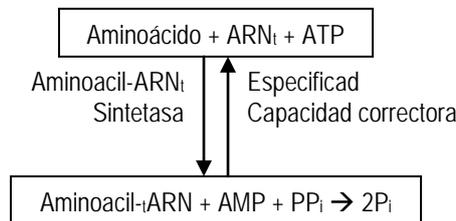


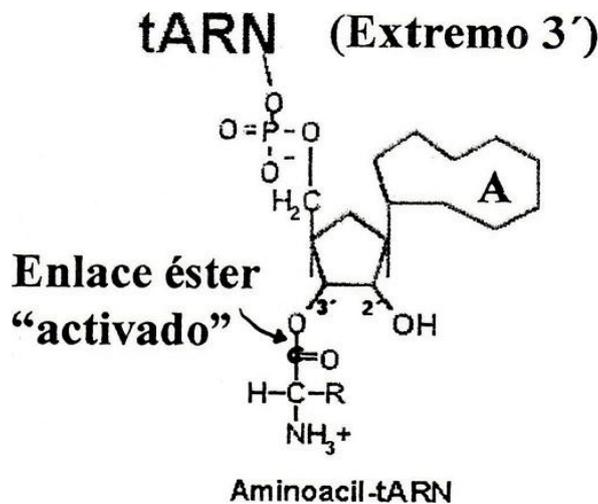
Introducción

- ⇒ Fases de la traducción
 - ⇒ Cinco fases
 - ⇒ **Activación:** unión de cada aminoácido a su ARN_i correspondiente.
 - ⇒ **Iniciación:**
 - ⇒ Colocamos la maquinaria biosintética
 - ⇒ El primer aminoácido que formará la cadena polipeptídica.
 - ⇒ **Elongación:** se coloca el resto de aminoácidos que componen la cadena polipeptídica y se unirán mediante enlaces peptídicos.
 - ⇒ **Terminación:**
 - ⇒ Se deja de incorporar aminoácidos
 - ⇒ Se desmonta la maquinaria biosintética.
 - ⇒ **Maduración:** transformaciones de la cadena polipeptídica para formar una proteína funcional.

Activación de los aminoácidos



- ⇒ Se consumen dos enlaces rico energéticos.

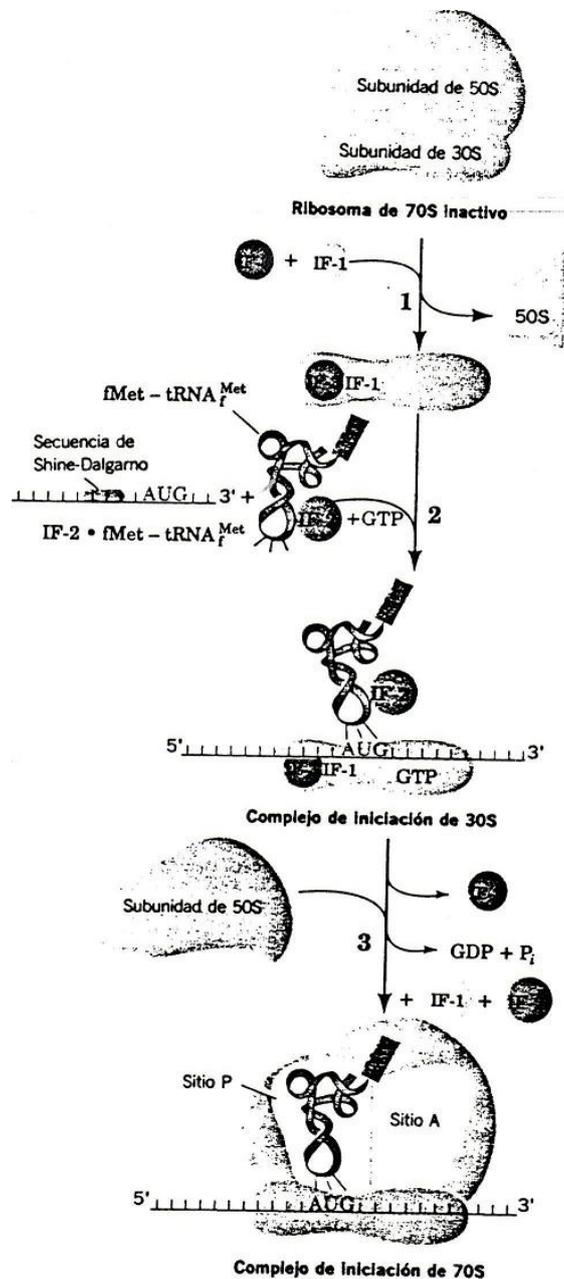


- ⇒ La secuencia final del ARN_i es siempre CCA.
- ⇒ **Enlace éster "activado"**: entre el extremo C-t del aminoácido y el extremo 3' o 2' con el nucleótido.
 - ⇒ Se ha utilizado energía del ATP.
- ⇒ El enlace peptídico se formará mediante la energía que contiene el enlace éster "activado", formado con los dos enlaces del ATP.
- ⇒ Si el enzima comprueba que ha unido un aminoácido a un ARN_i incorrecto, rompe el enlace y lo vuelve a sintetizar.
 - ⇒ Durante las reacciones la enzima cambia de conformación, si en el nuevo centro activo coinciden todos los sustratos es correcto, sino la enzima se libera y reinicia las reacciones.

Fase de iniciación

- ⇒ Señal de inicio AUG, por donde comenzará la traducción:

- ⇒ Metionina (eucariotas)
- ⇒ Formilmetionina (procariotas)
- ⇒ Existen dos ARN_i distintos para la metionina, según si son iniciales o internas.
- ⇒ Codón AUG particular diferente para procariotas y eucariotas.
- ⇒ Procariotas: codón iniciador:
 - ⇒ Para que el codón AUG se reconozca como secuencia de inicio debe haber una **secuencia de purinas** que precedan la secuencia AUG, sólo así será considerado codón de inicio.
 - ⇒ Esa secuencia de purinas (**Shine-Dalgarno**; consenso) es **complementaria** a una secuencia del ARN 16s ribosómico de la subunidad pequeña del ribosoma.
 - ⇒ Dispone al ribosoma sobre el codón de inicio de la traducción.
- ⇒ Eucariotas
 - ⇒ Una proteína **reconoce la cap** (caperuza) y el ribosoma se va desplazando hasta encontrar el **primer codón AUG** de la molécula y **comienza** el proceso de traducción.
- ⇒ En **procariotas** un solo ARN_m puede dar diferentes proteínas según los codones de AUG precedidos por secuencias Shine-Dalgarno → ARN_m **policistrónicos**.
- ⇒ En **eucariotas** no hay ARN_m **policistrónicos**.

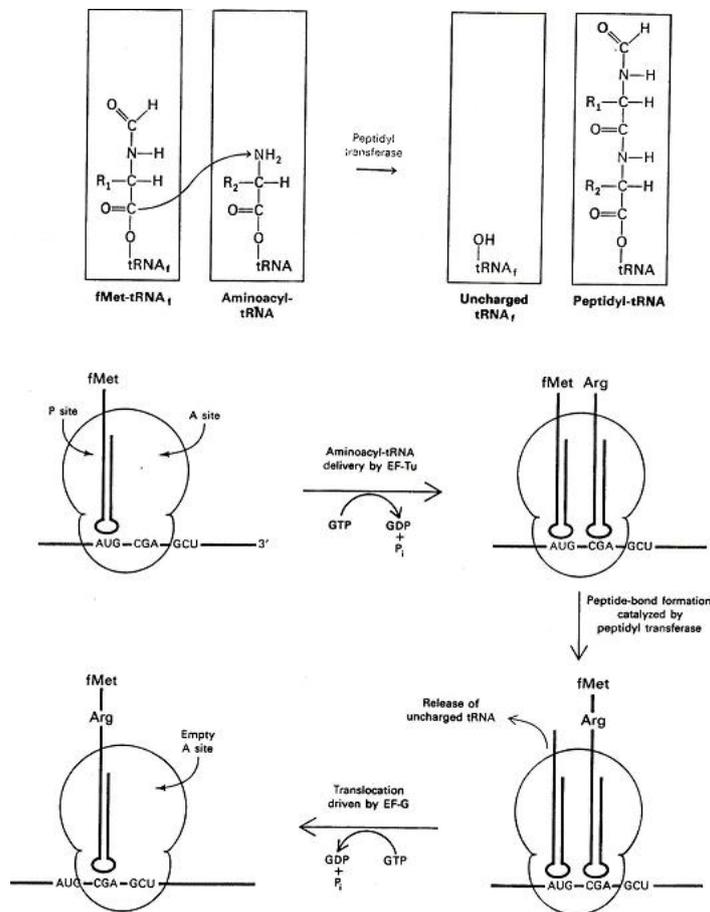


Montaje del ribosoma en procariontas

- ⇒ Para que las subunidades estén separadas tienen unidas las proteínas IF-1 e IF-3.
- ⇒ Con las **subunidades separadas**, el ARN_m se une a la **subunidad pequeña** y el ARN_i con la **formilmetionina**.
- ⇒ El ARN_i irá **transportado por el factor iniciador IF-2**, en presencia de una molécula de GTP que proporcione la energía necesaria para realizar el proceso → **COMPLEJO DE INICIACIÓN 30s**.
- ⇒ Para completar la unidad de traducción falta **unir la subunidad 50s** del ribosoma.
- ⇒ Cuando el 50s se une a la unidad pequeña, se **desprenden todos los factores de inicio** y se rompe la molécula de GTP a GDP + P_i.

Fase de elongación

- ⇒ Se coloca el resto de aminoácidos que formen la cadena polipeptídica y se va a unir mediante los enlaces peptídicos.
- ⇒ La fase de elongación es un ciclo que se repite cada vez que se incorpora un aminoácido.
 - ⇒ Para "n" aminoácidos se realizarán "n" ciclos.
- ⇒ Tres sitios: A, P y E.

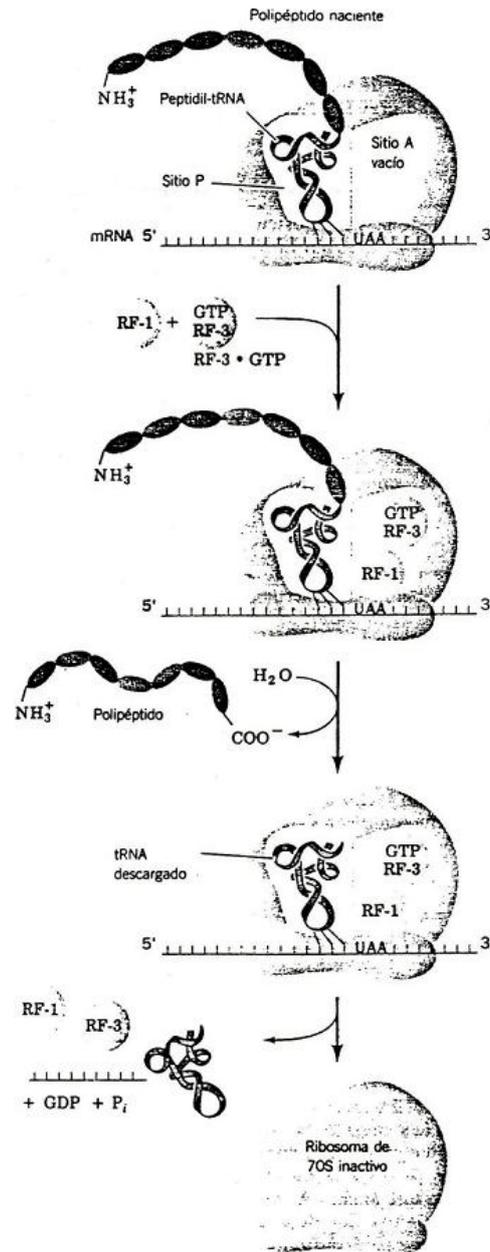


- ⇒ Va a ser el codón del sitio A el que indicará qué ARN_i podrá entrar al sitio A.
- ⇒ Colocación del ARN_i con el aminoácido correspondiente en función del codón, el factor de elongación **EF-Tu** transportará el ARN_i y el consumo de un enlace de GTP.
- ⇒ Sitio de **corrección de errores**: si se coloca un ARN_i equivocado, se corrige y se repara, ya que el tiempo que tarda el GTP en hidrolizarse se aprovecha en realizar una doble lectura del ARN_i.
- ⇒ Los aminoácidos se unen mediante un **enlace peptídico** que está catalizado por la **Peptidil transferasa** (realizado mediante un ARN de la subunidad ribosomal)
 - ⇒ Péptido + 1 aminoácidos.
- ⇒ Desplazamiento del ribosoma un codón 5' → 3' (translocación) catalizado por la EF-G o translocasa.

- ⇒ El factor EF-Ts tiene la función de recuperar el factor EF-Tu.
- ⇒ Coste energético (2 ATP al inicio "activación del aminoácido) y 2 GTP para la elongación.

Fase de terminación

- ⇒ Se dejan de poner aminoácidos y se desmonta la maquinaria.
- ⇒ Viene desencadenada por un triplete de terminación.
- ⇒ En el sitio A se colocan dos factores de terminación, RF-3, independientemente del codón de terminación, cargado con una molécula de GTP. IF-1 o IF-2 se colocan en función del codón de terminación, uno u otro.
 - ⇒ Estos factores alteran la estructura del ribosoma, se rompe el enlace éster que mantiene unida la cadena polipeptídica al ARN_t.
- ⇒ La cadena polipeptídica se libera.
- ⇒ Los componentes se liberan para ser reutilizados. El GTP del RF-3 se rompe y se liberan los componentes que formaban el complejo de traducción.
- ⇒ Para separar las subunidades del ribosoma se unen a los factores de iniciación IF-1 e IF-3.
- ⇒ **Cloranfenicol**: afecta a procariotas y eucariotas (está prohibido).
- ⇒ **Antibióticos antibacterianos**:
 - ⇒ Contra la síntesis de la pared bacteriana.
 - ⇒ Síntesis proteica



Modificaciones post-traduccionales de las cadenas polipeptídicas

- ⇒ **Objetivo:** dar funcionalidad a las cadenas polipeptídicas.
- ⇒ **Tipos:** muchos "específicos para cada proteína"
 - ⇒ **Plegamiento:** ayudado o no de chaperonas
 - ⇒ **Modificaciones de los extremos amino y/o carboxilo:** eliminación de la formilmetionina, acetilación del extremo amino.
 - ⇒ **Establecimiento de puentes disulfuro (S-S)**
 - ⇒ **Eliminación de secuencias de señalización que dirigen a las proteínas hacia sus destinos:** "péptido señal" (pre-proteína)
 - ⇒ **Eliminación de secuencias que mantienen a las proteínas inactivas:** pro-proteínas (proenzimas o zimógenos)
 - ⇒ **Unión de grupos prostéticos:** biotina, hemo, etc. La síntesis está coordinada, en función de la cantidad del grupo prostético se sintetiza más o menos proteína.
 - ⇒ **Unión de carbohidratos o lípidos.**
 - ⇒ **Modificación "covalente" de restos laterales de aminoácidos.** (Fundamental para la función de las proteínas) → modificaciones permanentes.
 - ⇒ Fosforilación de hidroxiaminoácidos (caseína)

- ⇒ Muchos grupos negativos, unión masiva de Ca^{2+}
- ⇒ **Metilación** (actina y miosina)
 - ⇒ Zonas hidrofóbicas para que interaccionen.
- ⇒ **Carboxilación** (restos de glutamato: protrombina)
- ⇒ **Hidroxilación**: proporciona estabilidad y fortaleza al colágeno.