

# codón – codon

Authored by  
**memjavad**

November 17, 2025

## RECOMMENDED CITATION

memjavad (2025). *codón – codon*. Spanish Psychological Databases. Retrieved from <https://spanish.arabpsychology.com/?p=4927>

## Codón

**Primary Disciplinary Field(s):** Genética Molecular, Bioquímica, Biología Celular

### 1. Definición Central

El **codón** constituye la unidad fundamental del [código genético](#), siendo una secuencia específica de tres nucleótidos adyacentes, presentes en el ácido ribonucleico mensajero (ARNm), que lleva la información necesaria para especificar la incorporación de un aminoácido particular a una cadena polipeptídica en crecimiento durante el proceso de síntesis de proteínas, conocido como traducción. Esta secuencia trinucleotídica es esencialmente un mensaje cifrado que permite la conversión de la información genética almacenada en el ADN (transcrita previamente a ARNm) en la estructura funcional de las proteínas. Cada codón, por lo tanto, actúa como una "palabra" dentro del "lenguaje" genético, donde la secuencia completa de codones en una molécula de ARNm dicta el orden exacto en que los aminoácidos deben unirse para formar una proteína biológicamente activa. La precisión de esta lectura es crucial, ya que cualquier alteración en la secuencia de nucleótidos que forme un codón puede resultar en la incorporación de un aminoácido incorrecto, lo que a menudo conduce a una proteína disfuncional o mutada, ilustrando la extrema sensibilidad del sistema de codificación biológica.

Desde una perspectiva molecular, el codón se lee en la dirección 5' a 3' a lo largo de la molécula de ARNm por el ribosoma, la maquinaria celular encargada de la traducción. El ribosoma se desliza a lo largo del ARNm, leyendo los nucleótidos en grupos discretos de tres, asegurando que cada aminoácido sea añadido secuencialmente. Este proceso requiere la participación de moléculas de ARN de transferencia (ARNt), cada una de las cuales porta un aminoácido específico y posee un [anticodón](#) complementario. La interacción precisa entre el codón del ARNm y el anticodón del ARNt es la base molecular de la fidelidad de la traducción. La naturaleza trinucleotídica del codón es matemáticamente vital; si solo se usaran dos nucleótidos (dímeros), solo se podrían codificar  $4^2 = 16$  combinaciones, insuficientes para los 20 aminoácidos estándar, mientras que el uso de tres nucleótidos (tripletes) proporciona  $4^3 = 64$  combinaciones posibles, lo que garantiza la codificación de todos los aminoácidos y permite la redundancia inherente del código genético.

### 2. Etimología y Desarrollo Histórico

El concepto de codón surgió de la necesidad de descifrar cómo la información lineal almacenada en los ácidos nucleicos (compuestos por solo cuatro bases: Adenina, Guanina, Citosina y Timina/Uracilo) se traducía en la diversidad estructural de las proteínas (compuestas por 20 aminoácidos diferentes). El término **codón** deriva de la raíz "código", reflejando su función como unidad de codificación. La búsqueda de la unidad de codificación comenzó en la década de 1950,

impulsada por el descubrimiento de la estructura de doble hélice del ADN por Watson y Crick en 1953, lo que planteó la pregunta de cómo se leía esta información.

El trabajo pionero que estableció la naturaleza trinucleotídica y descifró el código genético fue llevado a cabo principalmente por equipos de investigación liderados por Marshall Nirenberg, Heinrich Matthaei y Har Gobind Khorana a principios de la década de 1960. Nirenberg y Matthaei realizaron experimentos cruciales utilizando ARN sintético. En 1961, demostraron que un ARN sintético compuesto únicamente por uracilos (poli-U) dirigía la síntesis de una cadena de polifenilalanina, estableciendo que el codón UUU codificaba el aminoácido fenilalanina. Este experimento histórico proporcionó la primera "palabra" del código genético. Posteriormente, Khorana desarrolló métodos para sintetizar ARNs con secuencias de nucleótidos repetidas conocidas (como UCU CUC UCU...), lo que permitió la asignación de muchos otros tripletes a aminoácidos específicos. La combinación de estas técnicas permitió que, para 1966, el código genético completo, compuesto por 64 codones, estuviera esencialmente descifrado, un logro que se considera uno de los hitos más importantes de la biología molecular del siglo XX.

El desarrollo histórico demostró no solo la existencia de los codones como tripletes, sino también la **degeneración** del código. La degeneración, donde varios codones diferentes pueden especificar el mismo aminoácido (por ejemplo, UUU y UUC ambos codifican fenilalanina), fue una característica inesperada que proporcionó robustez al sistema genético, haciendo que las mutaciones de punto en la tercera posición del codón fueran a menudo "silenciosas" o sinónimas, minimizando el impacto fenotípico de los errores genéticos.

### 3. El Código Genético: Reglas de Traducción

La interpretación de los codones está regida por las reglas universales del código genético. Una de las características más importantes es que el código es **no solapado** (o no superpuesto). Esto significa que el ribosoma lee un codón de tres bases, luego se mueve al siguiente codón de tres bases inmediatamente adyacente, sin que ningún nucleótido pertenezca simultáneamente a dos codones diferentes. Esta lectura continua y discreta es fundamental para mantener el marco de lectura correcto a lo largo de toda la secuencia de ARNm. Si el marco de lectura se desplaza, incluso por la adición o eliminación de un solo nucleótido (mutaciones de cambio de marco), todos los codones posteriores se alteran, lo que casi siempre resulta en una proteína completamente no funcional.

Otra regla crítica es la **universalidad** del código. Con excepciones menores (principalmente en mitocondrias y algunos microorganismos), los 64 codones especifican los mismos aminoácidos o señales de terminación en casi todos los organismos vivos, desde bacterias hasta humanos. Esta universalidad es una prueba poderosa del origen evolutivo común de la vida en la Tierra y permite la ingeniería genética, ya que un gen de una especie puede ser expresado correctamente en otra.

Por ejemplo, el codón GUC codifica el aminoácido valina tanto en la levadura como en las células humanas. Esta conservación evolutiva subraya la eficiencia y la optimización del sistema de codificación biológica.

Finalmente, la característica de **degeneración** mencionada previamente es esencial. De los 64 codones posibles, 61 especifican aminoácidos (codones sentido), y solo 3 actúan como señales de terminación (codones de parada). Dado que solo hay 20 aminoácidos estándar, la mayoría de ellos están codificados por más de un codón. Esta redundancia no es aleatoria; los codones que especifican el mismo aminoácido a menudo difieren solo en la tercera base (la posición "vacilante" o "wobble"), lo que minimiza el impacto de los errores de transcripción o traducción en esa posición específica. La degeneración, por lo tanto, actúa como un amortiguador genético contra las mutaciones puntuales.

#### 4. Tipos Funcionales de Codones

Los 64 codones se clasifican funcionalmente en tres categorías principales, determinadas por su rol en el inicio, la elongación o la terminación de la síntesis proteica. Esta clasificación es determinante para el correcto ensamblaje de la proteína.

**Codón de Inicio (AUG):** En casi todos los organismos, el codón **AUG** cumple una doble función: codifica el aminoácido metionina (Met) y, crucialmente, sirve como la señal de inicio de la traducción. Cuando el ribosoma encuentra el primer AUG en una secuencia de ARNm (dentro de un contexto apropiado de inicio, a menudo asistido por secuencias Kozak en eucariotas), la traducción comienza. En procariotas, este codón de inicio codifica N-formilmetionina (fMet), mientras que en eucariotas codifica metionina. Todos los polipéptidos recién sintetizados comienzan, por lo tanto, con metionina, aunque este aminoácido inicial a menudo se elimina posteriormente por procesamiento postraduccional.

**Codones Sentido o de Elongación:** Son los 61 codones (incluyendo el AUG cuando no actúa como inicio) que especifican la adición de uno de los 20 aminoácidos estándar a la cadena polipeptídica. Estos codones se leen secuencialmente, dictando la secuencia primaria de la proteína. La gran mayoría de la longitud de cualquier ARNm codificante está compuesta por estos codones, y la eficiencia con la que se traducen puede variar significativamente, un fenómeno conocido como **sesgo de uso de codones** (codon usage bias), donde algunos codones sinónimos son preferidos sobre otros en organismos específicos.

**Codones de Parada o Terminación (Stop Codons):** Existen tres codones que no codifican ningún aminoácido y actúan como señales de terminación, indicando al ribosoma que la síntesis de la proteína debe finalizar: **UAA** (Ocre), **UAG** (Ámbar) y **UGA** (Ópalo). Cuando el ribosoma encuentra uno de estos codones de parada, se une un factor de liberación en lugar de un ARNt, lo que provoca la hidrólisis del enlace entre la cadena polipeptídica y el último ARNt, liberando la

proteína recién sintetizada del ribosoma.

## 5. El Papel del Codón en la Traducción

La traducción es el proceso celular mediante el cual la información codificada en la secuencia de codones del ARNm se convierte en la secuencia de aminoácidos de una proteína. Este proceso se lleva a cabo en el ribosoma y requiere la participación activa de los ARNt. Cada ARNt actúa como un adaptador molecular, uniendo covalentemente un aminoácido específico en un extremo y llevando un **anticodón** en el otro. El anticodón es una secuencia trinucleotídica que es complementaria al codón del ARNm.

El reconocimiento codón-anticodón es el paso central en la fidelidad de la traducción. Este reconocimiento se basa en las reglas de apareamiento de bases de Watson y Crick (A con U, G con C), pero con una flexibilidad crucial en la tercera posición del codón (la primera posición del anticodón), fenómeno conocido como la hipótesis del **balanceo** o "wobble hypothesis", propuesta por Francis Crick. Esta flexibilidad permite que un solo ARNt reconozca y se una a más de un codón sinónimo. Por ejemplo, un ARNt que lleva el aminoácido serina puede tener un anticodón que le permite aparearse con UCU y UCC, reduciendo así la cantidad total de ARNt diferentes necesarios en la célula.

El ribosoma se mueve a lo largo del ARNm en pasos de tres nucleótidos, asegurando que cada codón sea leído en la secuencia correcta. El sitio A (aminoacil) del ribosoma es donde entra el ARNt cargado, el sitio P (peptidil) es donde se forma el enlace peptídico, y el sitio E (salida) es por donde sale el ARNt descargado. La lectura precisa y el movimiento del ribosoma garantizan que la secuencia de codones se traduzca fielmente en la secuencia primaria de la proteína, lo que es esencial para su plegamiento y función tridimensional.

## 6. Importancia y Relevancia Biológica

La importancia biológica del codón reside en que es el eslabón directo entre la información genética y la expresión funcional de la vida (las proteínas). Cualquier alteración en un codón puede tener profundas consecuencias biológicas. Las mutaciones puntuales que afectan a los codones se clasifican en varios tipos, cada uno con un impacto distinto sobre la proteína resultante.

Una **mutación sinónima** (o silenciosa) ocurre cuando el cambio de un nucleótido resulta en un codón diferente que, sin embargo, codifica el mismo aminoácido (debido a la degeneración). Aunque el aminoácido no cambia, estas mutaciones pueden afectar la velocidad de traducción o el plegamiento de la proteína al alterar el uso preferencial de codones. Una **mutación de sentido erróneo** (missense) resulta en un codón que especifica un aminoácido diferente. Si este cambio ocurre en una región crítica de la proteína (como el sitio activo de una enzima), puede abolir o

modificar gravemente su función, siendo un mecanismo subyacente a muchas enfermedades genéticas, como la anemia falciforme, causada por un cambio de GAG (glutamato) a GUG (valina).

Finalmente, una **mutación sin sentido** (nonsense) convierte un codón sentido en uno de los tres codones de parada (UAA, UAG, UGA). Esto provoca la terminación prematura de la síntesis proteica, resultando en una proteína truncada y casi siempre no funcional. El estudio de los codones es, por lo tanto, fundamental en la genética clínica, la oncología y la biotecnología, donde la manipulación precisa de las secuencias de codones permite la producción controlada de proteínas recombinantes o la corrección de defectos genéticos.

## 7. Debates y Variaciones

Aunque el código genético se describe como universal, existen variaciones notables que desafían esta estricta definición, principalmente relacionadas con el uso de codones de parada y el sesgo en la traducción.

Las variaciones más conocidas se encuentran en el código genético de las **mitocondrias**. Por ejemplo, en las mitocondrias humanas, el codón UGA, que normalmente es un codón de parada, codifica triptófano. De manera similar, AUA codifica metionina en lugar de isoleucina, y AGA y AGG, que codifican arginina en el código nuclear universal, actúan como codones de parada en el sistema mitocondrial. Estas desviaciones demuestran que el código genético no está completamente fijado y puede evolucionar bajo presiones selectivas específicas, particularmente en genomas pequeños y semiautónomos como los de las mitocondrias.

Otro fenómeno importante es el **sesgo de uso de codones** (Codon Usage Bias). A pesar de que varios codones sinónimos codifican el mismo aminoácido, los organismos a menudo muestran una fuerte preferencia por ciertos codones sobre sus sinónimos. Este sesgo está correlacionado con la abundancia de los ARNt correspondientes en la célula. Los genes altamente expresados tienden a utilizar codones que son reconocidos por los ARNt más abundantes, lo que optimiza la velocidad y la eficiencia de la traducción. La comprensión de este sesgo es vital en biotecnología para optimizar la expresión de proteínas heterólogas en huéspedes como *E. coli* o levaduras, asegurando que los codones introducidos sean traducidos eficientemente por la maquinaria celular huésped.

## 8. Lecturas Adicionales

[Codón - Wikipedia](#)

[Código Genético - Wikipedia](#)

[Traducción \(Biología\) - Wikipedia](#)

ARABPSYCHOLOGY.COM