

Etapas de la traducción

[Google Classroom](#)

Una revisión detallada sobre cómo se hacen los polipéptidos (proteínas). Iniciación, elongación y terminación.

Introducción

¿Alguna vez te has preguntado cómo los antibióticos matan a las bacterias, por ejemplo cuando tienes una infección sinusal? Los distintos antibióticos funcionan de diferentes maneras, pero algunos atacan un proceso muy básico en las células bacterianas: destruyen la capacidad de hacer proteínas nuevas.

Para usar algo de vocabulario de biología molecular, estos antibióticos bloquean la **traducción**. En el proceso de traducción, una célula lee información de una molécula llamada ARN mensajero (ARNm) y la utiliza para construir una proteína. La traducción sucede constantemente en una célula bacteriana normal, así como en la mayoría de las células de tu cuerpo, y es clave para mantenerte vivo a ti y a los "visitantes" bacterianos que tienes.

Cuando tomas ciertos antibióticos (p.ej. eritromicina), la molécula del antibiótico se acopla con moléculas clave para la traducción dentro de las células bacterianas y básicamente las "detienen". Sin la capacidad de formar proteínas, la bacteria dejará de funcionar y finalmente morirá. Es por esto que las infecciones se resuelven cuando se tratan con el antibiótico.

[\[¿Por qué la eritromicina no daña a los humanos?\]](#)

Las células necesitan la traducción para seguir vivas, y entender cómo funciona este proceso (para que podamos suspenderlo con antibióticos) nos puede salvar de las infecciones bacterianas. Echemos un vistazo a cómo sucede la traducción, desde el primer paso hasta el producto final.

Traducción: panorama general

La **traducción** implica "decodificar" un mensaje del ARN mensajero (ARNm) y utilizar su información para construir un **polipéptido** o cadena de aminoácidos. En la mayoría de los casos, un polipéptido no es más que una proteína (con la

diferencia técnica de que algunas proteínas grandes se conforman de varias cadenas de polipéptidos).

El código genético

En un ARNm, las instrucciones para construir un polipéptido vienen en grupos de tres nucleótidos llamados **codones**. A continuación tenemos algunas características clave de los codones que debemos tener en mente conforme avancemos:

- Hay 61 codones distintos para aminoácidos
- Tres codones de "alto" indican que el polipéptido ha terminado
- Un codón AUG, es la señal de "inicio" para comenzar la traducción (además especifica el aminoácido metionina).

Estas relaciones entre los codones del ARNm y los aminoácidos se conoce como el **código genético** (que puedes explorar más en el artículo sobre el [código genético](#)).

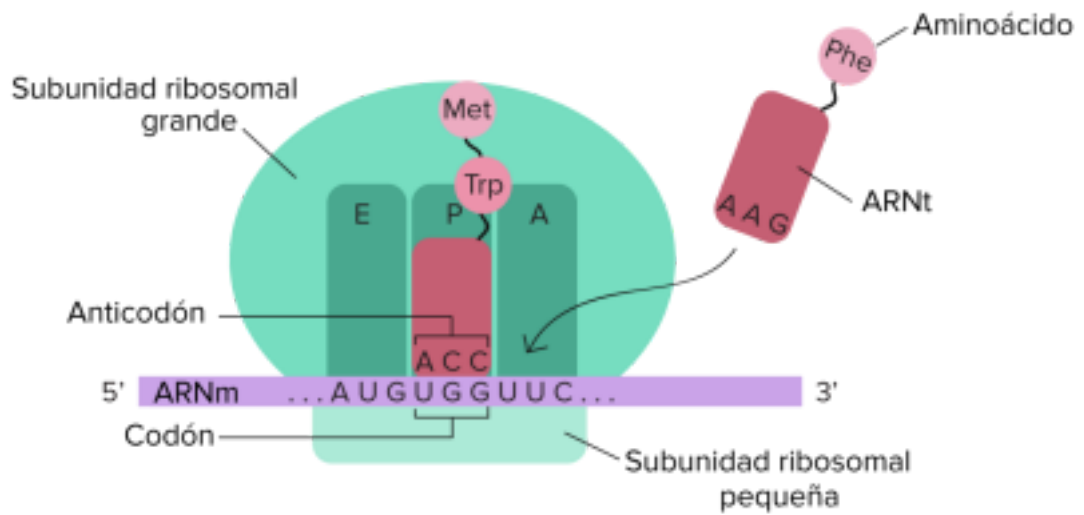
[\[Consulta la tabla completa de codones\]](#)

De los codones a los aminoácidos

En la traducción, los codones de un ARNm se leen en orden (del extremo 5' al extremo 3') mediante moléculas llamadas **ARNs de transferencia** o **ARNt**.

Cada ARNt tiene un **anticodón**, un conjunto de tres nucleótidos que se une a un codón de ARNm correspondiente a través del apareamiento de bases. El otro extremo del ARNt lleva el aminoácido que especifica el codón.

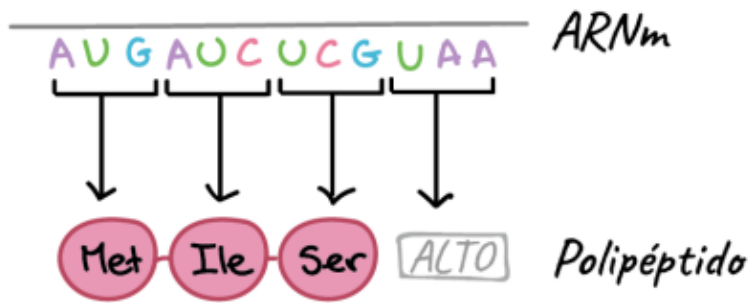
[\[¿Qué significan 5', 3', y apareamiento de bases?\]](#)



Los ribosomas proporcionan el espacio en el que el ARNm puede interactuar con los ARNt que llevan los aminoácidos. Hay tres lugares en el ribosoma donde se unen los ARNt: el sitio A, el P y el E. El sitio A acepta un ARNt entrante unido a un aminoácido. El sitio P contiene el ARNt que lleva el polipéptido creciente (el primer aminoácido que se agrega es la metionina (Met)). El sitio E es donde un ARNt se coloca cuando se ha vaciado, es decir, cuando ha transferido su polipéptido a otro ARNt (que ahora ocupa el sitio P). En el diagrama, el ARNt vacío ya ha salido del sitio E y por eso no se muestra.

Imagen modificada de "[Translation: Figure 3](#)", de OpenStax College, Biología ([CC BY 4.0](#)).

Los ARNt se unen a los ARNm dentro de una estructura de proteína y ARN llamada **ribosoma**. A medida que los ARNt entran a los espacios en el ribosoma y se unen a los codones, sus aminoácidos se unen a la cadena de polipéptidos creciente en una reacción química. El resultado final es un polipéptido cuya secuencia de aminoácidos refleja la secuencia de codones en el ARNm.



La secuencia del ARNm es:

5'-AUGAUCUCGUAA-5'

La traducción implica leer los nucleótidos del ARNm en grupos de tres, cada uno de los cuales especifica un aminoácido (o proporciona una señal de terminación que indica que ha finalizado la traducción).

3'-AUG AUC UCG UAA-5'

AUG →→ metionina AUC → isoleucina UCG → serina UAA →
"alto"

Secuencia del polipéptido: (extremo-N) metionina-isoleucina-serina (extremo C)

Ese es el panorama general de la traducción. Pero, ¿qué hay de los detalles sobre cómo inicia, procede y termina la traducción? Echemos un vistazo.

Traducción: comienzo, desarrollo y final

Un libro o una película tiene tres partes principales: un comienzo, un desarrollo y un final. La traducción tiene básicamente las mismas tres partes, pero tienen nombres más elegantes: iniciación, elongación y terminación.

- **Iniciación** ("comienzo"): en esta etapa el ribosoma se reúne con el ARNm y el primer ARNt para que pueda comenzar la traducción.
- **Elongación** ("desarrollo"): en esta etapa los ARNt traen los aminoácidos al ribosoma y estos se unen para formar una cadena.
- **Terminación** ("final"): en esta última etapa el polipéptido terminado es

liberado para que vaya y realice su función en la célula.

Veamos con más detalle cómo funciona cada etapa.

Iniciación

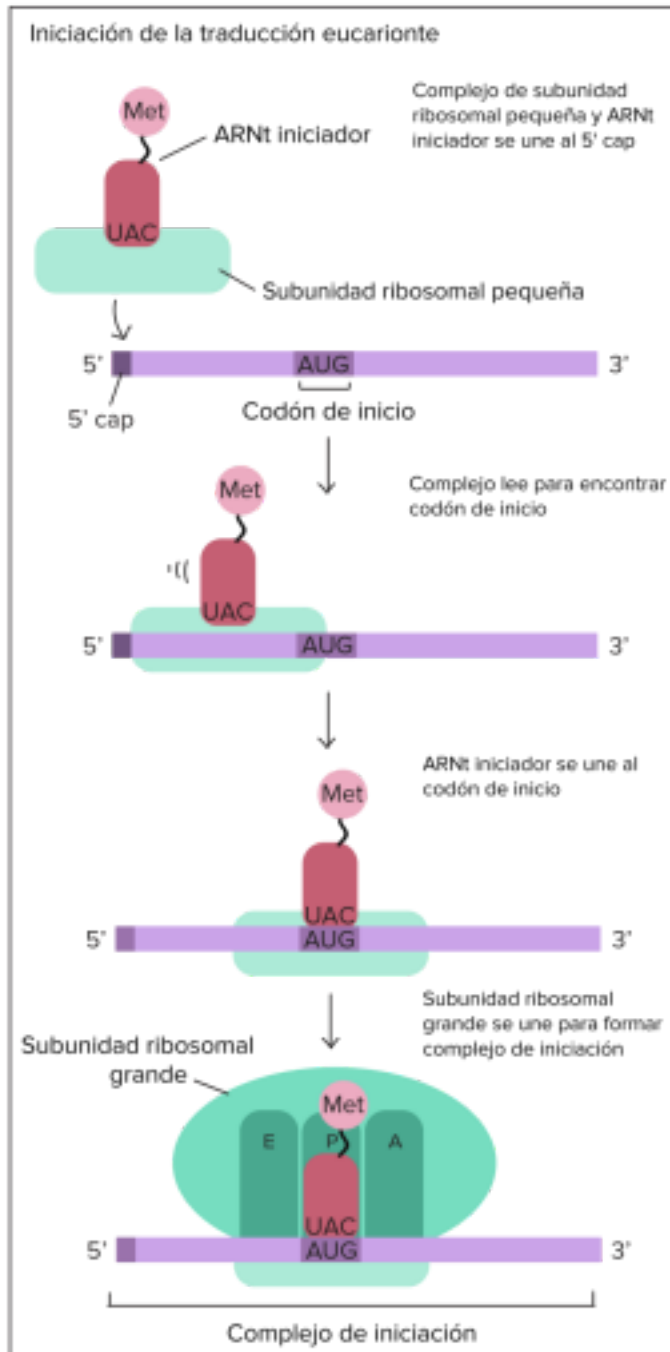
Para que pueda comenzar la traducción, necesitamos unos cuantos ingredientes clave; estos son:

- Un ribosoma (que viene en dos subunidades, grande y pequeña)
- Un ARNm con las instrucciones para la proteína que vamos a construir
- Un ARNt "de inicio" que lleva el primer aminoácido de la proteína, que casi siempre es metionina (Met)

Durante la iniciación, estas piezas deben reunirse justo de la forma correcta. Juntas, forman el **complejo de iniciación**, el ensamblaje molecular para comenzar a fabricar una nueva proteína.

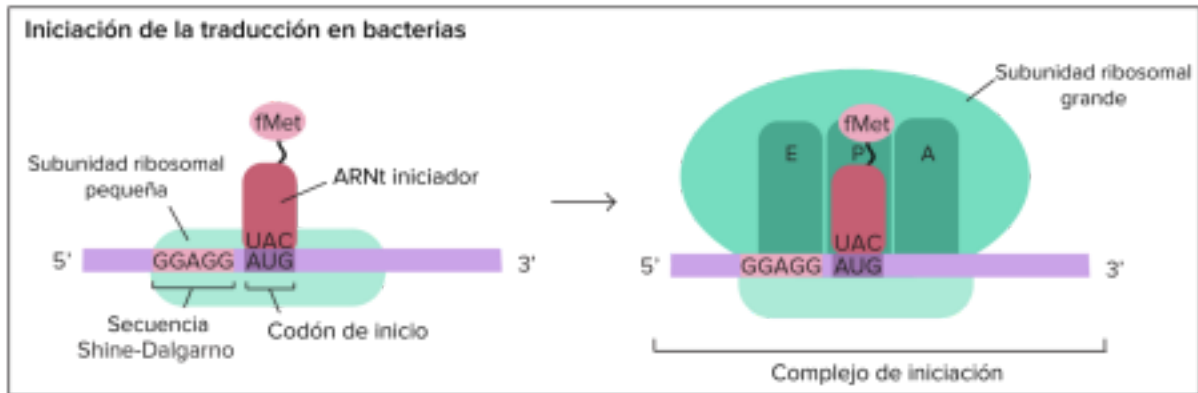
[\[¿Eso sucede así nada más?\]](#)

Dentro de tus células (y las células de otros eucariontes), la iniciación de la traducción sucede así: primero, el ARNt que lleva metioina se une a la subunidad ribosomal pequeña. Juntos, se unen al extremo 5' del ARNm al reconocer el casquete de GTP 5' (que se agregó durante el procesamiento en el núcleo). Luego, "caminan" sobre el ARNm en la dirección 3', y se detienen cuando llegan al codon de inicio (a menudo, pero no siempre, el primer AUG).



Basado en un diagrama similar en Berg et al

En bacterias, la situación es un poco distinta. Aquí, la subunidad ribosomal pequeña no comienza en el extremo 5' del ARNm y viaja hacia el extremo 3'. En lugar de ello, se une directamente a ciertas secuencias en el ARNm. Estas secuencias de **Shine-Delgarno** se encuentran justo antes de los codones de iniciación y "se los señalan" al ribosoma.



Iniciación de la traducción en bacterias:

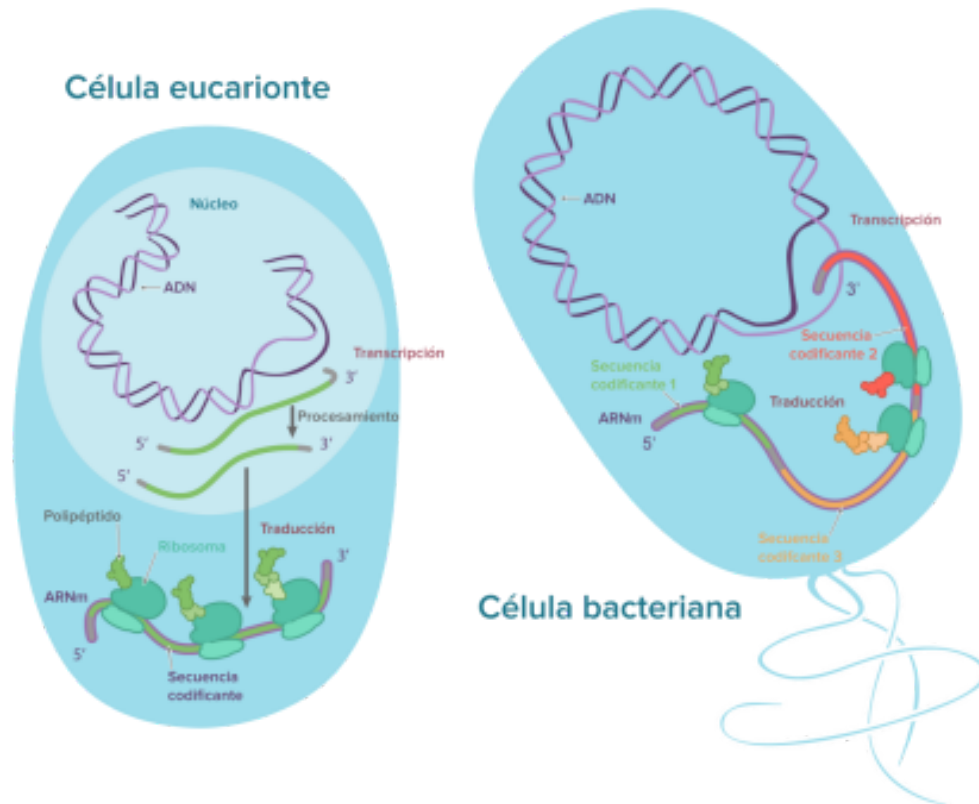
En los ARNm bacterianos se encuentra una secuencia rica en G/A llamada secuencia de Shine-Dalgarno ligeramente río arriba (5') del codón de inicio (AUG). La subunidad ribosomal pequeña reconoce y se une a la secuencia Shine-Dalgarno. La subunidad ribosomal pequeña también se une al ARNt iniciador (que lleva fMet), que forma pares de bases complementarios con el codón de inicio. Como se señaló en el texto, la subunidad ribosomal pequeña a veces puede unirse primero al ARNm (y luego al ARNt iniciador) y a veces al revés (primero al ARNt iniciador y luego al mRNA). La hipótesis actual es que el orden de estos eventos puede ser aleatorio.

Una vez que estos componentes se han asociado, la subunidad ribosomal grande se une a ellos. El ribosoma ensamblado con ARNm y unido al ARNt iniciador constituye el complejo de iniciación. El ARNt iniciador se encuentra en el sitio P del ribosoma ensamblado.

Las bacterias usan fMet (una metionina químicamente modificada) como el primer aminoácido.

¿Por qué usar las secuencias de Shine-Dalgarno? Los genes bacterianos frecuentemente se transcriben en grupos llamados operones, por lo que un ARNm bacteriano puede contener secuencias codificantes para varios genes. Una

secuencia de Shine-Delgarno marca el inicio de cada secuencia codificante, lo que permite que el ribosoma encuentre el codon de inicio correcto para cada gen.



Célula eucarionte:

- El ADN se transcribe para hacer ARN dentro del núcleo. El transcrito inicial de ARN se procesa en un ARNm maduro antes de ser exportado hacia el citosol.
- El ARNm contiene solo una secuencia codificante (que codifica solo un polipéptido).

Célula bacteriana:

- El ADN se transcribe para hacer un ARNm en el citosol. Los ribosomas pueden empezar a traducir el ARNm incluso antes de que se transcriba totalmente. No se necesita de procesamiento post-transcripcional.
- El ARNm contiene tres secuencias codificantes de tres genes distintos, cada uno codifica su propio polipéptido.

Elongación

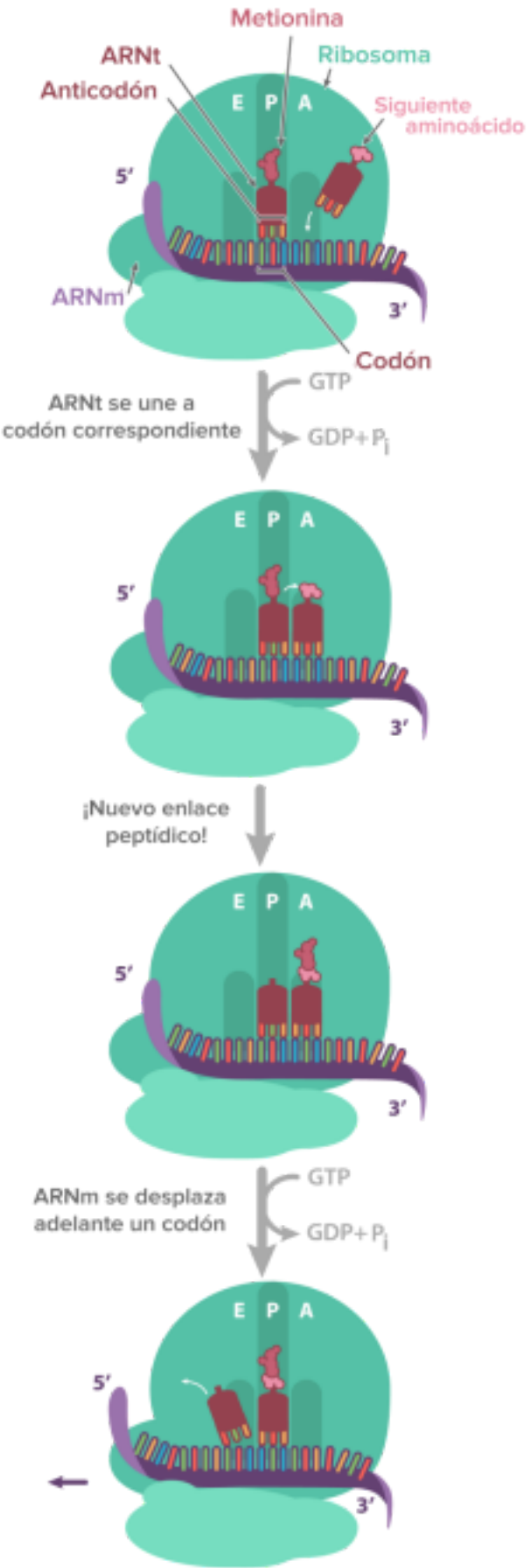
Me gusta recordar lo que sucede en esta etapa de "desarrollo" de la traducción a través de su nombre: la **elongación** se da cuando la cadena de polipéptidos aumenta su **longitud**.

Pero, ¿cómo crece realmente la cadena? Para averiguarlo, examinemos la primera ronda de elongación, una vez que se ha formado el complejo de iniciación, pero antes de que se hubieran unido aminoácidos para formar una cadena.

Nuestro primer ARNt, que lleva metionina, comienza en el espacio del centro del ribosoma, el llamado sitio P. Junto a él, está expuesto un nuevo codón, en otro hueco llamado sitio A. El sitio A será el "lugar de aterrizaje" para el siguiente ARNt, cuyo condón es la pareja perfecta (es complementario) del codón expuesto.

[¿Cómo se elige el ARNt correcto?](#)

Primera ronda de elongación



En la primera ronda de elongación, el aminoácido entrante se une a la metionina ya presente en el sitio de P del ribosoma. Esta acción inicia la producción del polipéptido. A continuación se describen los tres pasos de esta primera ronda de elongación.

1) Reconocimiento del codón: un ARNt entrante con un anticodón complementario al codón expuesto en el sitio A se une al ARNm. Se usa energía de GTP para aumentar la precisión del reconocimiento del codón.

2) Formación del enlace peptídico: se forma un enlace peptídico entre el aminoácido entrante (llevado por un ARNt al sitio A) y la metionina (del ARNt cargado con metionina unido al sitio P durante la iniciación). Esta acción pasa el polipéptido (los dos aminoácidos unidos) del ARNt del sitio P al ARNt del sitio A. El ARNt del sitio P ahora está "vacío" porque no tiene el polipéptido.

3) Translocación: el ribosoma se desplaza un codón sobre el ARNm hacia el extremo 3'. Esto cambia el ARNt del sitio A al sitio P y el ARNt del sitio P al sitio E. El ARNt vacío del sitio E sale entonces del ribosoma.

Una vez que el ARNt correspondiente se ha colocado en el sitio A, es hora de la acción: es decir, la formación del **enlace peptídico** que conecta un aminoácido con otro. Este paso transfiere la metionina del primer ARNt al aminoácido en el segundo ARNt en el sitio A.

No está mal. Ahora tenemos dos aminoácidos, ¡un polipéptido (muy pequeño)! La metionina forma el **extremo-N** del polipéptido, y el otro aminoácido es el **extremo-C**.

[¿Qué son los extremos-N y -C?](#)

Pero... es probable que queramos un polipéptido más largo que solo dos aminoácidos. ¿Cómo sigue creciendo la cadena? Una vez formado el enlace peptídico, el ARNm avanza a través del ribosoma exactamente un codón. Este avance permite que el primer ARNt, ahora vacío, salga a través del sitio E ("salida"). También expone un nuevo codón en el sitio A, de forma que todo el ciclo se pueda repetir.

Y desde luego que se repite... desde unas pocas veces ¡hasta la impresionante

cantidad de 33000 veces! La proteína titina, que se encuentra en tus músculos y es el polipéptido conocido más largo, puede tener hasta 33000 aminoácidos.

Terminación

Los polipéptidos, como todas las cosas buenas, deben llegar a su fin. La traducción finaliza en un proceso conocido como terminación. La terminación sucede cuando un codón de alto en el ARNm (UAA, UAG, o AGA) entra en el sitio A.

Proteínas llamadas **factores de liberación** reconocen los codones de terminación y caben perfectamente en el sitio P (aunque no sean ARNt). Los factores de liberación interfieren con la enzima que normalmente forma los enlaces peptídicos: hacen que agregue una molécula de agua al último aminoácido de la cadena. Esta reacción separa la cadena del ARNt, y la proteína que se acaba de formar se libera.

¿Qué sigue? Afortunadamente el "equipo" de la traducción es reutilizable. Después de que se separan las subunidades ribosomales grande y pequeña una de la otra y del ARNm, cada elemento puede participar (y generalmente lo hace rápidamente) en otra ronda de traducción.

Epílogo: el procesamiento

Ahora nuestro polipéptido tiene todos sus aminoácidos, ¿significa esto que está listo para realizar su función en la célula?

No necesariamente. Con frecuencia, los polipéptidos necesitan ser "editados". Durante la traducción y después de ella, los aminoácidos pueden ser alterados químicamente o eliminados. El nuevo polipéptido también se doblará en una estructura tridimensional distintiva, y puede unirse con otros polipéptidos para formar una proteína con muchas partes.

Muchas proteínas se doblan espontáneamente, pero algunas necesitan ayudantes ("chaperones") para evitar que se peguen de forma incorrecta durante el complejo proceso de plegamiento.

Algunas proteínas también necesitan secuencias de aminoácidos especiales que las

dirigen a ciertas partes de la célula. Estas secuencias, que a menudo se encuentran cerca de un extremo N- o C-terminal, se pueden considerar como el "boleto" de la proteína hacia su destino final. Para conocer más sobre cómo funciona esto, consulta el artículo sobre [señalización de proteínas](#). [\[Créditos y referencias\]](#)