

Maquinaria de síntesis de las proteínas

- ⇒ **Ribosomas** (polisomas): sustrato físico de la síntesis proteica.
- ⇒ **Aminoácidos** (20) "activados" → unidos a los ARNs de transferencia, sino no valen.
- ⇒ **ARN_t** (40-60)
- ⇒ **Aminoacil-ARN_t-sintetasas** "específicas" → responsables de la gran fidelidad de la traducción.
 - ⇒ Específicas. Responsables de la gran fidelidad de la traducción.
- ⇒ **ARN_m** → plantilla que indica qué aminoácidos en qué orden y cantidad se usará. Degradación rápida.
- ⇒ **Factores de iniciación** (IF-1, IF-2 e IF-3)
- ⇒ **Factores de elongación** (EF-Tu, EF-Ts y EF-G)
- ⇒ **Factores de terminación** (RF-1, RF-2 y RF-3)
- ⇒ **Peptidil transferasa**: forma el enlace peptídico. ARN del ribosoma: ARN catalítico.
- ⇒ **Codones de inicio** (AUG, GUG)
 - ⇒ AUG: codón de inicio situado en un punto concreto de ARN_m
 - ⇒ GUG: excepcionalmente.
- ⇒ **Codones de terminación** (UAA, UAG, UGA)
- ⇒ **Mg²⁺, ATP y GTP** (se rompen 4 enlaces de alta energía por cada aminoácido que se incorpora).
- ⇒ **CAPACIDAD CORRECTORA "FIDELIDAD"**
 - ⇒ Alto consumo de energía en el proceso. Con la capacidad correctora se consigue un gran ahorro energético.
 - ⇒ Dos mecanismos de corrección de errores
- ⇒ **Lectura del ARN_m** 5' → 3'
- ⇒ **Síntesis de la proteína** NH₂ → COOH
- ⇒ **Localización** del proceso en el **citoplasma**

Generalidades

- ⇒ La traducción se inicia en un codón de iniciación (AUG o GUG). Mayoritariamente se inicia en un codón AUG, con lo que el primer aminoácido de la cadena polipeptídica SIEMPRE es la metionina.
- ⇒ La metionina podrá ser eliminada de la cadena, la mayoría de veces será así, en procesos de modificación post-traduccionales.
- ⇒ **CÓDIGO GENÉTICO**: Relación que existe entre la secuencia de **nucleótidos** y los **aminoácidos** de la secuencia polipeptídica.
- ⇒ **Tres nucleótidos** formarán un codón o **tripleto**, el cual constituye la unidad fundamental del código.
- ⇒ El **código** es **secuencial**, lo que quiere decir que no existe superposición de tripletes.
 - ⇒ P.Ej. La secuencia AUGAUUTCG los codones se leerían AUG-AUU-TCG sin cruzar los primeros nucleótidos con los siguientes y viceversa.
- ⇒ **No hay paradas intermedias**, la señal de STOP detiene la traducción de ese polipéptido y no vuelve a retomarse.
- ⇒ **Degenerado**: La entrada de un aminoácido que puede venir codificado por más de un codón.
 - ⇒ Sin embargo no es ambiguo. El que codifica un aminoácido coloca sólo ese aminoácido.
- ⇒ **CODONES SINÓNIMOS**: **codones que codifican para la entrada de un mismo aminoácido**.
 - ⇒ Normalmente comparten las dos primeras bases del codón.
 - ⇒ El apareamiento de la tercera base codón-anticodón es más débil, por razones estéricas. "Balanceo de la tercera base". Con las dos primeras bases el apareamiento es mucho más fuerte.
- ⇒ Es **universal**, pero existen excepciones:
 - ⇒ Orgánulos (mitocondrias y cloroplastos)
 - ⇒ Algunos microorganismos inferiores.
 - ⇒ De todas formas siempre son PEQUEÑOS cambios.
- ⇒ **Primer código genético**, existe un segundo código:
 - ⇒ El **segundo código** indica la correspondencia **anticodón-aminoácido**. Especificidad entre el ARN_t y los aminoácidos.
- ⇒ Se usarán **cuatro enlaces rico energéticos** por cada aminoácido enlazado.