

15.4. LA TRADUCCIÓN. SÍNTESIS DE PROTEÍNAS

Una vez transferida la información almacenada en el ADN a la molécula de ARNm (transcripción), esta se traslada al citoplasma, donde se une a los ribosomas, que son los encargados de traducir la información a una secuencia de aminoácidos que constituirán una proteína. Este proceso, denominado traducción, consta de una serie de pasos que de forma esquemática te mostramos en el primer subepígrafe.

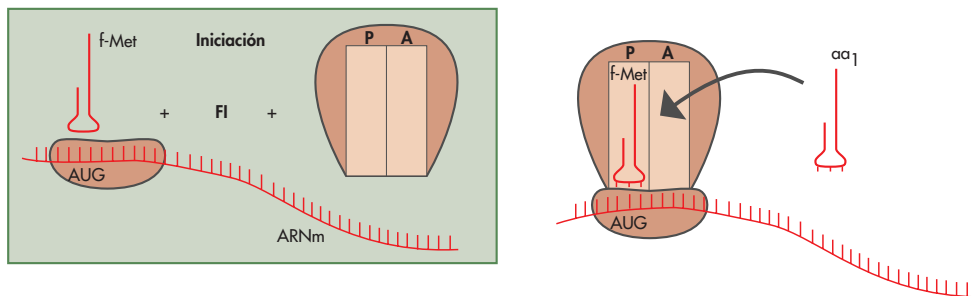
Por último y, como ampliación, un pequeño texto que refleja cómo muchos de los antibióticos que consumimos inhiben la síntesis proteica.

Esquema del proceso de la traducción

El proceso de síntesis de proteínas es similar en las células procariotas que en las eucariotas, pero se describe el proceso en bacterias ya que es el más conocido.

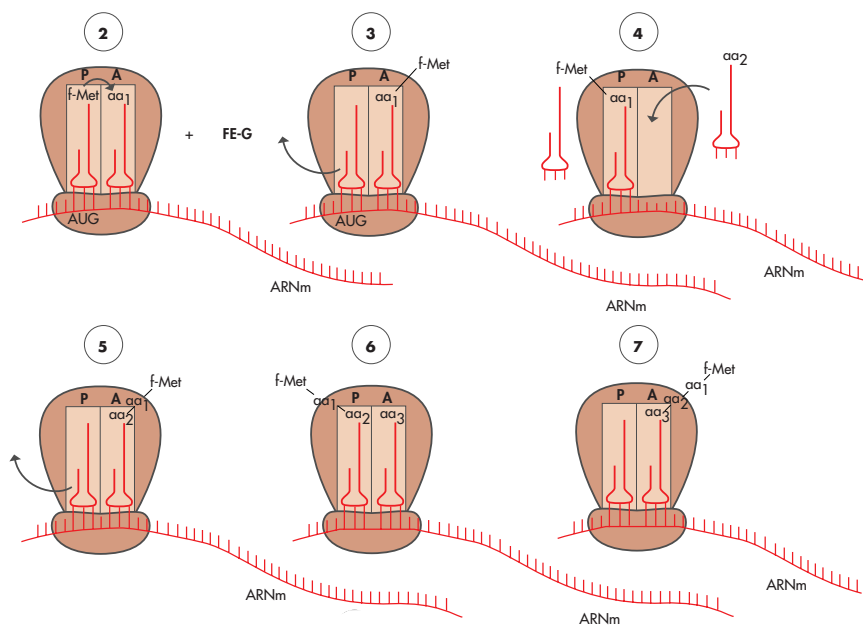
Primer paso: Iniciación

La subunidad pequeña del ribosoma se une al extremo 5' del ARNm. La primera molécula de ARN transferente que lleve el aminoácido modificado fMet, se une al codón de iniciación AUG. La subunidad mayor del ribosoma se coloca en su sitio con el ARN transferente en la zona peptídica (P). La región A (aminoacilica) está vacía.



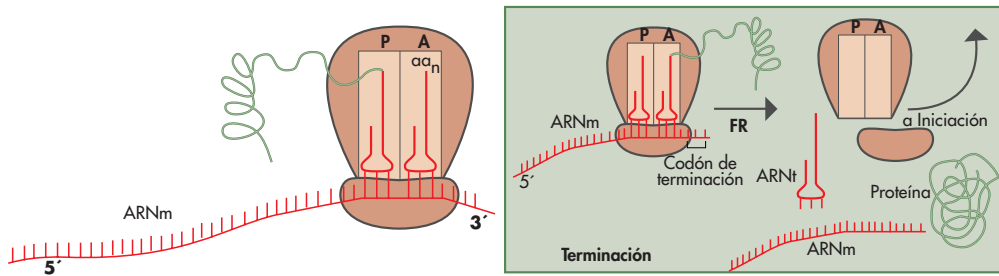
Segundo paso: Elongación

Un segundo ARNt con su aminoácido se coloca en el sitio A y su anticodón se acopla con el ARNm. La formación del enlace peptídico entre los dos aminoácidos se produce en el ribosoma gracias al aporte de energía del GTP. Al mismo tiempo, el enlace entre el primer aminoácido y su ARNm se rompe. El ribosoma se desplaza a lo largo de la cadena del ARNm en dirección 5' a 3' y el segundo ARNt de la región A a la P, desprendiéndose, a la vez, el primer ARNt del ribosoma. Este proceso se repite las veces necesarias hasta formar el polipéptido.



Tercer paso: Terminación

Cuando el ribosoma alcanza un codón de terminación (UAA, UGA y UAG), no se une a ningún ARNt, el polipéptido se desprende de él y se libera de la región P. La región A queda ocupada por un factor de liberación (FR1 o FR2), que activa la separación de las dos subunidades del ribosoma.



Muchos antibióticos inhiben la expresión genética

Aunque ya existen algunos sintetizados en el laboratorio, los antibióticos son originariamente sustancias producidas por microorganismos (hongos, por ejemplo) que impiden el desarrollo de bacterias, sus competidoras en el consumo de los nutrientes en el medio natural. Desde que se descubrió su actividad como bactericidas, se han empleado en el tratamiento de enfermedades infecciosas, aun sin saber cómo actuaban. Hoy en día se conoce el mecanismo de actuación de muchos antibióticos. Por ejemplo, la actinomicina D es un péptido que inhibe la transcripción al unirse al ADN.

Sin embargo, la mayoría actúa bloqueando la síntesis de proteínas al sustituir o unirse al ARN. La estreptomicina inhibe la iniciación al interferir en la unión del N-f-Met-ARNt y provoca errores en la lectura del ARNm. La puromicina se une al sitio A, impide la entrada del aminoacil-ARNt y libera la cadena polipeptídica incompleta. La eritromicina se une a la subunidad grande del ribosoma e impide la translocación. El cloramfenicol, la tetraciclina y la cicloheximida son otros inhibidores de la síntesis de proteínas. Un gran número de ellos afecta a los ribosomas de las células procarionóticas y algunos también a los de las células eucarióticas.

Es importante destacar que, dada su actividad, los antibióticos solo afectan a bacterias, por lo que no constituyen un tratamiento adecuado contra las enfermedades víricas. Por mutación puede aparecer una cepa bacteriana resistente al antibiótico. La mutación modificará los lugares de unión y la molécula del antibiótico. El uso de los antibióticos provoca que las cepas resistentes se desarrollen más, por lo que es conveniente no abusar de ellos.

