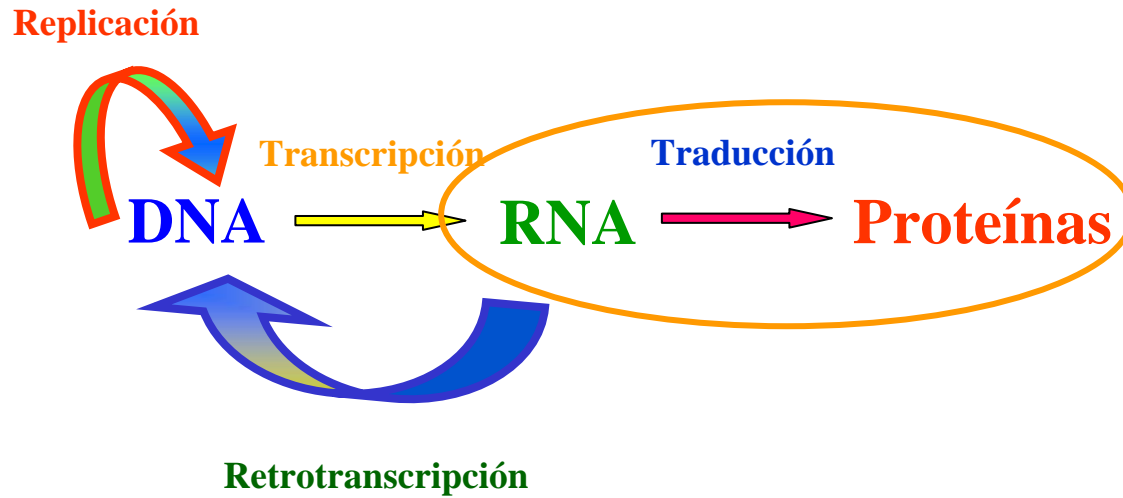


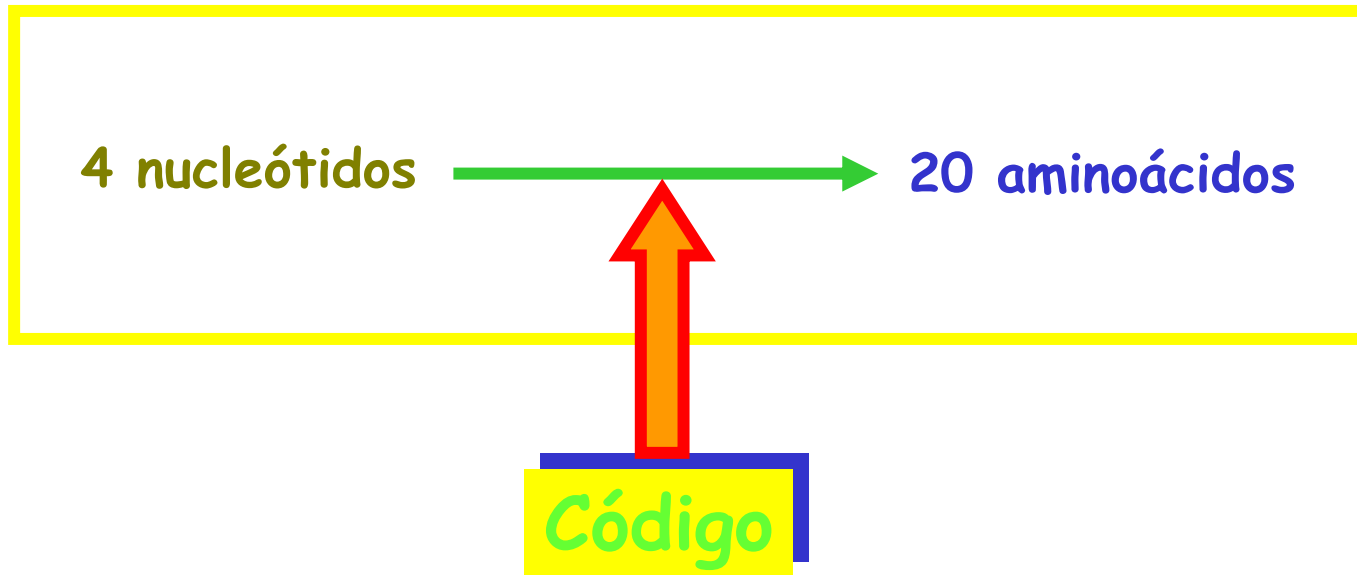


# Flujo de información genética



## 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).

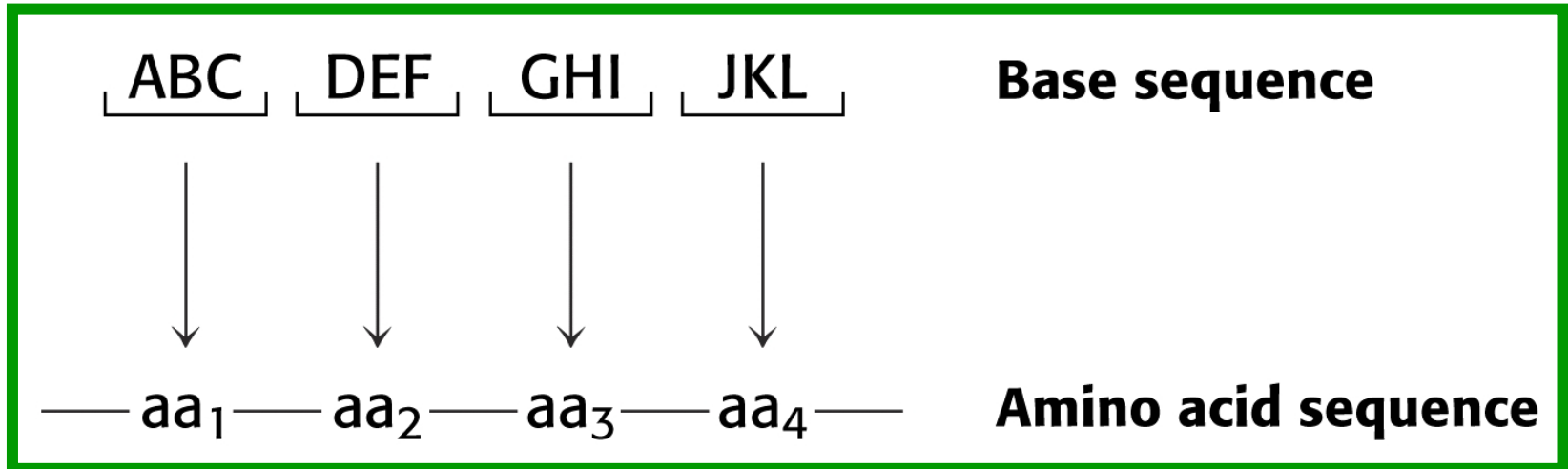
Pequeñas excepciones

**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

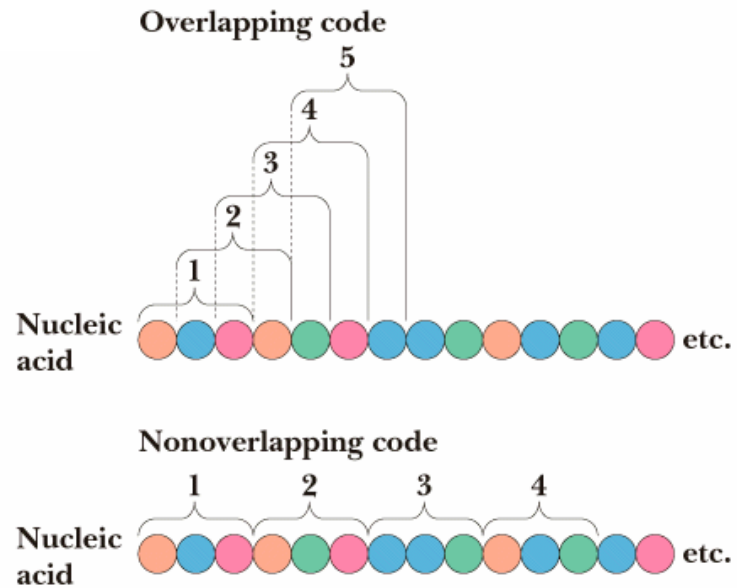
## Código genético

\* Tres nucleótidos **codifican un aminoácido.**



## Código genético

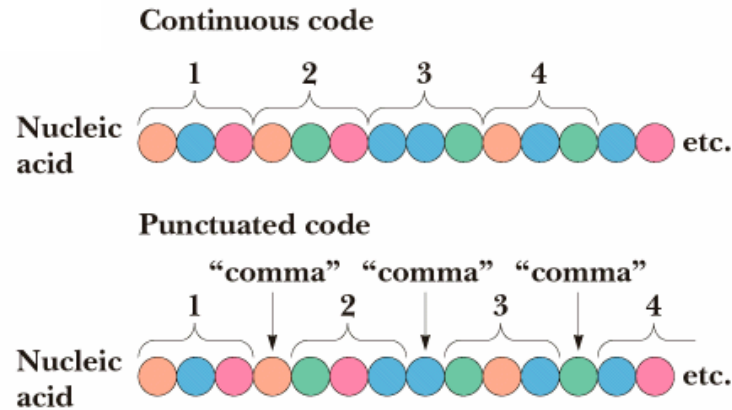
\* Los tripleteos no se leen de forma superpuesta.





## 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	C	A	G	U
	Phe	Ser	Tyr	Cys	C
	Phe	Ser	Tyr	Cys	A
	Leu	Ser	Stop	Stop	G
	Leu	Ser	Stop	Trp	
C	Leu	Pro	His	Arg	U
	Leu	Pro	His	Arg	C
	Leu	Pro	Gln	Arg	A
	Leu	Pro	Gln	Arg	G
A	Ile	Thr	Asn	Ser	U
	Ile	Thr	Asn	Ser	C
	Ile	Thr	Lys	Arg	A
	Met	Thr	Lys	Arg	G
G	Val	Ala	Asp	Gly	U
	Val	Ala	Asp	Gly	C
	Val	Ala	Glu	Gly	A
	Val	Ala	Glu	Gly	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;
```

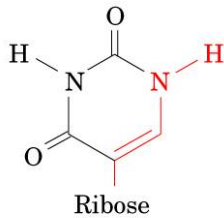
\* Tiene forma de L.

## RNA de transferencia

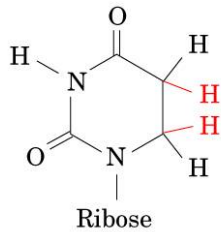
Son cadenas sencillas de entre 73 y 93 nucleótidos.

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

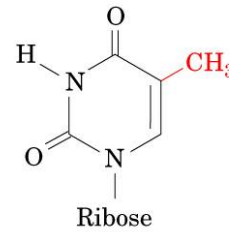
### Uracil derivatives



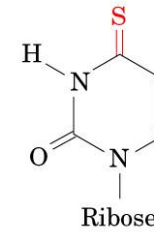
Pseudouridine ( $\psi$ )



Dihydrouridine (D)

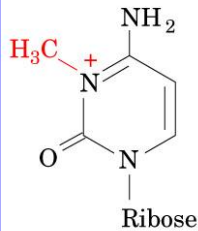


Ribothymidine (T)

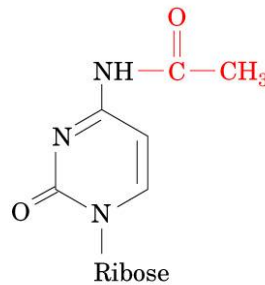


4-Thiouridine ( $s^4U$ )

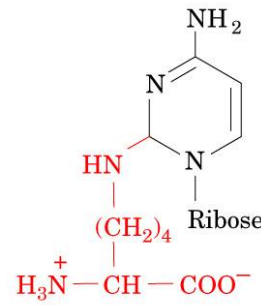
### Cytosine derivatives



3-Methylcytidine ( $m^3C$ )



$N^4$ -Acetylcytidine ( $ac^4C$ )



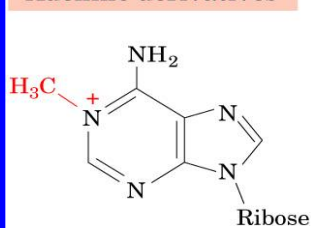
Lysidine (L)

## RNA de transferencia

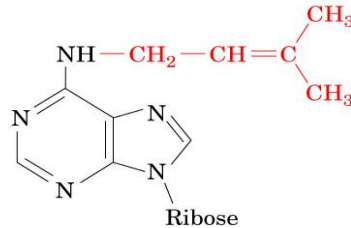
Son cadenas sencillas de entre 73 y 93 nucleótidos.

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

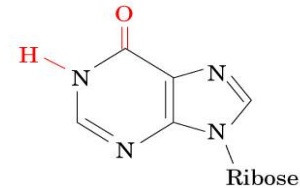
### Adenine derivatives



1-Methyladenosine (m<sup>1</sup>A)

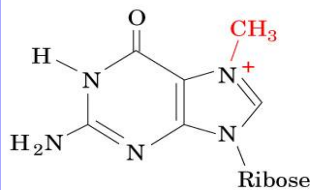


N<sup>6</sup>-Isopentenyladenosine (i<sup>6</sup>A)

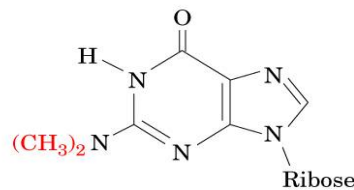


Inosine (I)

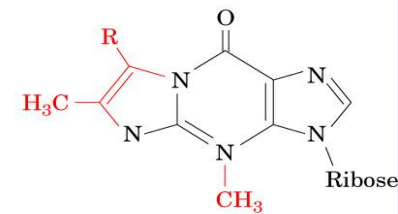
### Guanine derivatives



N<sup>7</sup>-Methylguanosine (m<sup>7</sup>G)



N<sup>2</sup>,N<sup>2</sup>-Dimethylguanosine (m<sub>2</sub><sup>2</sup>G)



R = H Wyosine (Wyo)

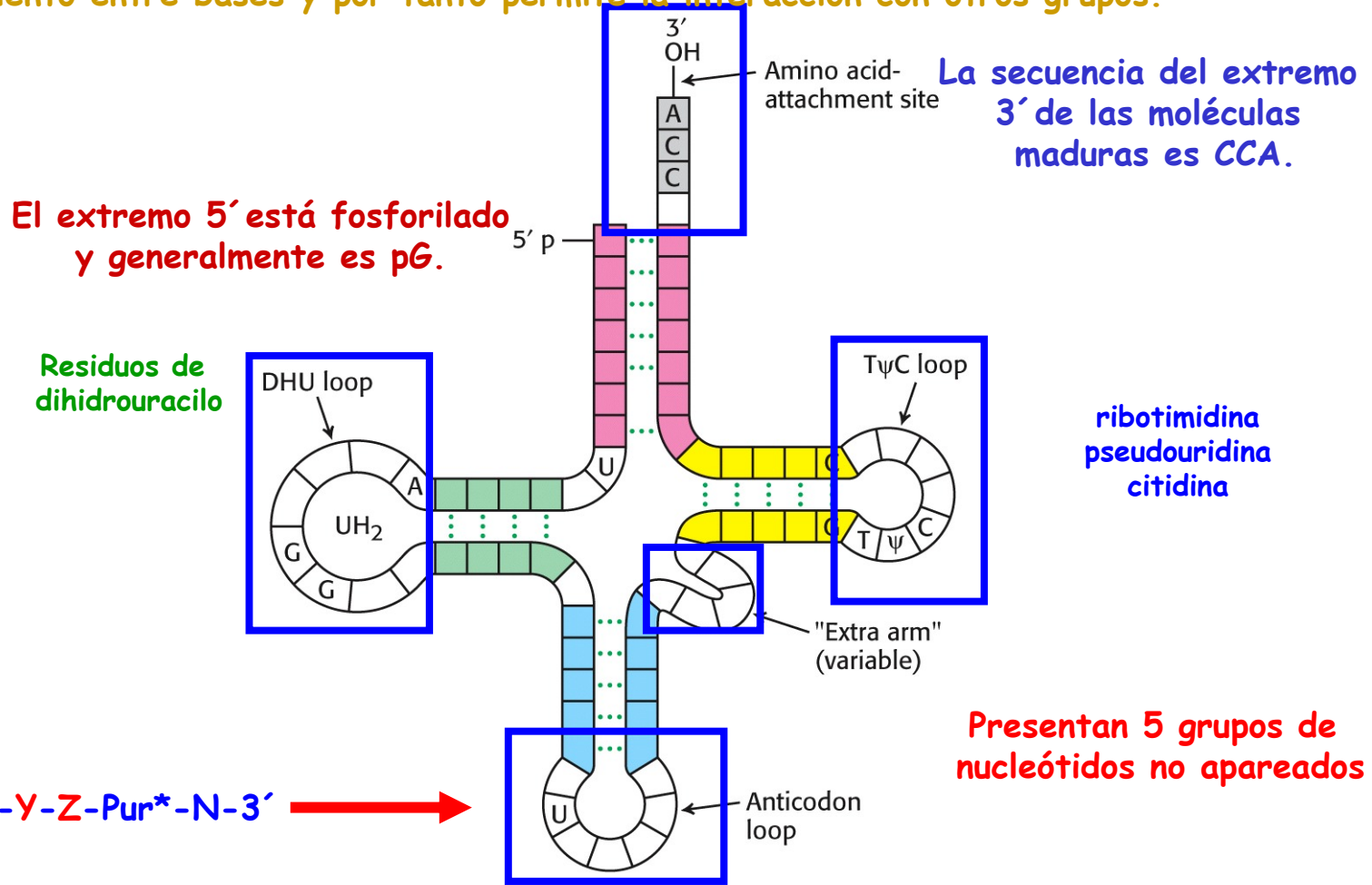


# RNA de transferencia

Son cadenas sencillas de entre 73 y 93 nucleótidos.

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

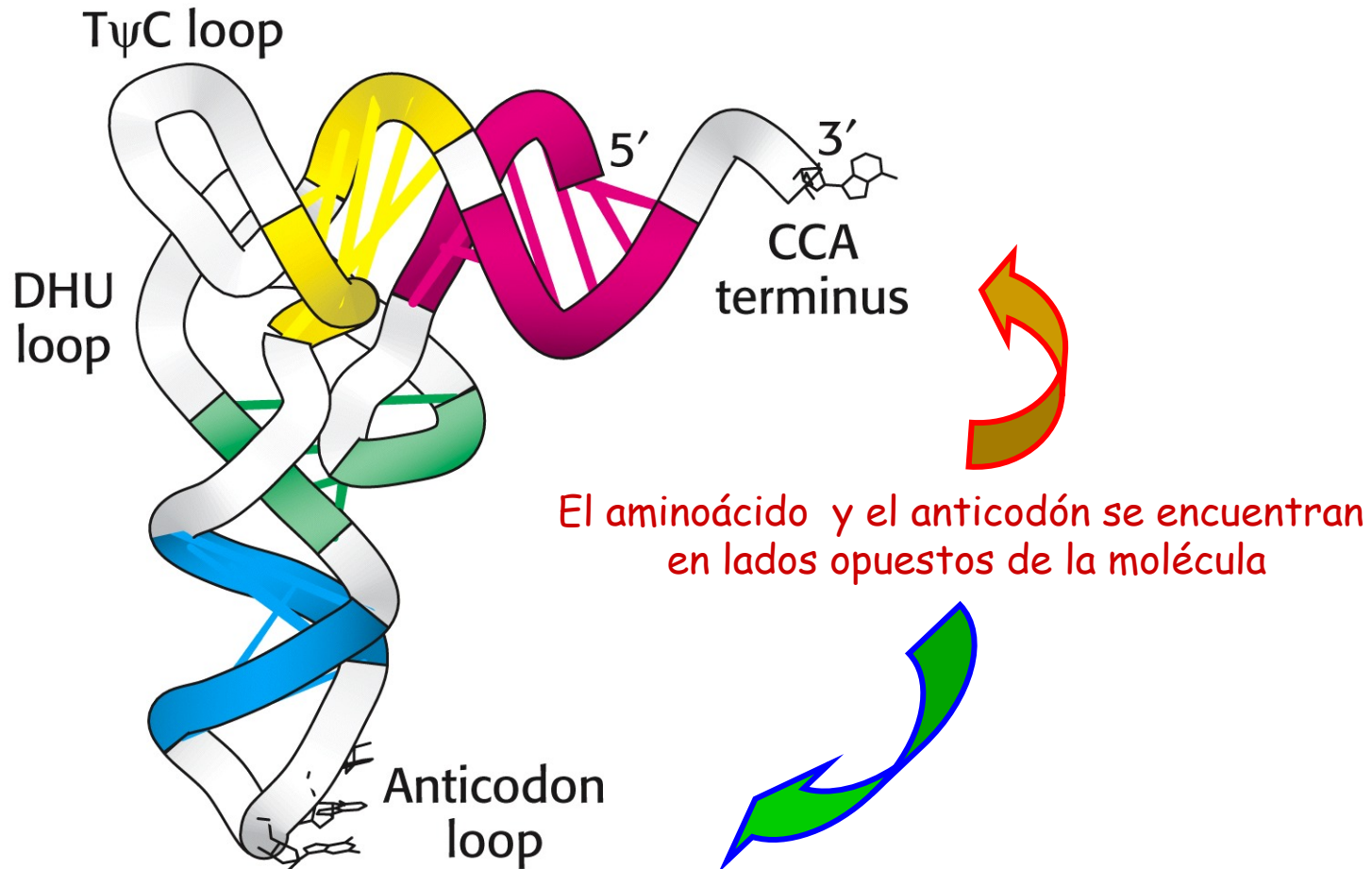
Evita el apareamiento entre bases y por tanto permite la interacción con otros grupos.



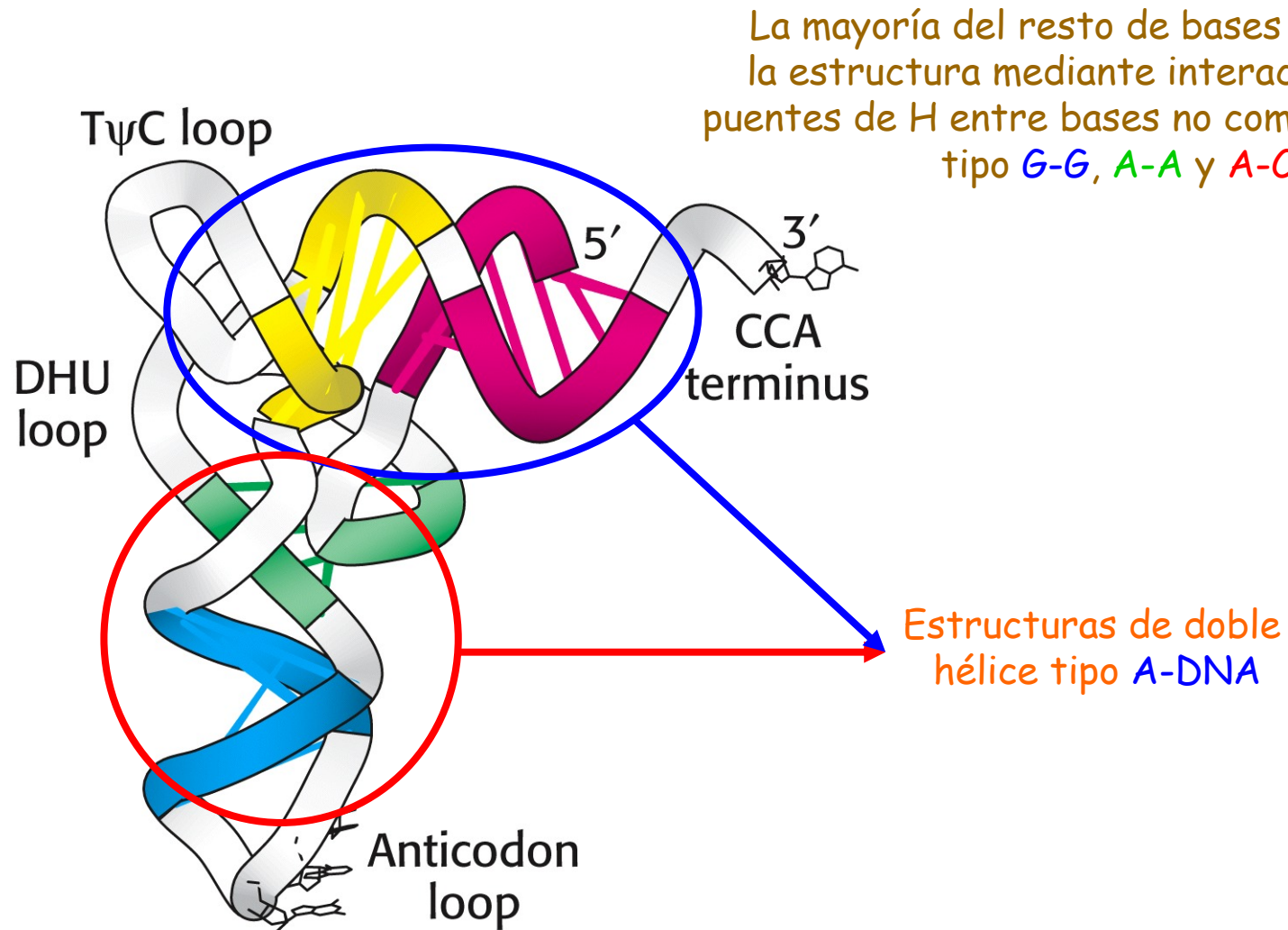


# RNA de transferencia

## 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**.



\* 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