypothesis

First base of anticodon	Third base of codon
C	G
A	U
U	A or G
G	U or C
I	U, C, or A

Hipótesis del balanceo

- * Por tanto, parte de la **degeneración del código genético** se debe a la imprecisión del apareamiento (**balanceo wobble**) entre la primera base del codón y la tercera del anticodón.
- * Este hecho explica la **ventaja evolutiva** que representa la presencia de un gran número de **nucleótidos modificados en el ARNt**, como es el caso de la **Inosina**.

FIN