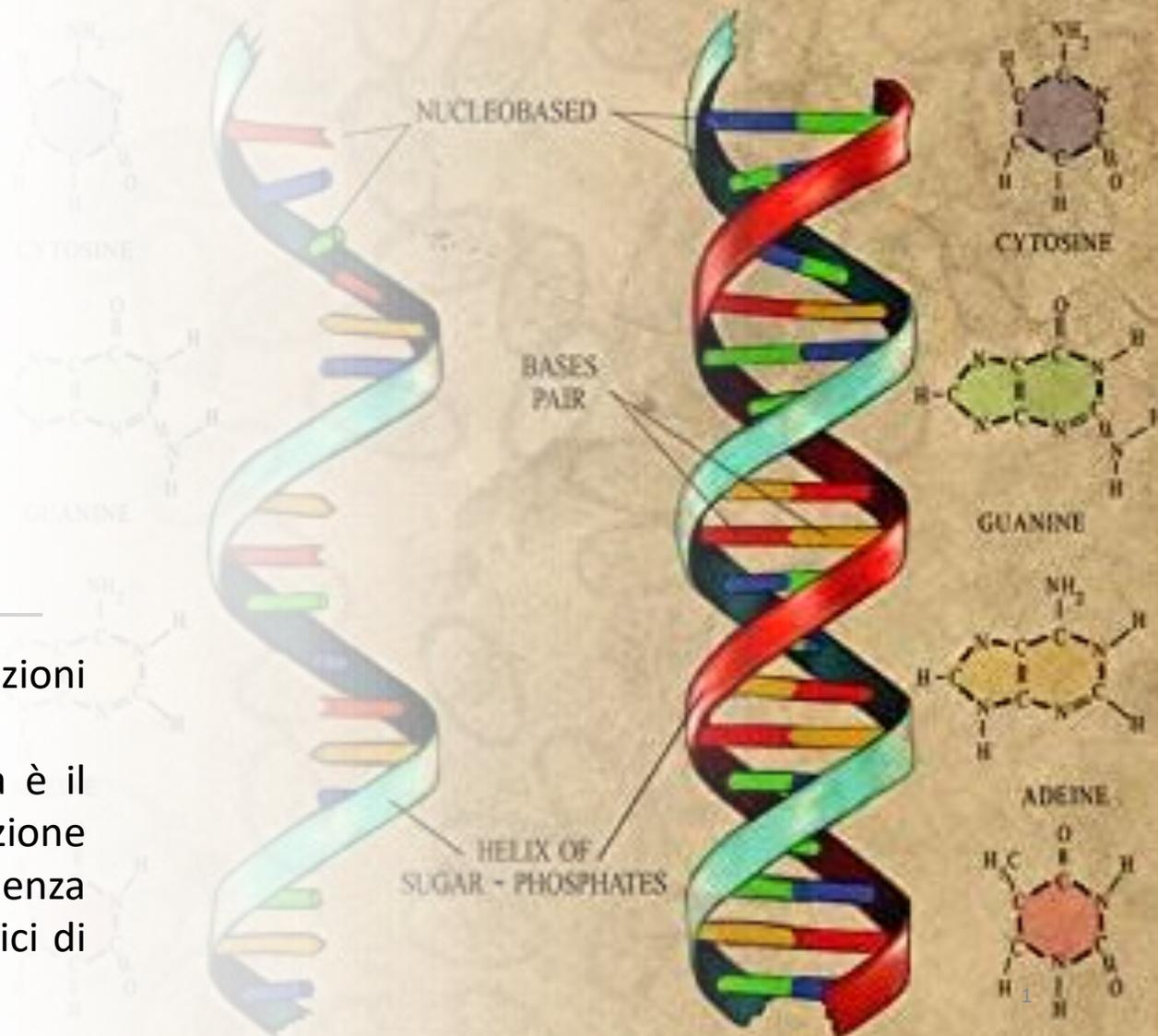


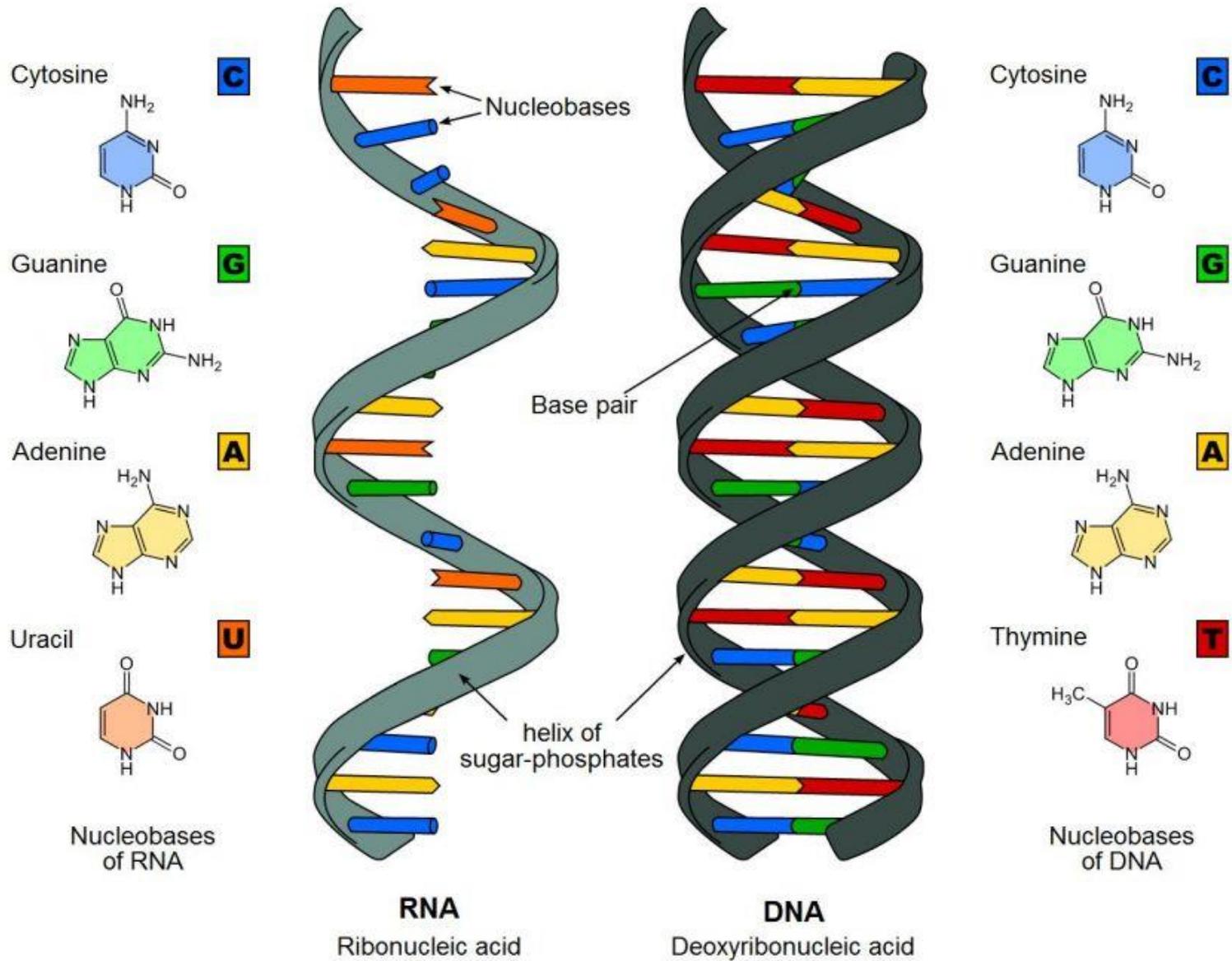
# STRUCTURE OF RNA AND DNA

## ACIDI NUCLEICI

- Forniscono le informazioni all'interno della cellula.
- La struttura di ogni proteina è il risultato di una informazione programmata nella sequenza nucleotidica degli acidi nucleici di una cellula.

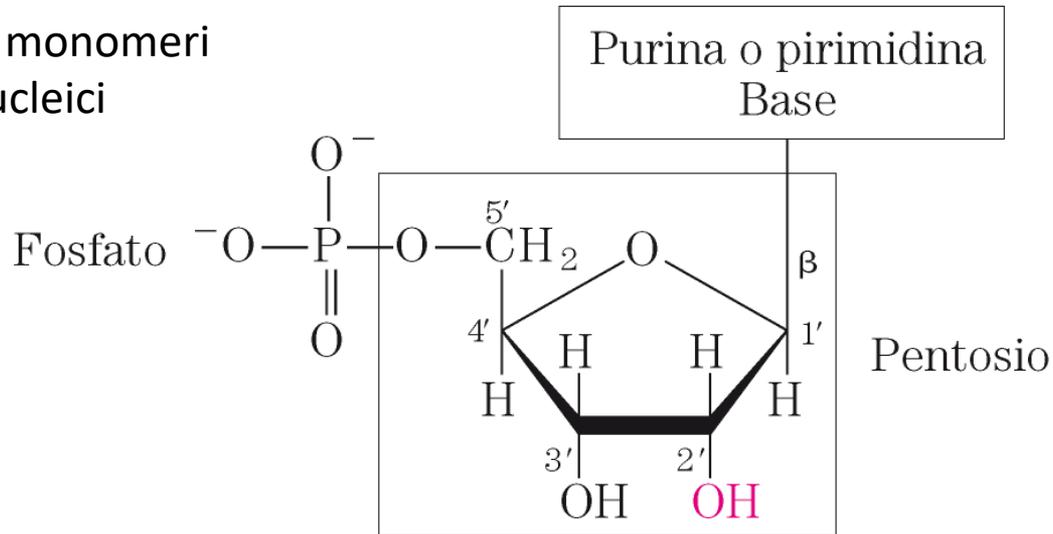


# ACIDI NUCLEICI

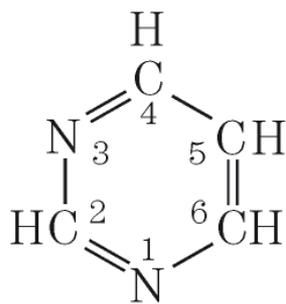


# Struttura dei nucleotidi

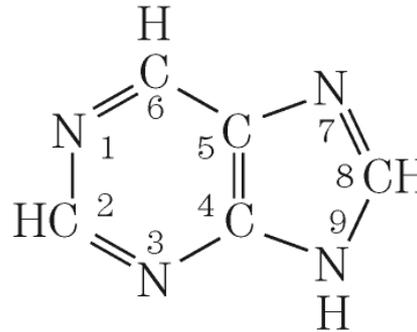
I nucleotidi sono i monomeri degli acidi nucleici



**(a)**



Pirimidina

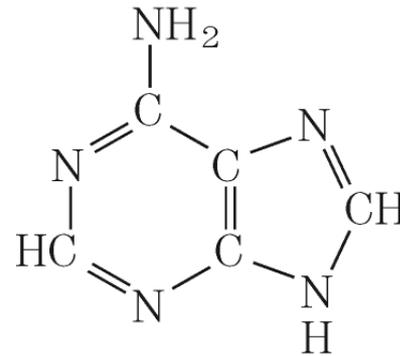


Purina

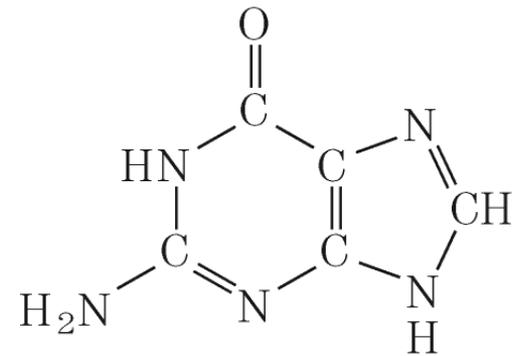
**(b)**

Principali  
basi  
puriniche e  
pirimidiniche  
degli acidi  
nucleici

---

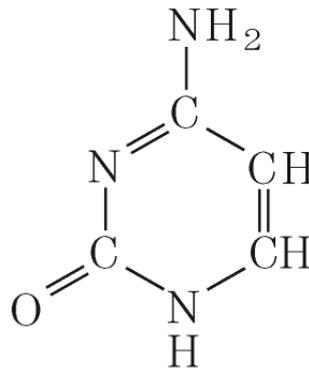


Adenina

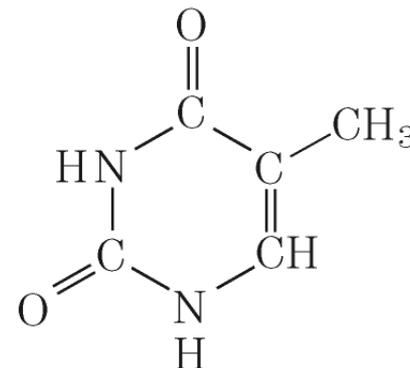


Guanina

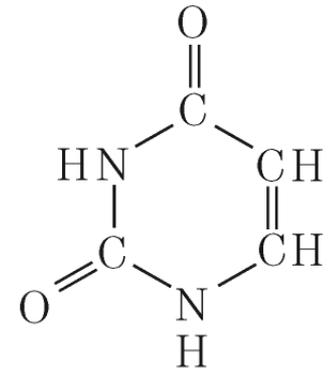
**Purine**



Citosina



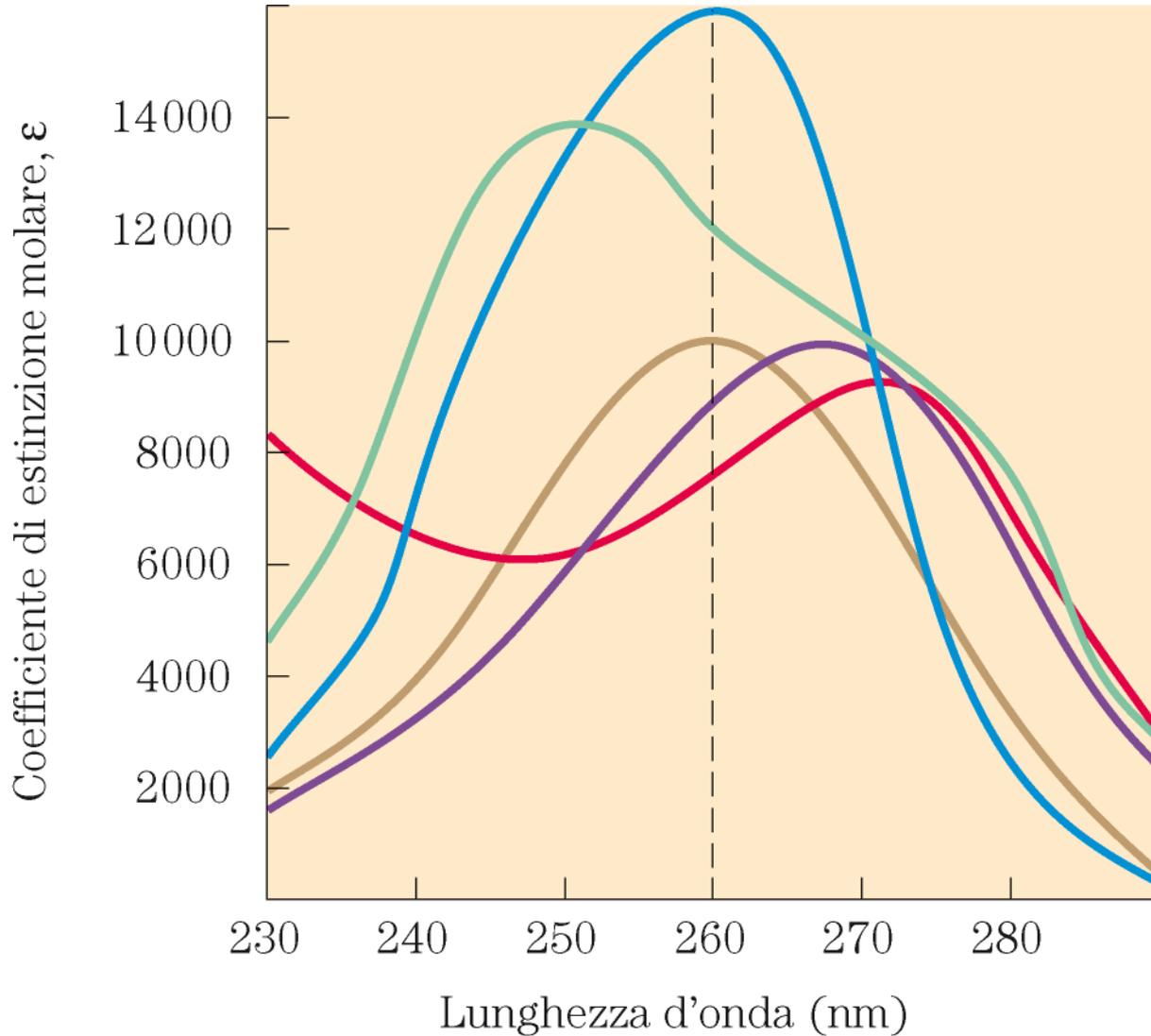
Timina  
(DNA)



Uracile  
(RNA)

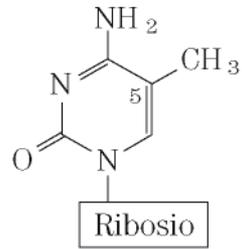
**Pirimidine**

# Spettri di assorbimento della luce dei principali nucleotidi

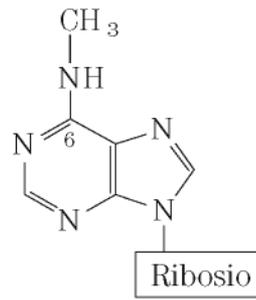


Coefficiente di estinzione molare a 260 nm, $\epsilon_{260}$ ( $M^{-1}cm^{-1}$ )	
AMP	15400
GMP	11700
UMP	9900
dTMP	9200
CMP	7500

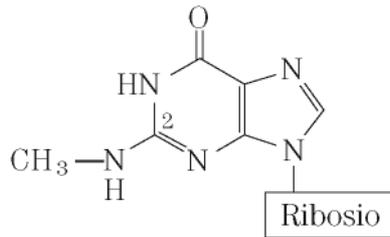
# Alcune basi puriniche e pirimidiniche meno diffuse mostrate come nucleosidi



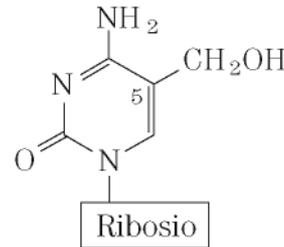
5-Metilcitidina



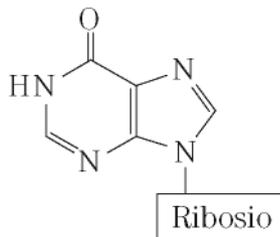
N<sup>6</sup>-Metiladenosina



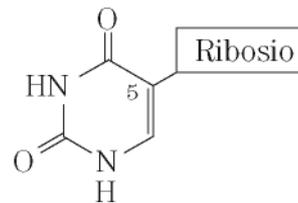
(a) N<sup>2</sup>-Metilguanossina



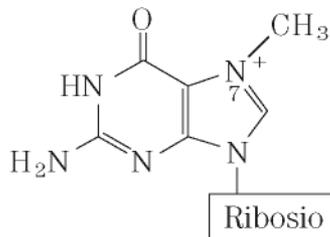
5-Idrossimetilcitidina



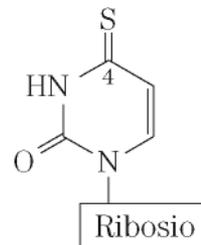
Inossina



Pseudouridina



(b) 7-Metilguanossina



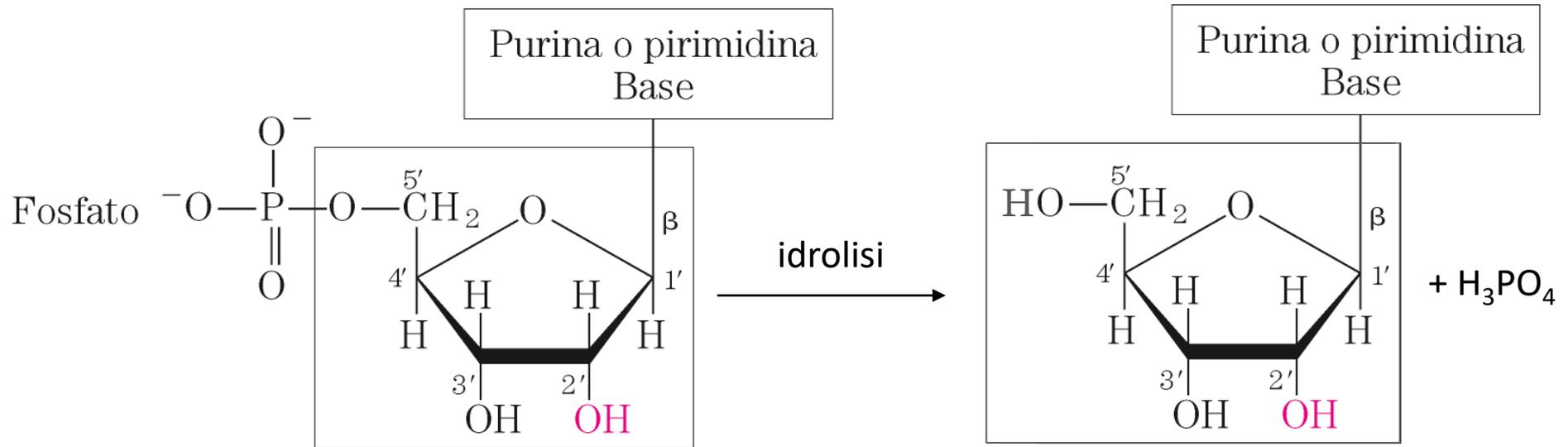
4-Tiouridina

La metilazione del DNA è un metodo consolidato di regolazione dell'espressione genetica.

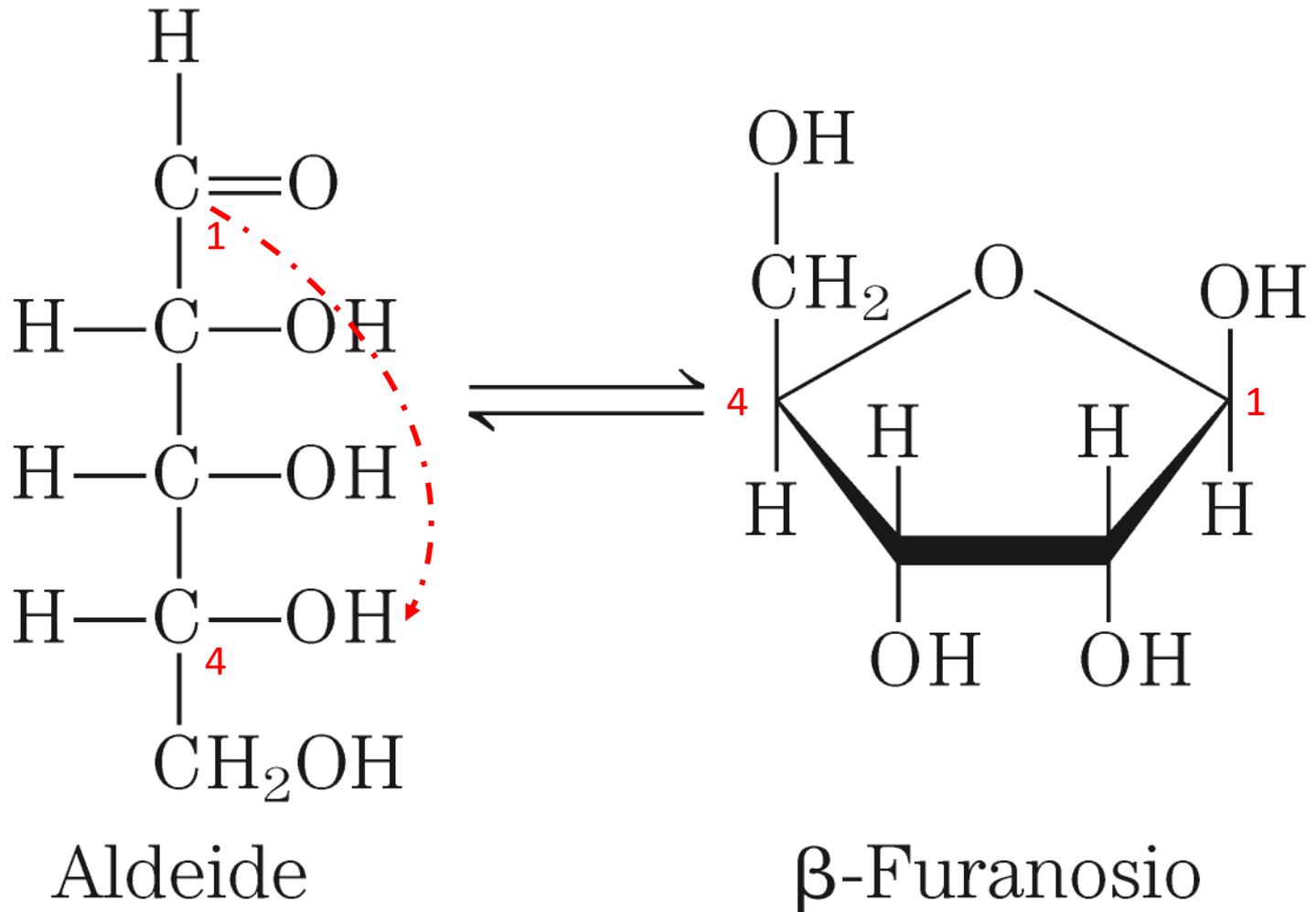
La metilazione del DNA consiste nell'aggiunta covalente di un gruppo metile al livello del carbonio-5 dell'anello della citosina.

La metilazione si verifica nelle regioni del DNA ricche dei dinucleotidi citosina-guanina chiamati isole CpG.

# Nucleotide e Nucleoside

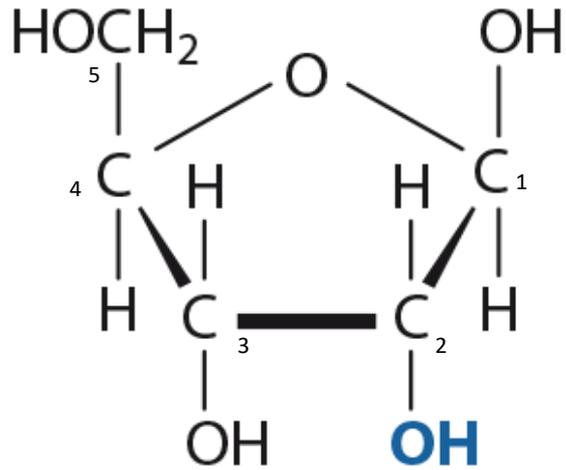


Conformazioni del ribosio in soluzione: La ciclizzazione ha luogo in seguito all'interazione tra i gruppi funzionali su carboni C1 e C4 per formare un emiacetale, oppure un emichetale ciclico.



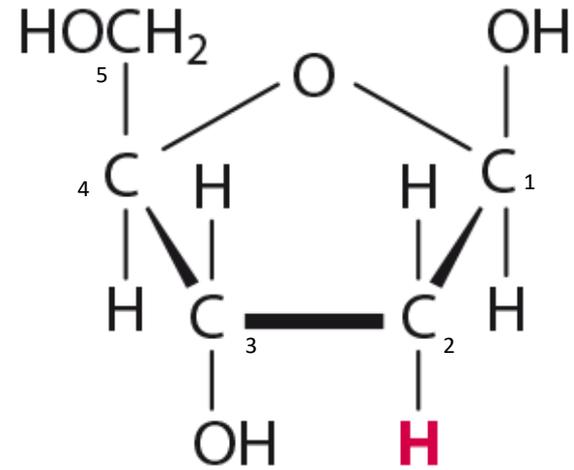
**FURANOSI** = forma ciclica degli zuccheri a 5 atomi di carbonio

## RNA



**ribosio**

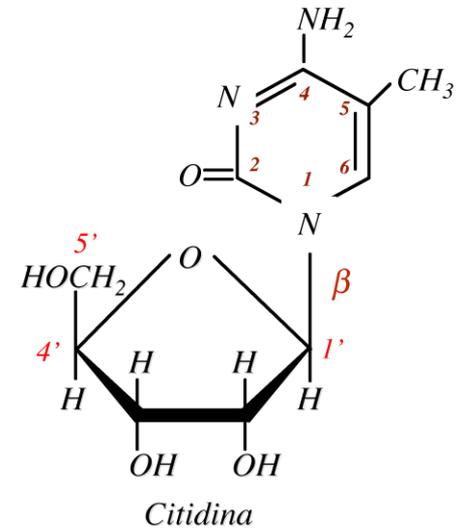
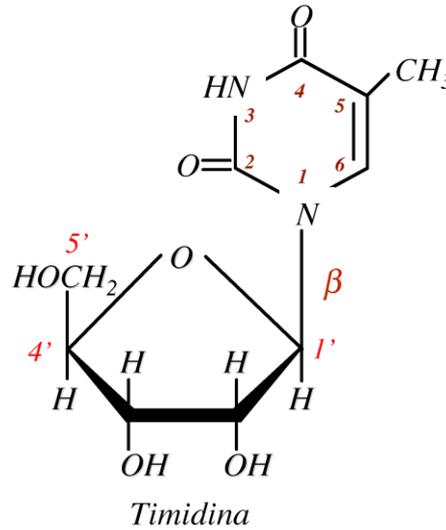
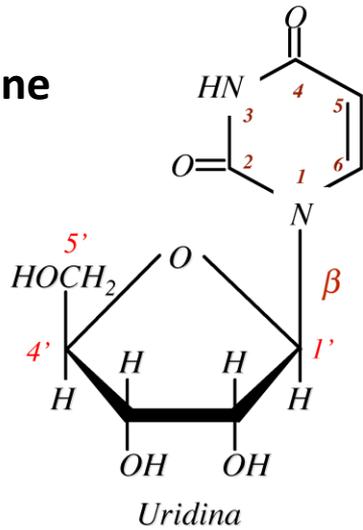
## DNA



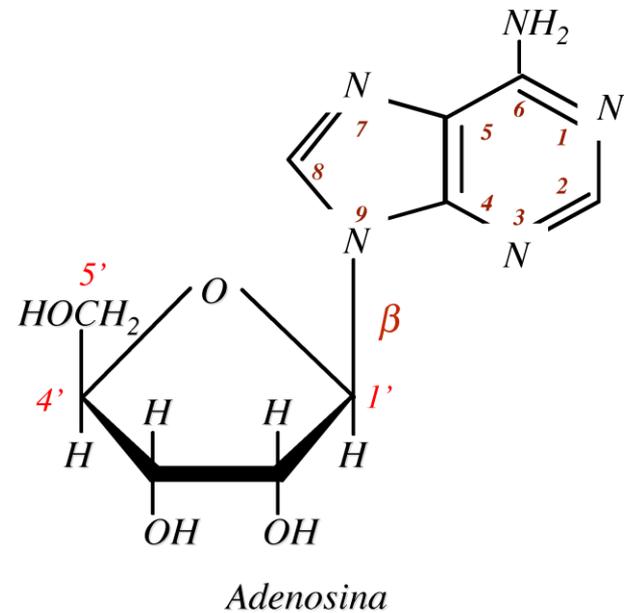
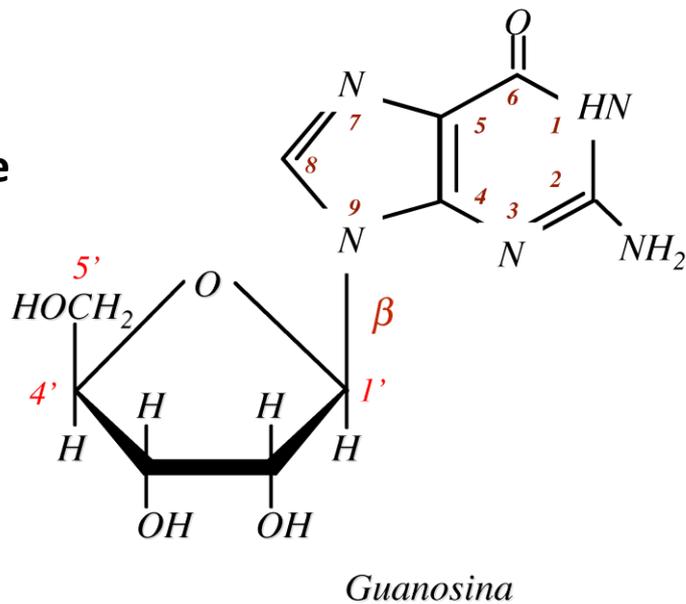
**2'-desossiribosio**

# Legame N-β-glicosidico

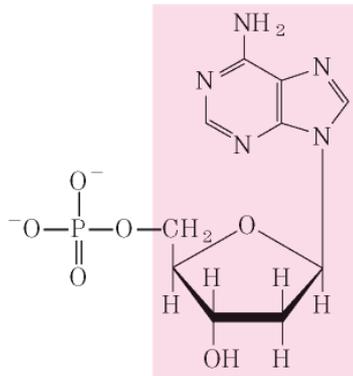
**pirimidine**



**purine**



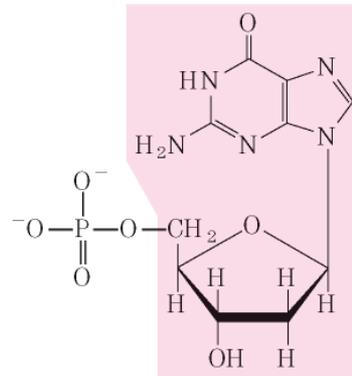
# Deossiribonucleotidi e ribonucleotidi degli acidi nucleici



**Nucleotide:** Deossiadenuilato  
(deossiadenuosina  
5'-monofosfato)

**Simboli:** A, dA, dAMP

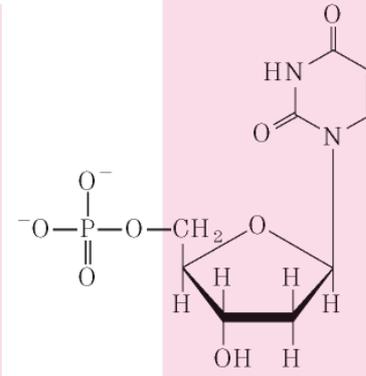
**Nucleoside:** Deossiadenuosina



**Nucleotide:** Deossiguaniilato  
(deossiguanosina  
5'-monofosfato)

**Simboli:** G, dG, dGMP

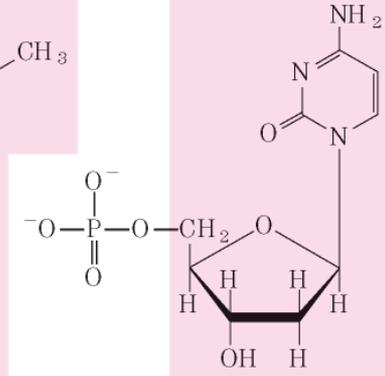
**Nucleoside:** Deossiguanosina



**Nucleotide:** Deossitimidilato  
(deossitimidina  
5'-monofosfato)

**Simboli:** T, dT, dTMP

**Nucleoside:** Deossitimidina

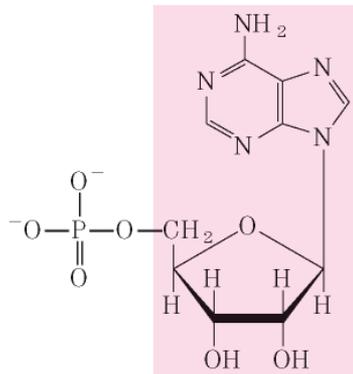


**Nucleotide:** Deossicitidilato  
(deossicitidina  
5'-monofosfato)

**Simboli:** C, dC, dCMP

**Nucleoside:** Deossicitidina

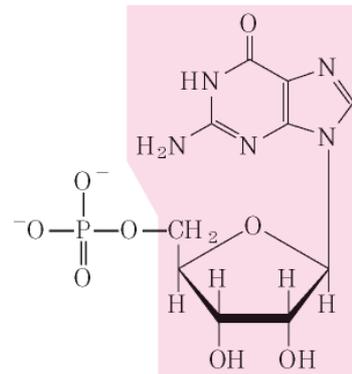
## (a) Deossiribonucleotidi



**Nucleotide:** Adenuilato (adenosina  
5'-monofosfato)

**Simboli:** A, AMP

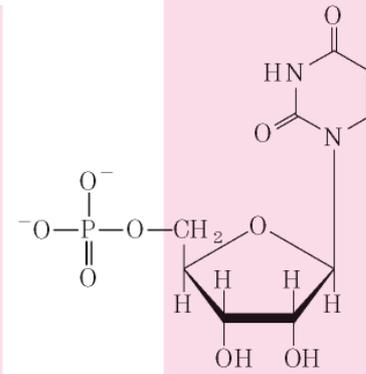
**Nucleoside:** Adenosina



**Nucleotide:** Guaniilato (guanosina  
5'-monofosfato)

**Simboli:** G, GMP

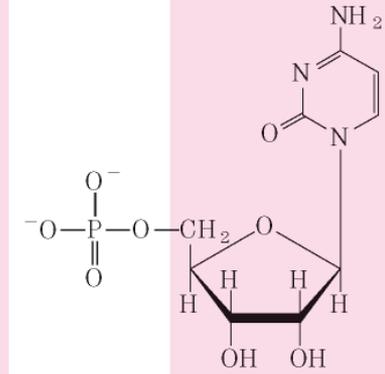
**Nucleoside:** Guanosina



**Nucleotide:** Uridilato (uridina  
5'-monofosfato)

**Simboli:** U, UMP

**Nucleoside:** Uridina



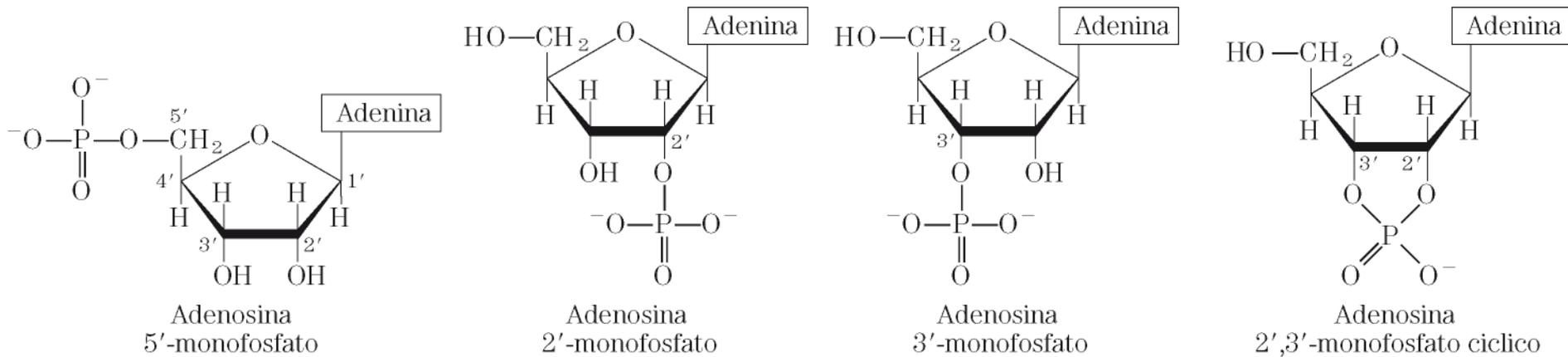
**Nucleotide:** Citidilato (citidina  
5'-monofosfato)

**Simboli:** C, CMP

**Nucleoside:** Citidina

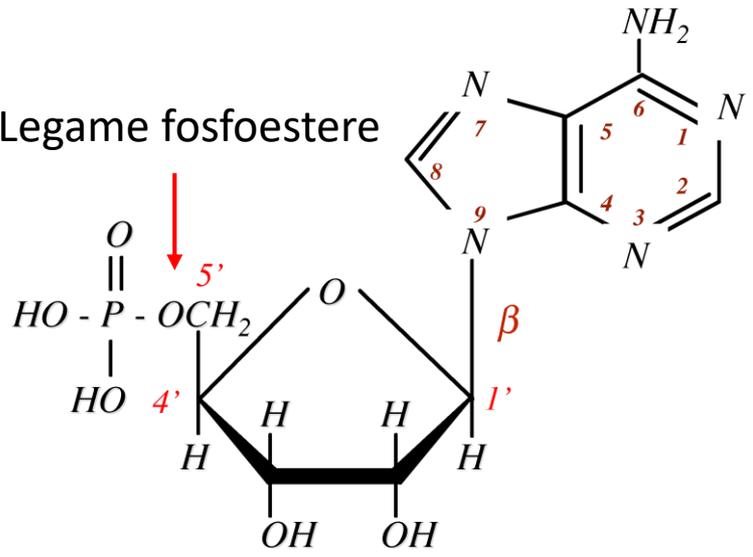
## (b) Ribonucleotidi

# Alcuni nucleotidi dell'adenosina monofosfato

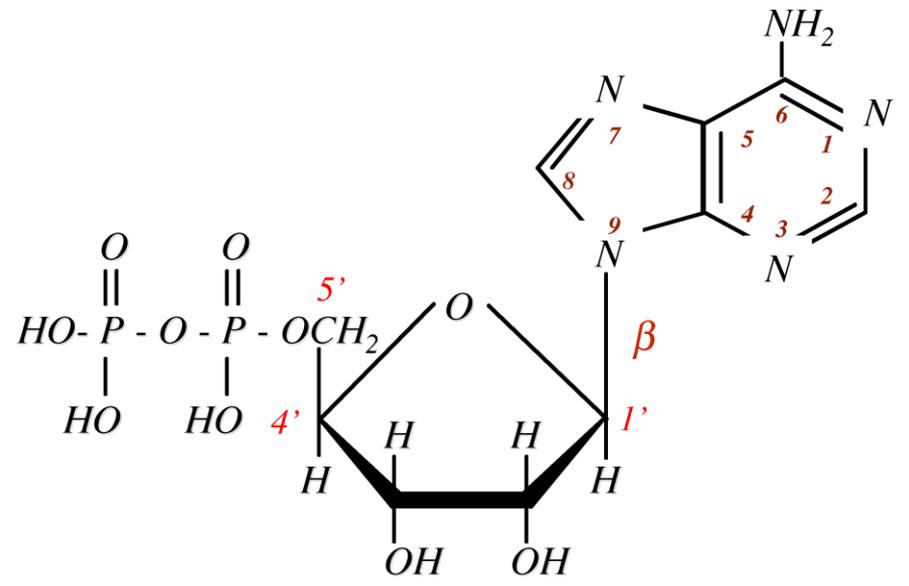


I nucleotidi ciclici sono utilizzati come segnali intracellulari e regolatori del metabolismo

Legame fosfoestere

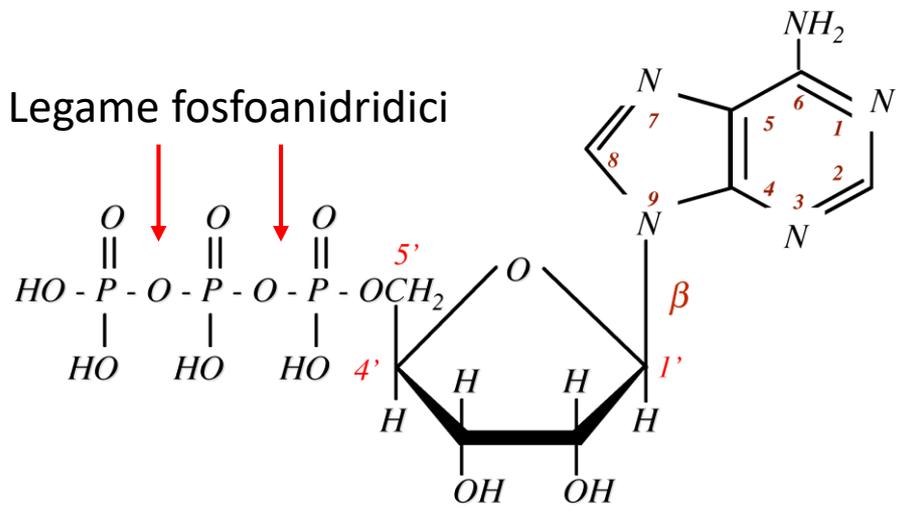


Adenosina 5'-monofosfato (AMP, acido adenilico)



Adenosina 5'-difosfato (ADP)

Legame fosfoanidridici



Adenosina 5'-trifosfato (ATP)

Le basi purine e le pirimidine sono composti moderatamente basici.

Sono sostanze idrofobiche e relativamente poco solubili in acqua a un pH fisiologico.

Assorbono la luce UV: tutti i nucleotidi e gli acidi nucleici presentano un elevato assorbimento della luce ad una lunghezza d'onda di circa 260 nm.

#### Nucleotide and Nucleic Acid Nomenclature

Base	Nucleoside*	Nucleotide*	Nucleic acid
<b>Purines</b>			
Adenine	Adenosine	Adenylate	RNA
	Deoxyadenosine	Deoxyadenylate	DNA
Guanine	Guanosine	Guanylate	RNA
	Deoxyguanosine	Deoxyguanylate	DNA
<b>Pyrimidines</b>			
Cytosine	Cytidine	Cytidylate	RNA
	Deoxycytidine	Deoxycytidylate	DNA
Thymine	Thymidine or deoxythymidine	Thymidylate or deoxythymidylate	DNA
	Uracil	Uridine	Uridylate

\* *Nucleoside* and *nucleotide* are generic terms that include both ribo- and deoxyribo- forms. Note that here ribonucleosides and ribonucleotides are designated simply as nucleosides and nucleotides (e.g., riboadenosine as adenosine), and deoxyribonucleosides and deoxyribonucleotides as deoxynucleosides and deoxynucleotides (e.g., deoxyriboadenosine as deoxyadenosine). Both forms of naming are acceptable, but the shortened names are more commonly used. Thymine is an exception; the name ribothymidine is used to describe its unusual occurrence in RNA.

Base Azotata + Pentosio = **NUCLEOSIDE**

Base Azotata + Pentosio + Gruppo Fosforico  
= **NUCLEOTIDE**

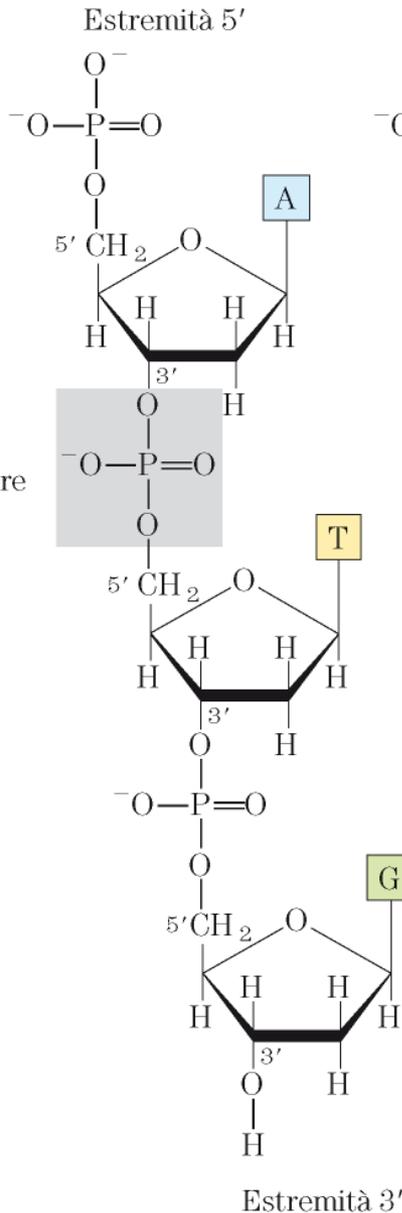
**ATP:** ruolo centrale nel metabolismo energetico

**GTP:** importante per la sintesi proteica e nella trasduzione del segnale

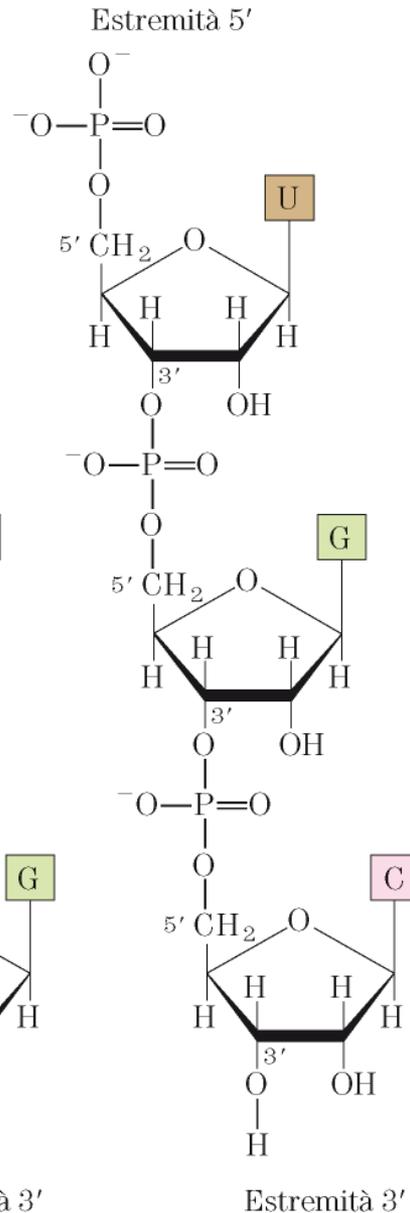
**CTP:** importante nella sintesi dei lipidi

**UTP:** importanti per il metabolismo dei carboidrati

## DNA



## RNA



# La polimerizzazione dei nucleotidi

## Legami 3', 5'-fosfodiesterico

Tutti i legami fosfodiesterici hanno lo stesso orientamento lungo la catena conferendo a ciascun filamento una specifica polarità, ed estremità 3' e 5' distinte.

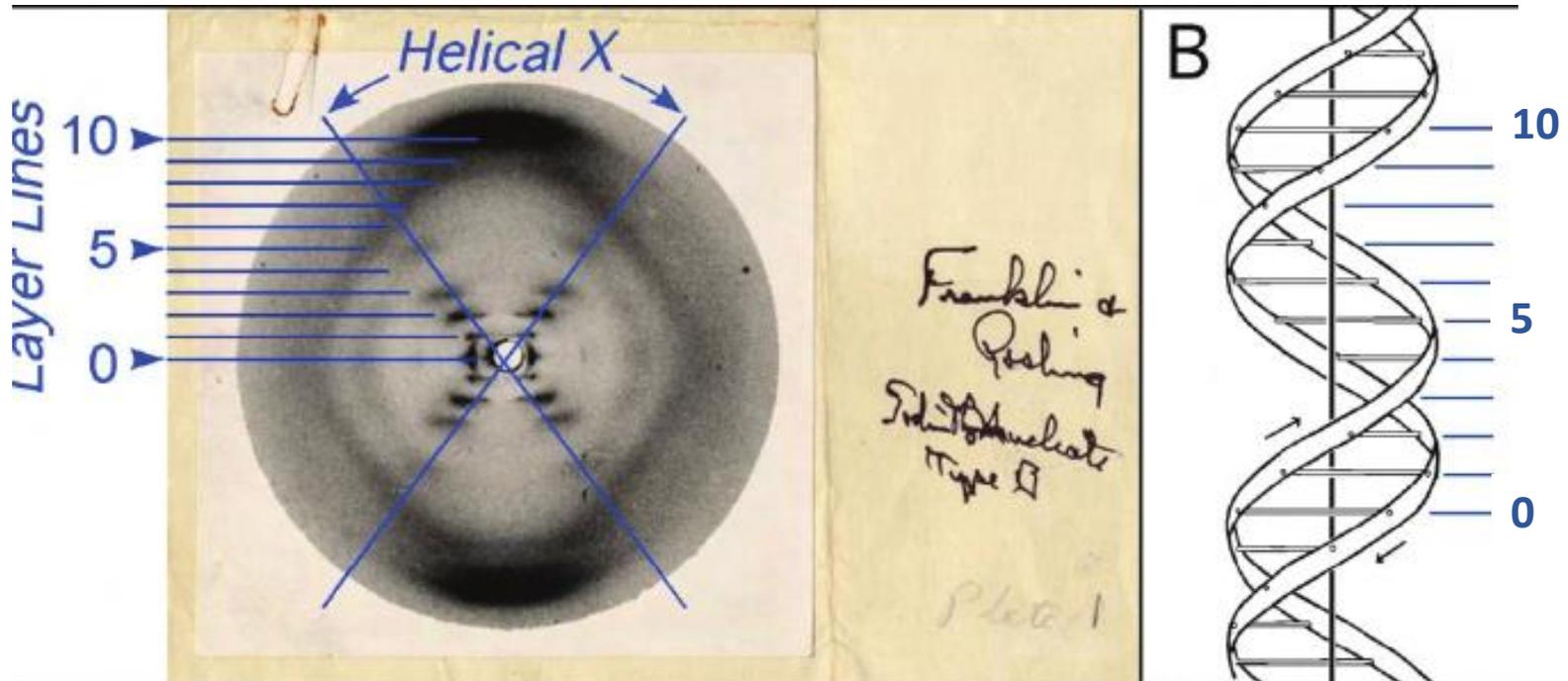
I residui nucleotidici di un acido nucleico sono numerati dall'estremità 5' che normalmente termina con un gruppo fosfato, all'estremità 3', che normalmente presenta un gruppo ossidrilico libero

Per definizione l'estremità 5' è quella priva di nucleotide nella posizione 5' mentre la estremità 3' è quella priva di nucleotide nella posizione 3'.

La sequenza di un singolo filamento di acido nucleico è sempre scritta nella direzione:

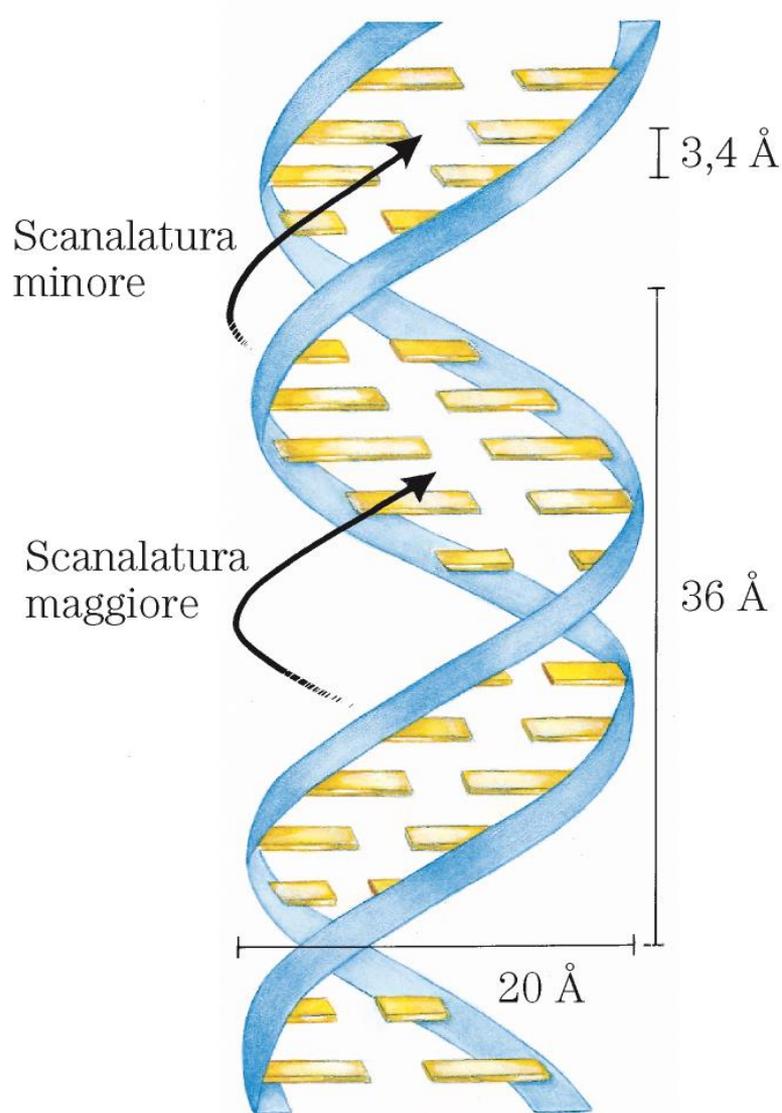
**5' → 3'**

# Diffrazione a raggi X del DNA



- La combinazione dei dati strutturali con quelli dell'analisi chimiche portò alla conclusione che l'appaiamento delle basi è complementare.
- Poiché l'appaiamento complementare delle basi si realizza per l'intera lunghezza della doppia elica le due catene sono anche denominate filamenti complementare.

# LA STRUTTURA DEL DNA: IL MODELLO DI WATSON E CRICK (1953)



Il modello prevedeva che vi fossero 10 coppie di basi oppure  $34 \text{ \AA}$  ( $3,4 \text{ nm}$ ) per giro di elica. Il diametro esterno dell'elica è pari a  $20 \text{ \AA}$ .

Due catene elicoidali avvolte intorno a uno stesso asse a formare una doppia elica destrorsa.

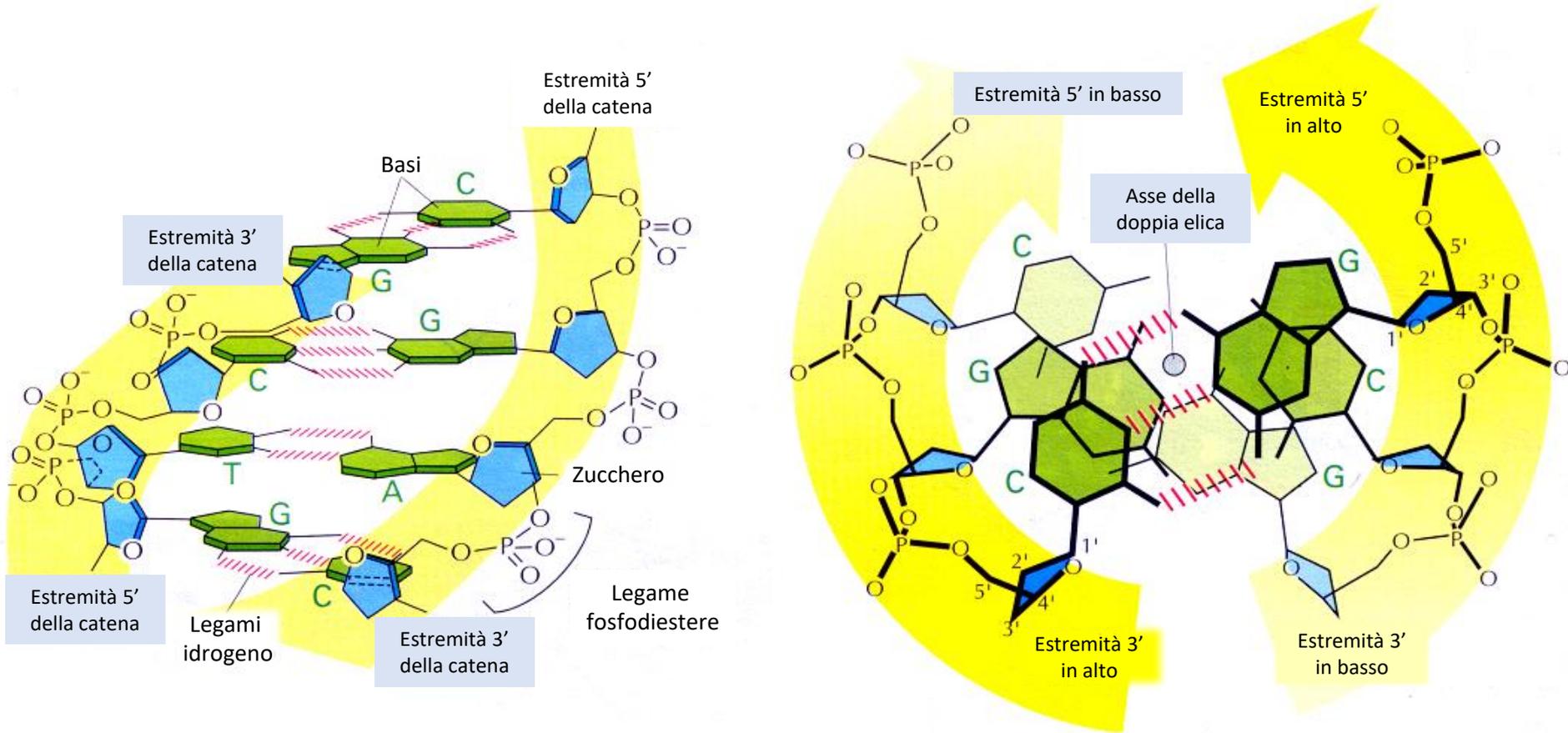
Lo scheletro composto da un'alternanza di deossiribosio e gruppi fosforici è all'esterno della doppia elica, mentre, le basi puriniche e pirimidiniche sono impilate all'interno.

Si viene così a creare una scanalatura maggiore e una scanalatura minore sulla superficie della doppia elica.

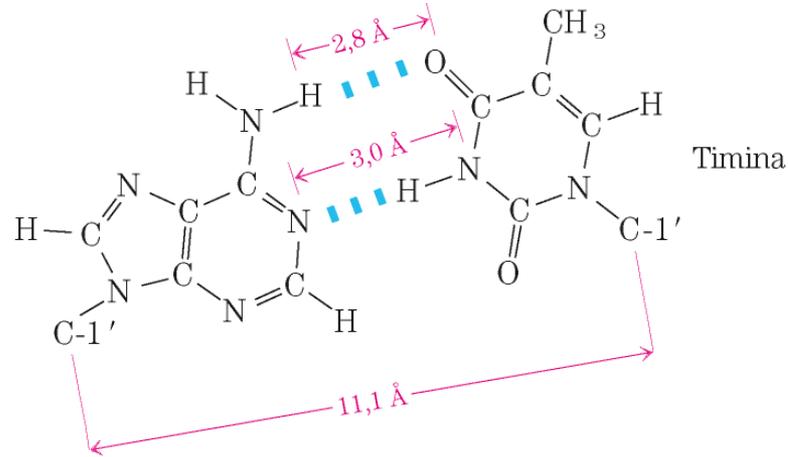
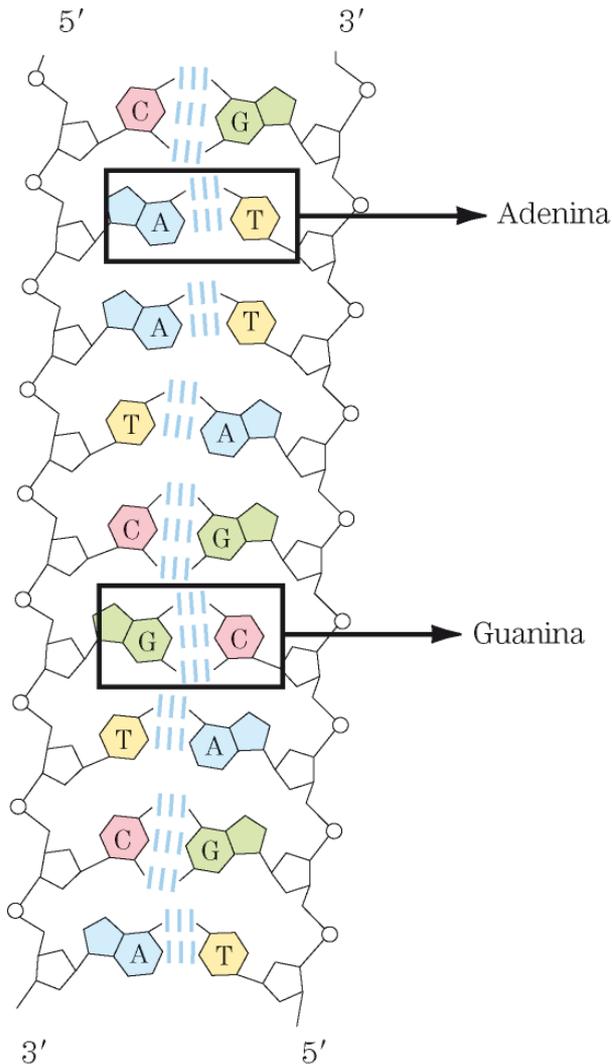
Le due eliche sono antiparallele e complementari l'una all'altra.

Le basi si trovano all'interno dell'elica, mentre i fosfati sono all'esterno.

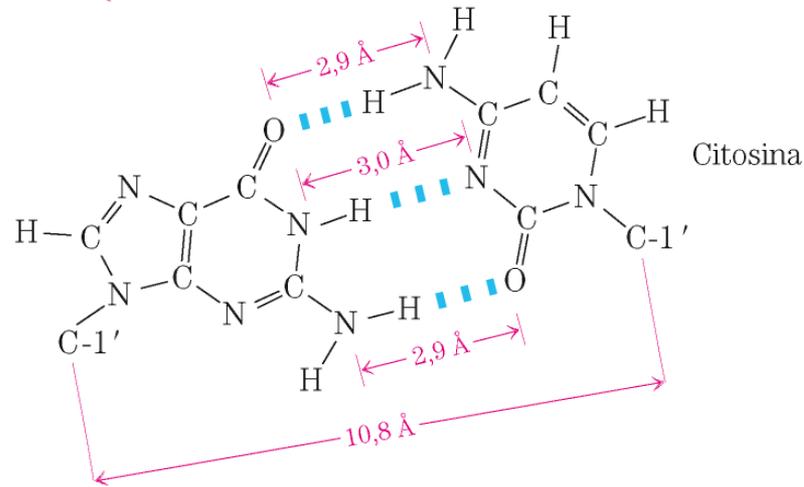
Il piano degli zuccheri è quasi perpendicolare a quello delle basi ed il piano delle basi è perpendicolare all'asse dell'elica.



# Complementarietà delle catene nella doppia elica del DNA e legami idrogeno nelle coppie di basi definite da Watson e Crick



adenina-timina:  
2 legami H



citostina-guanina:  
3 legami H



# Regole di Chargaff

- 1) I campioni di DNA isolati da tessuti diversi della stessa specie hanno la stessa composizione in basi
- 2) la composizione in basi del DNA varia da una specie all'altra
- 3) la composizione in basi del DNA in una data specie non cambia con l'età dell'organismo, il suo stato nutrizionale o per variazioni del suo ambiente di vita
- 4) la somma delle purine é uguale alla somma delle pirimidine:

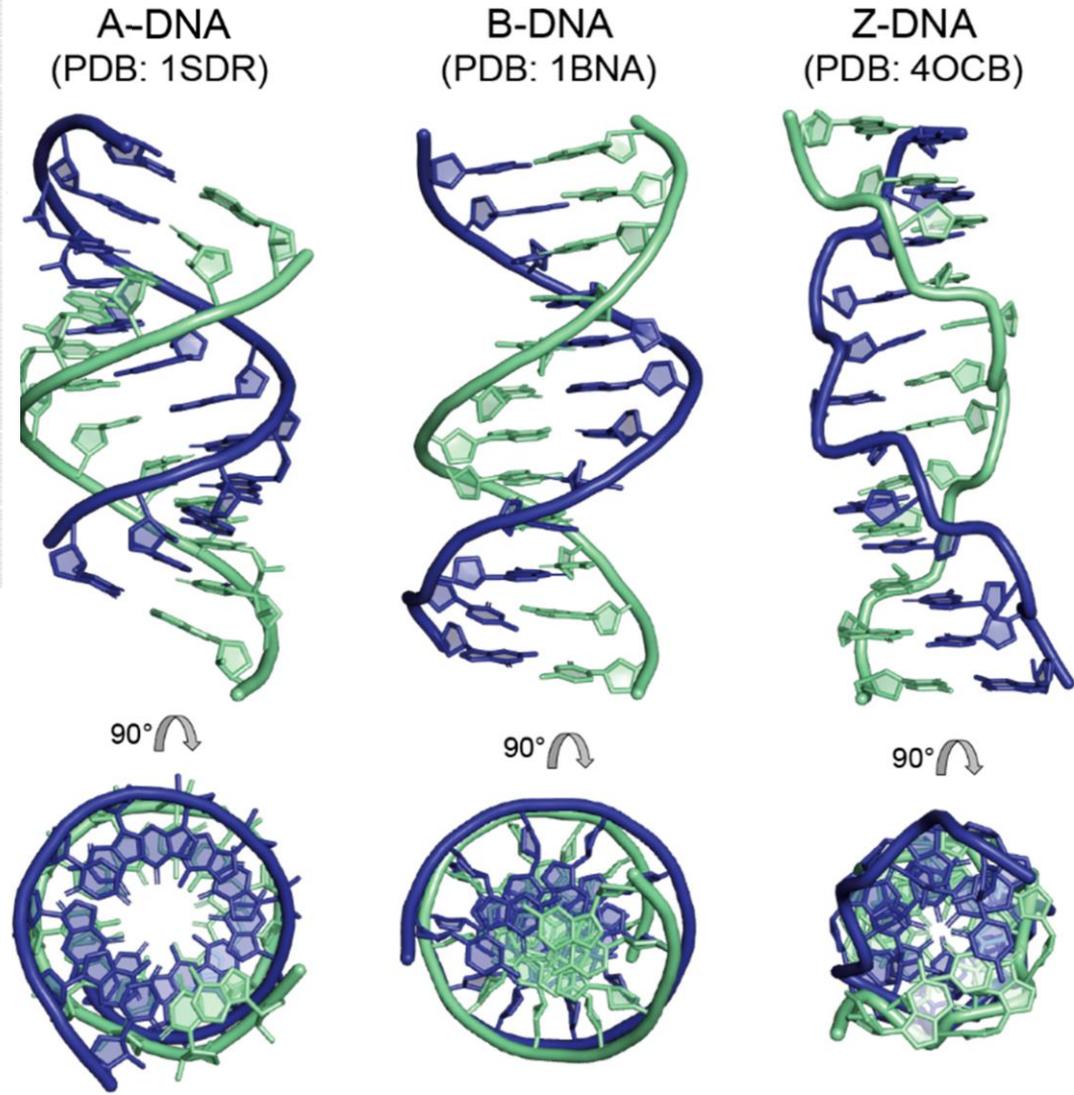
$$A = T \text{ e } C = G \rightarrow A + G = T + C$$

	DNA A	DNA B	DNA Z
avvitamento	destrorso	destrorso	sinistrorso
coppie di basi per giro	10,9	10,0	12,0
innalzamento dell'elica per coppia di basi (nanometri)	$0,292 \pm 0,039$	$0,336 \pm 0,042$	G-C $\pm 0,352 \pm 0,022$ C-G $\pm 0,413 \pm 0,018$
avvolgimento elicoidale (gradi)			
media e deviazione standard	$33,1 \pm 5,9$	$35,9 \pm 4,3$	G-C $\pm -51 \pm 1,6$ C-G $\pm -8,5 \pm 1,1$
ambito di osservazione	da 16,1 a 44,1	da 27,7 a 42,0	
inclinazione delle basi (gradi)	$13,0 \pm 01,9$	$-2,0 \pm 4,6$	$8,8 \pm 0,7$
curvatura delle coppie di basi (gradi)	$15,4 \pm 6,2$	$11,7 \pm 4,8$	$4,4 \pm 2,8$

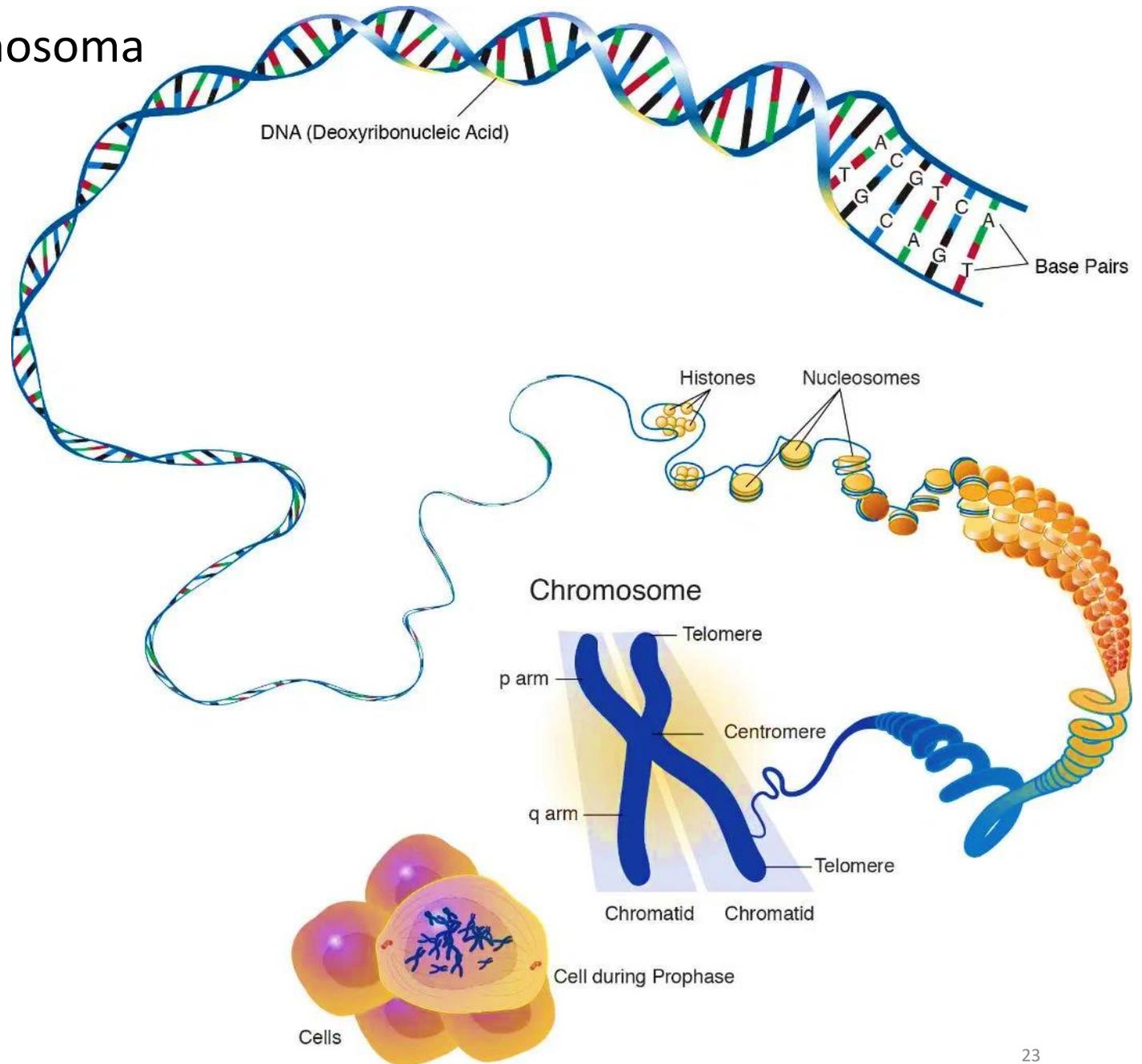
La forma A è destrorsa e favorita in un mezzo povero di acqua. Ha 11 coppie di basi per giro di elica, le sue coppie non sono perpendicolari all'asse, ma formano un angolo di circa 20 gradi rispetto al piano perpendicolare.

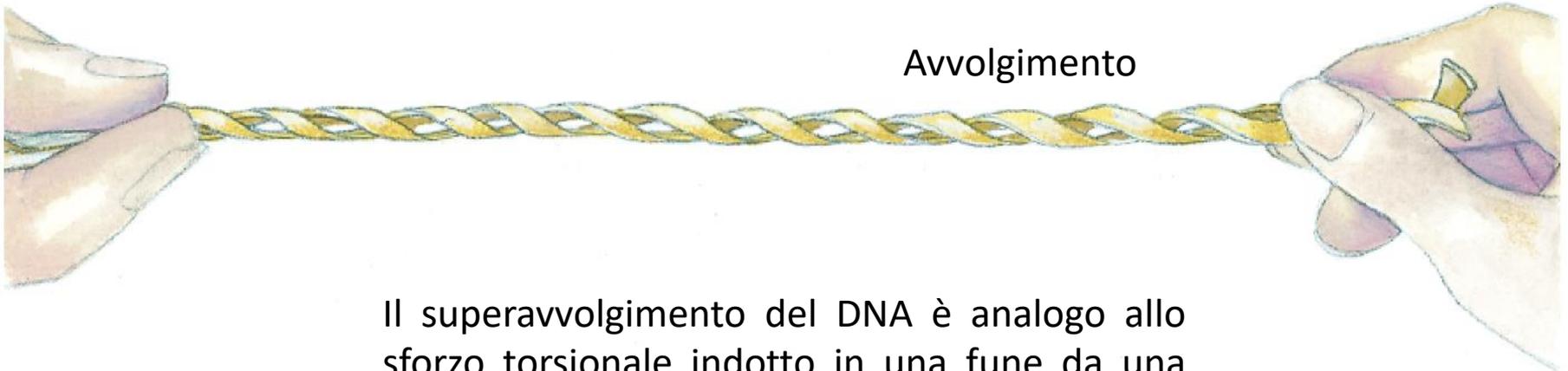
La forma Z è sinistrorsa, vi sono 12 coppie di basi per giro e la struttura appare più allungata e sottile. Lo scheletro ha un andamento a zig zag. La forma Z deriva dalla B in seguito a un capovolgimento di 180° di una parte dello scheletro.

## Conformazioni del DNA



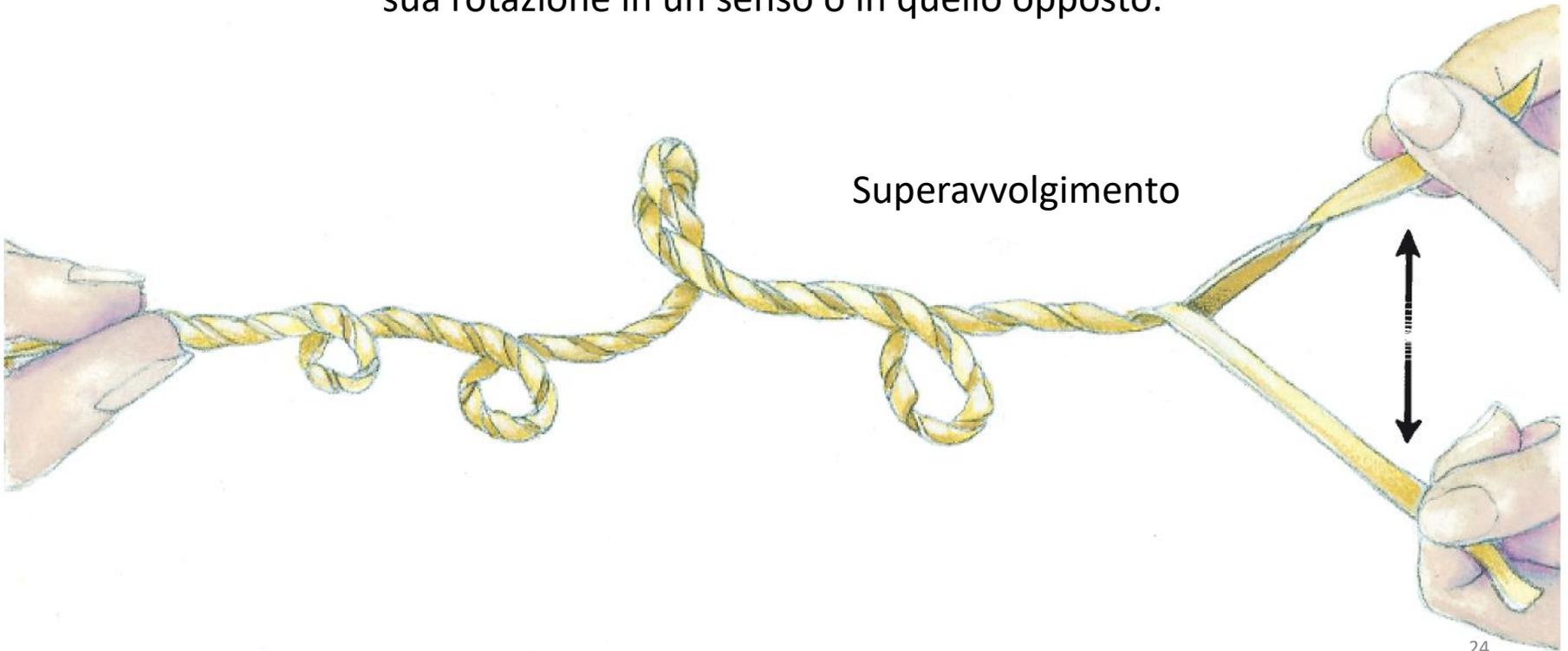
# Dal DNA al cromosoma





Avvolgimento

Il superavvolgimento del DNA è analogo allo sforzo torsionale indotto in una fune da una sua rotazione in un senso o in quello opposto.



Superavvolgimento

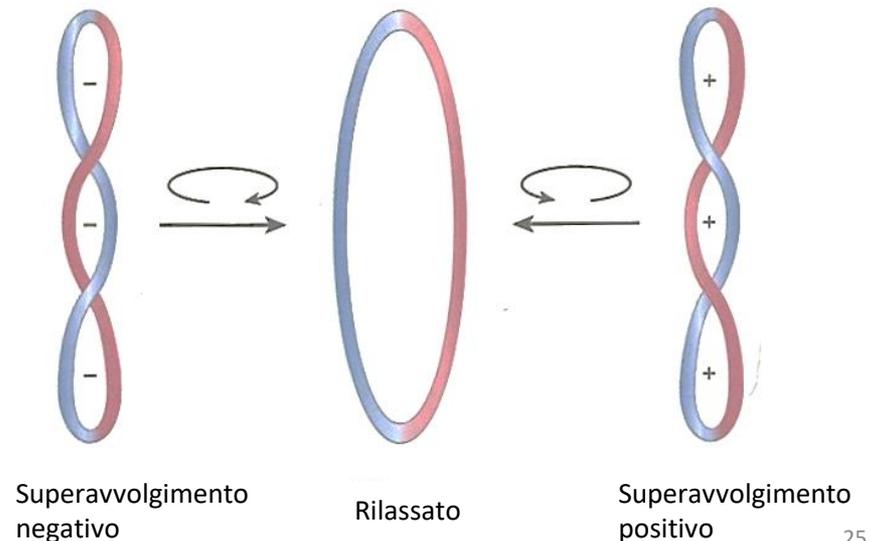
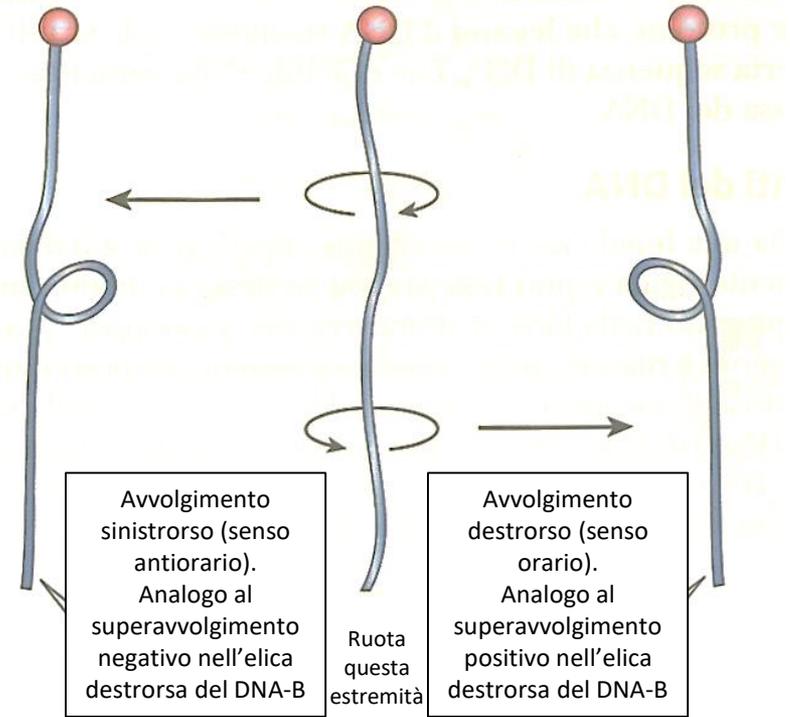
# Topologia del DNA superavvolto

Il DNA a doppia elica può essere considerato una fune attorcigliata, se la fune è ruotata in senso antiorario si ha il superavvolgimento negativo; se la fune è ruotata in senso orario, il superavvolgimento sarà positivo.

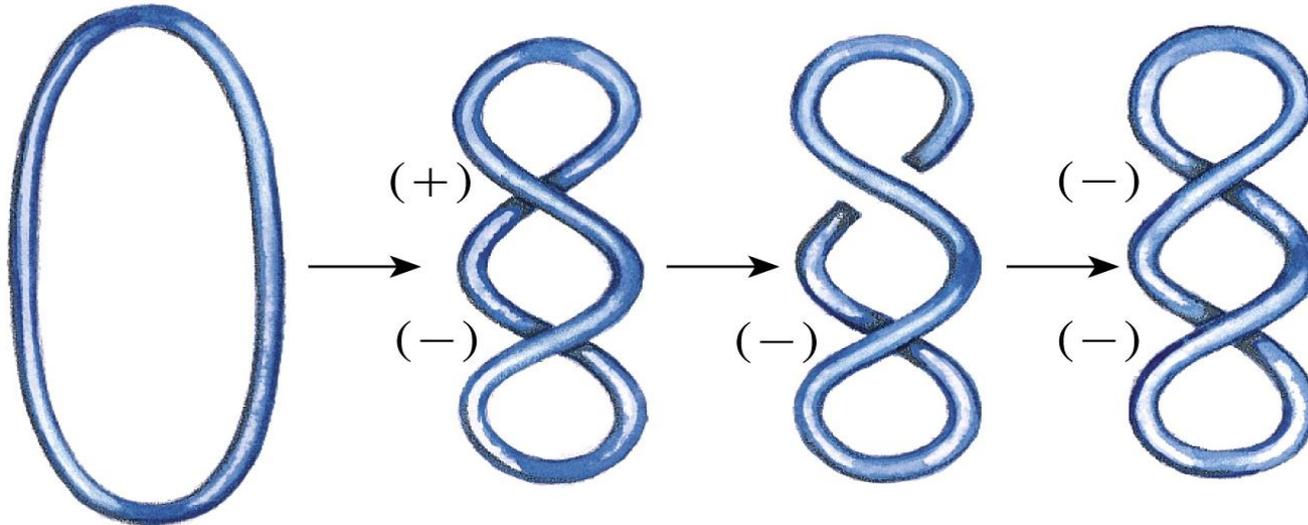
Il superavvolgimento negativo introduce uno sforzo torsionale che favorisce lo svolgimento della doppia elica del DNA-B destrorso, mentre il superavvolgimento positivo tende ad avvolgere ulteriormente questa elica. Entrambe le forme di superavvolgimento rendono il DNA più compatto.

Gli enzimi coinvolti nelle modifiche dello stato di superavvolgimento del DNA sono le topoisomerasi. La topoisomerasi di classe I taglia lo scheletro di un filamento di DNA, la topoisomerasi di tipo II taglia entrambi i filamenti di DNA.

Il DNA naturale è superavvolto negativamente eccetto durante la replicazione che diviene superavvolto positivamente.



## Meccanismo d'azione della DNA girasi batterica (topoisomerasi II)

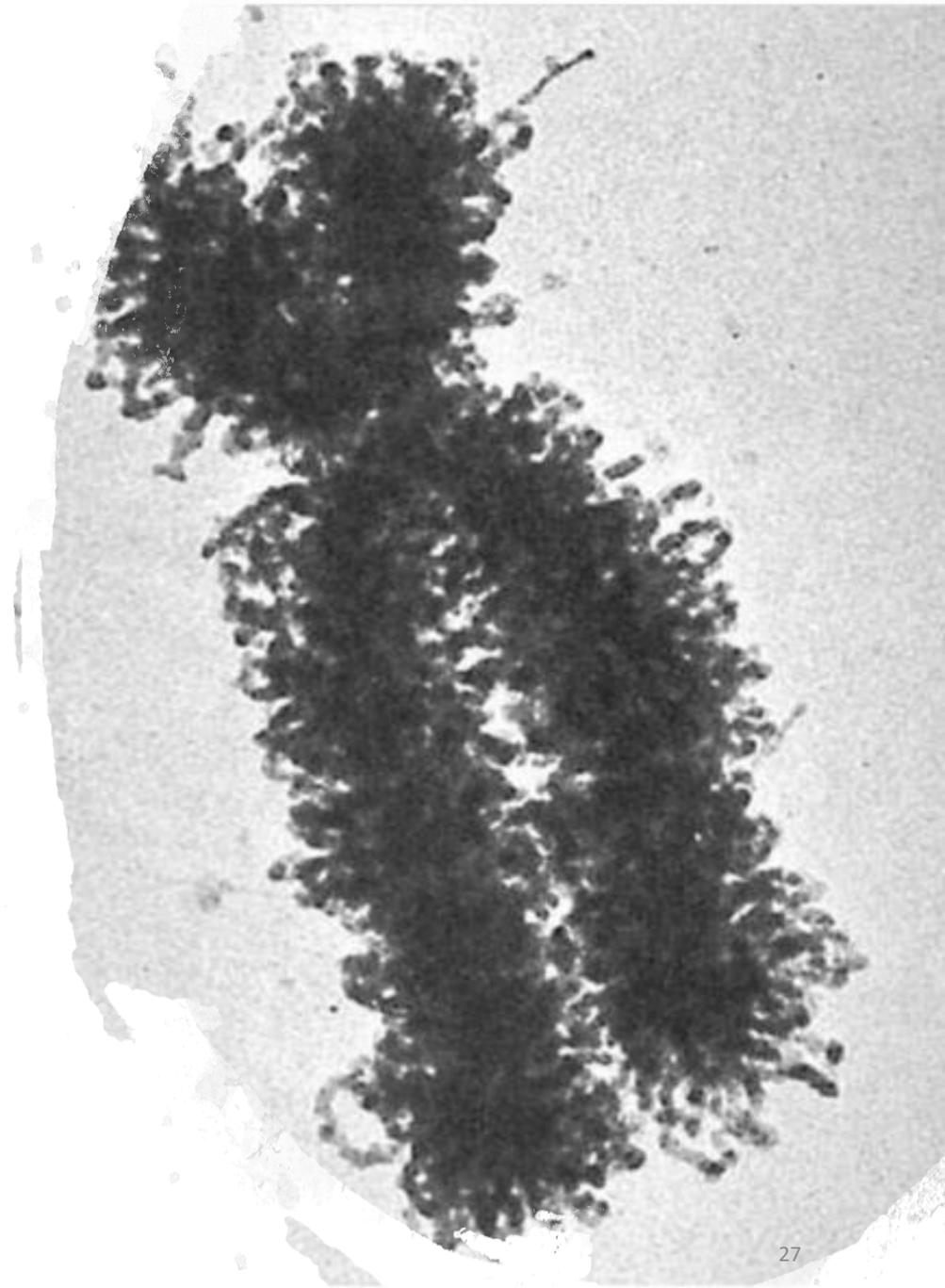


La topoisomerasi di tipo II taglia entrambi i filamenti di DNA passano una porzione dell'elica tra le estremità tagliate e quindi risigillano.

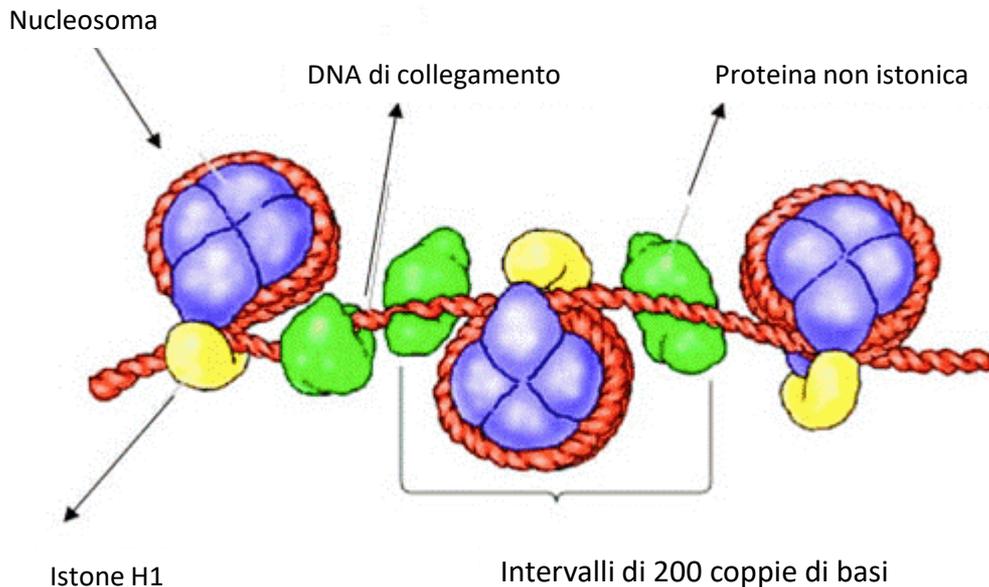
L'enzima riduce la tensione a monte della forcella, rompendo il filamento di DNA, con rotazione dei filamenti di DNA e successiva risaldatura altrimenti lo svolgimento dei filamenti diventerebbe energeticamente impossibile.

## Come si superavvolge il DNA degli eucarioti?

- È associato a proteine basiche, gli istoni
- L'attrazione elettrostatica tra i gruppi fosfato del DNA e i gruppi delle proteine favorisce la formazione di complessi
- Il materiale che ne risulta si chiama cromatina



Le proteine che legano il DNA rientrano in due classi:



**1)** La classe principale, gli **istoni**, comprende 5 tipi di proteine basiche (da 11 a 21 Kd):

**H1** (é associato al DNA di collegamento)

**H2A, H2B, H3 e H4** (due copie di ciascuno formano la struttura nucleosomiale)

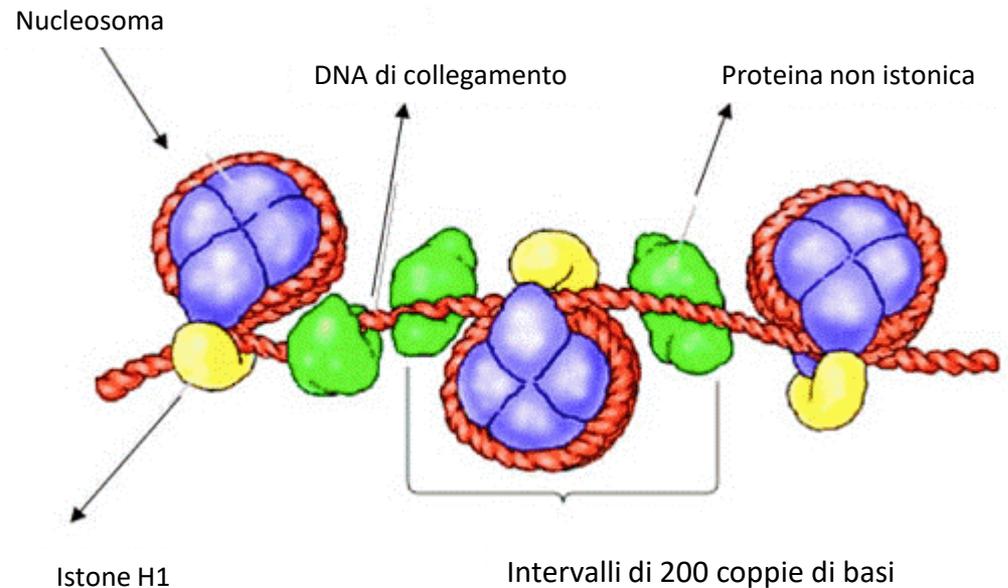
**2)** la seconda classe è costituita da un gruppo molto più eterogeneo di proteine chiamate **proteine non istoniche**.

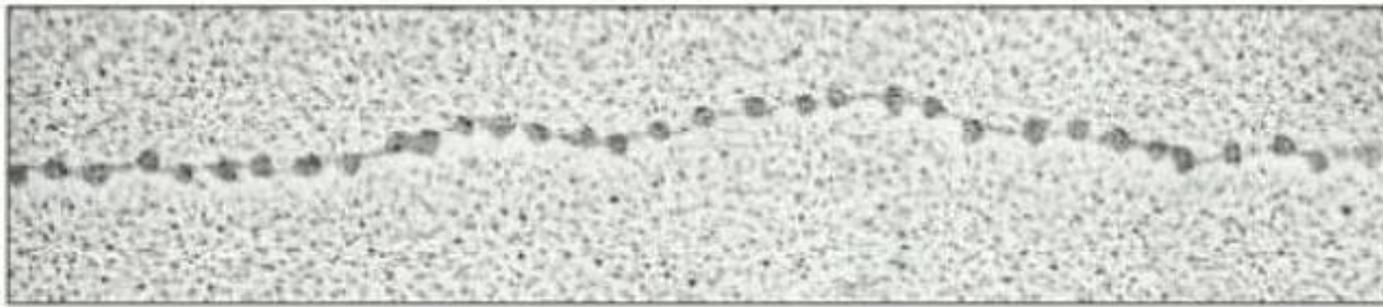
# LE PROTEINE NON ISTONICHE

**Polimerasi** ed altri enzimi nucleari

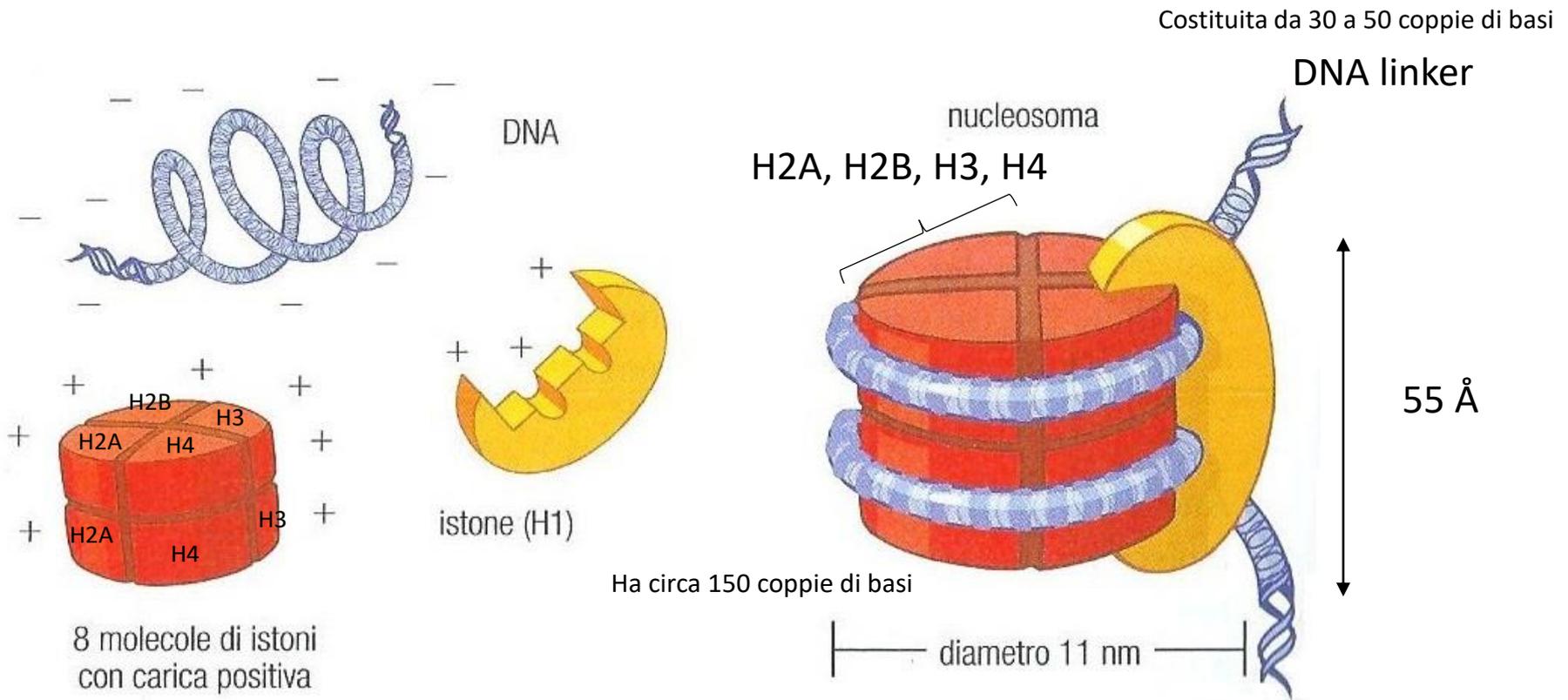
Proteine con funzione di **recettori ormonali**

Proteine **regolatrici** di vario tipo



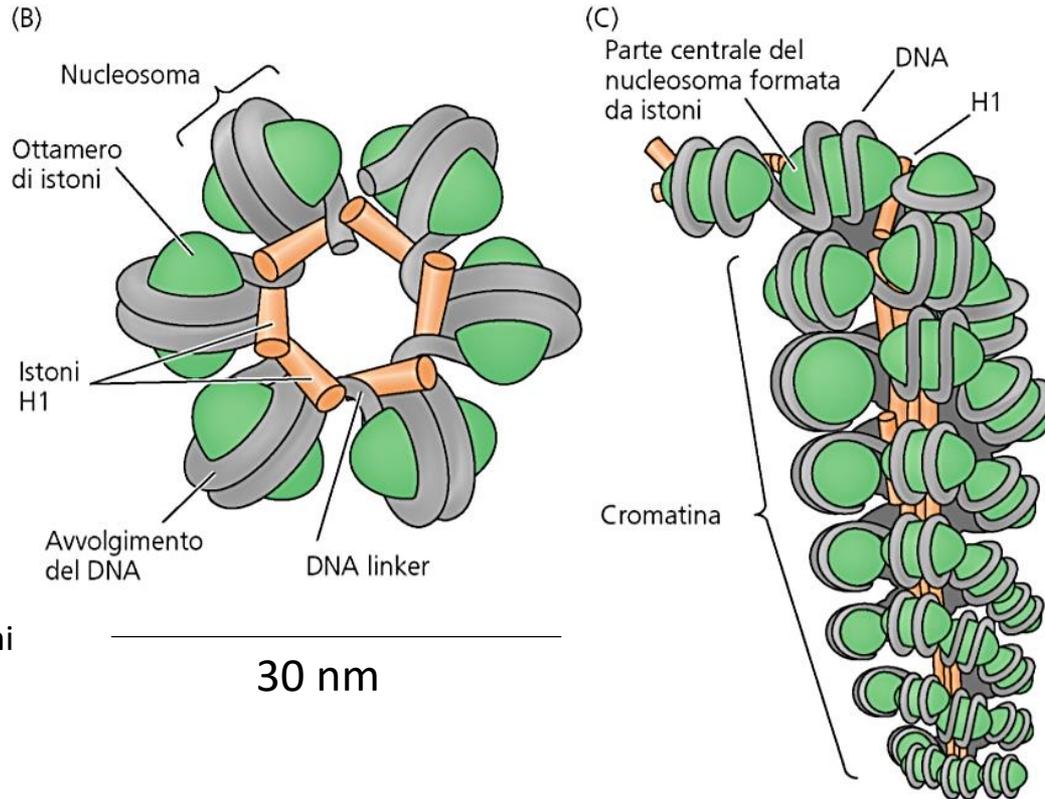


Ogni fibra di cromatina è una catena di nucleosomi uniti fra loro da giunzioni flessibili sime alle perle di una collana



# Impacchettamento dei nucleosomi nella fibra di cromatina

## Solenioide



Circa 1200 bp per ogni giro del solenoide

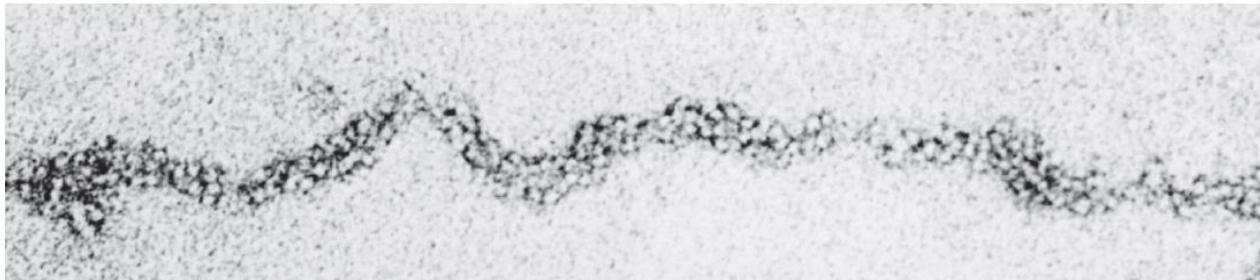
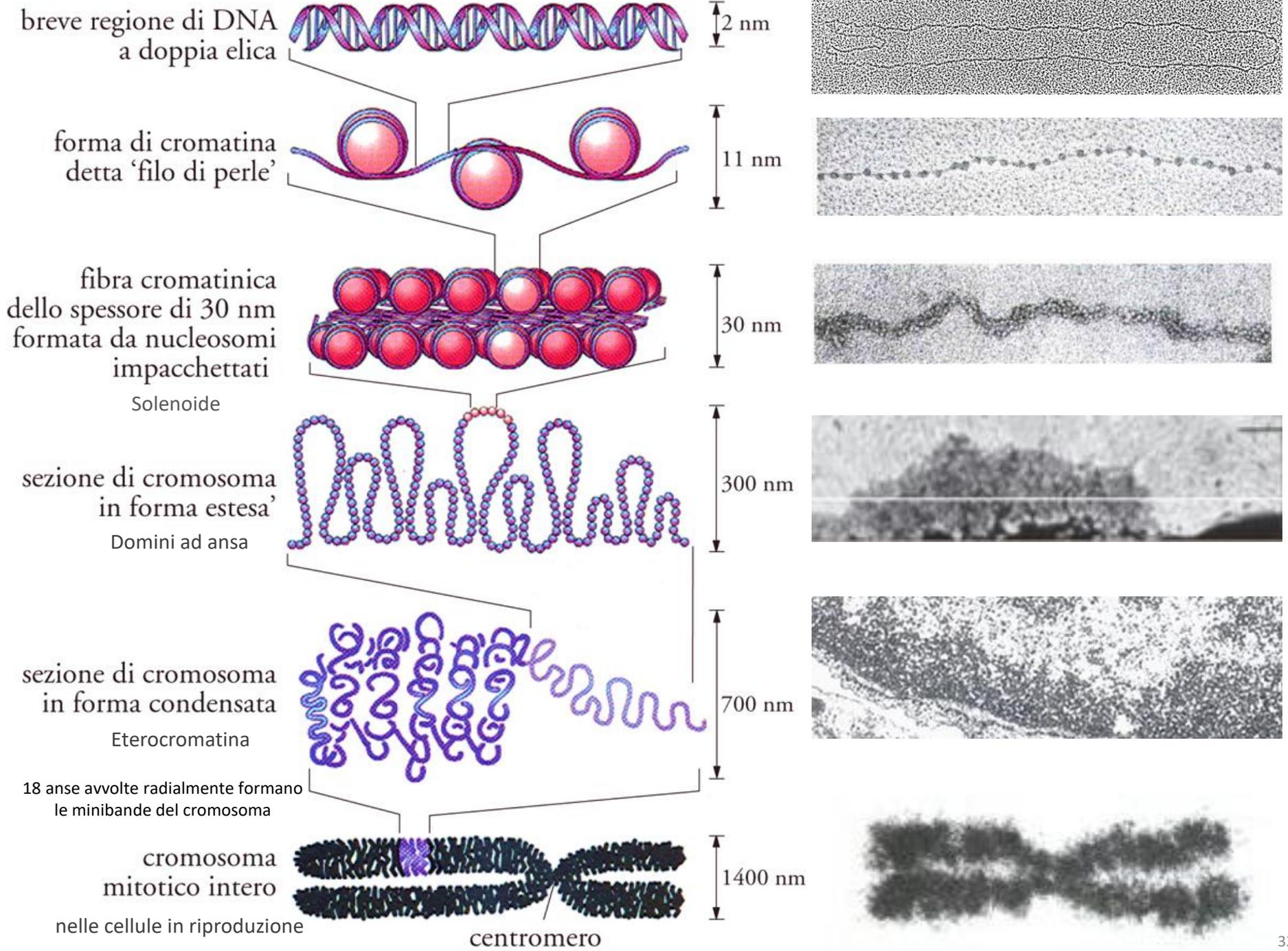
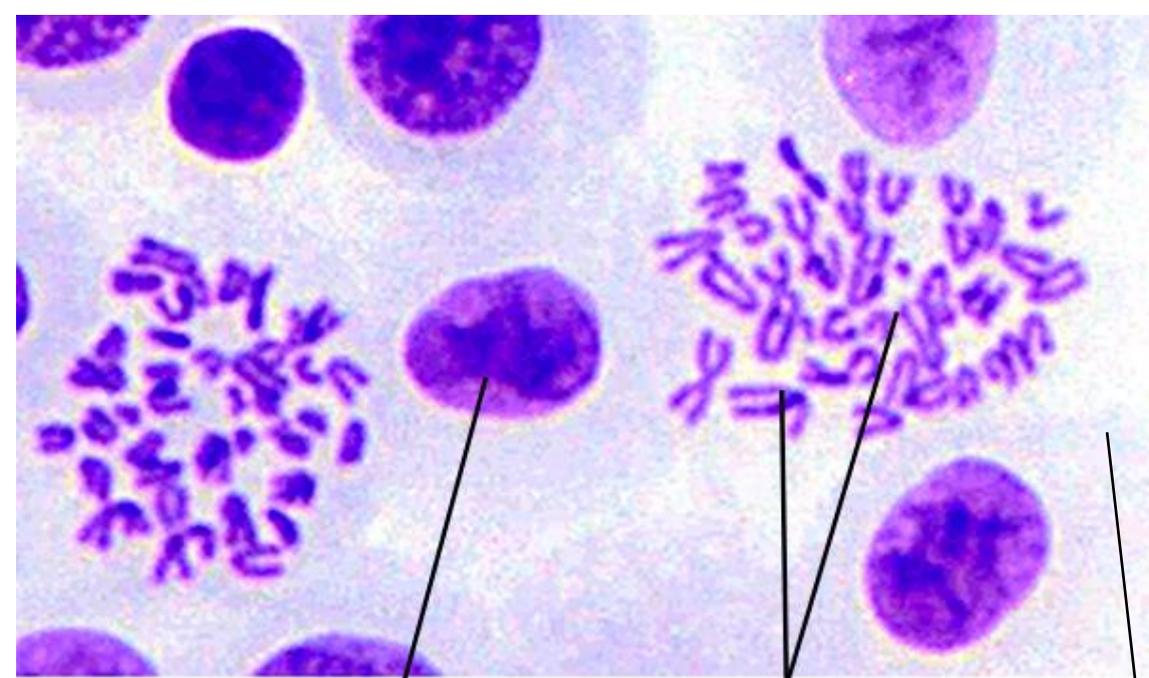


Immagine al M.E. della struttura





nucleo

cromosomi

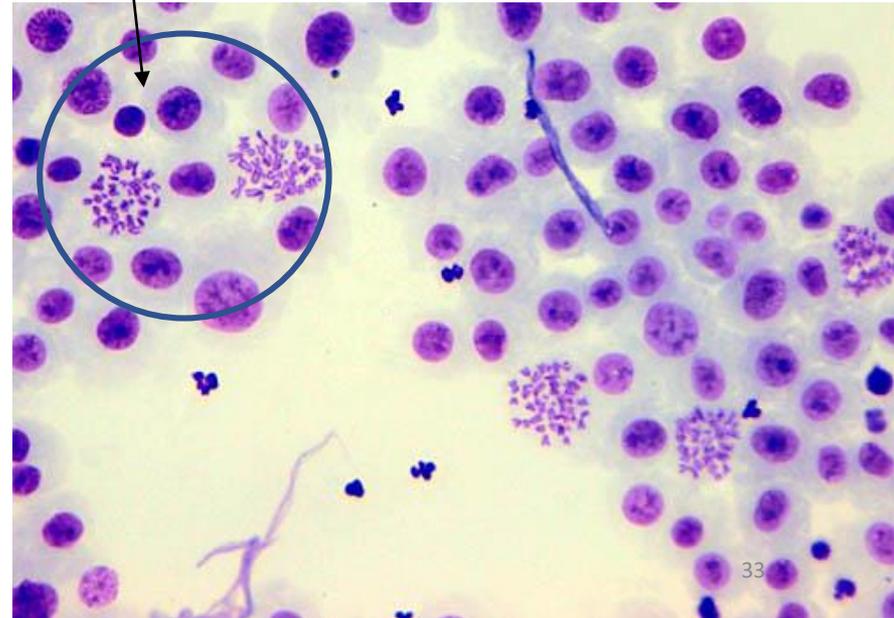
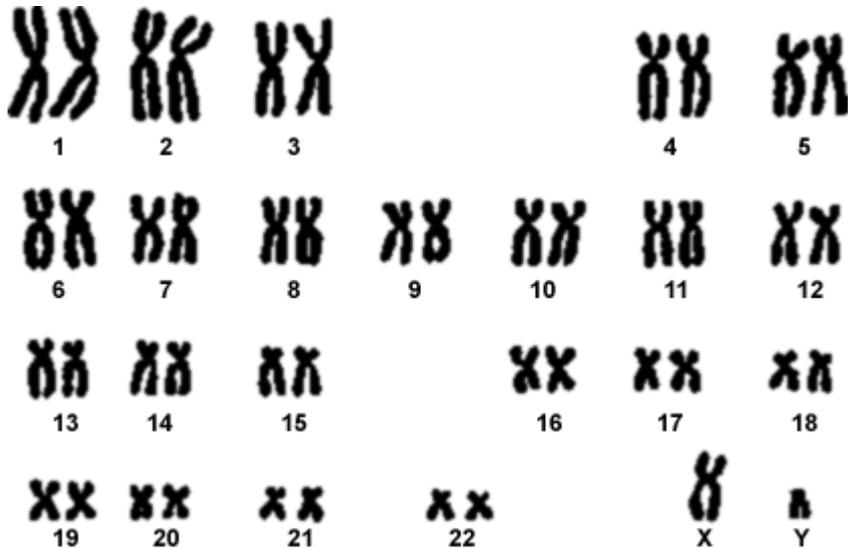
I 46 cromosomi umani sono suddivisi in 23 coppie:

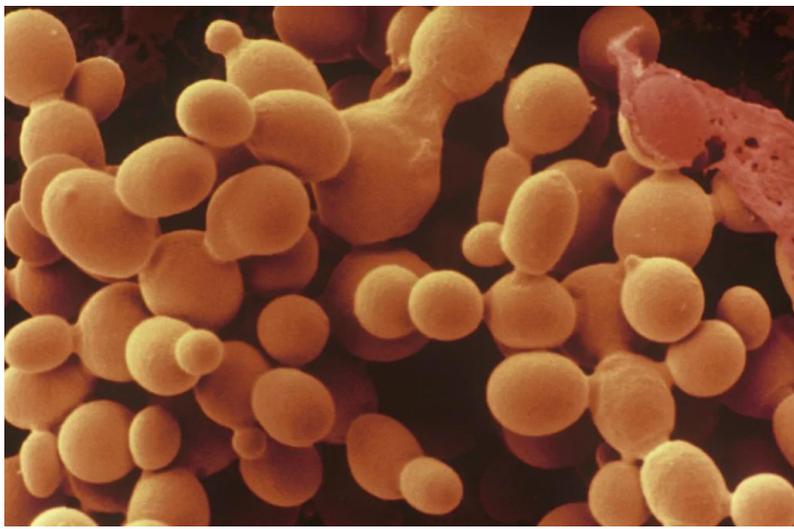
22 di cromosomi omologhi (autosomi)

1 di cromosomi sessuali (eterosomi)

<http://www.atlanteistologia.unito.it/>

<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0/it>

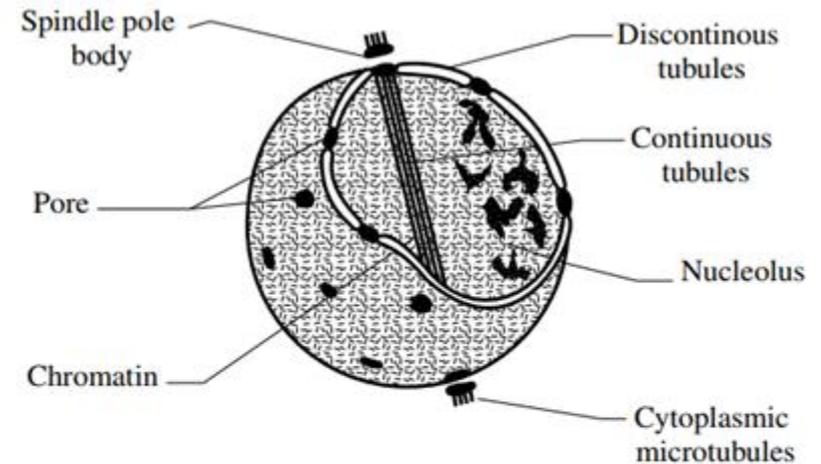
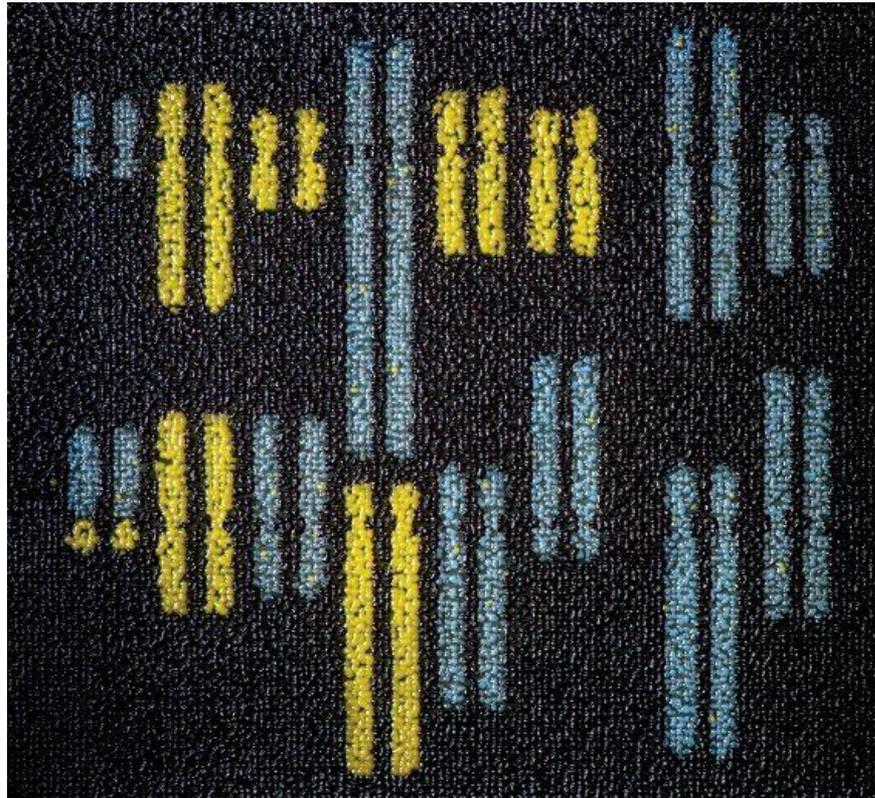




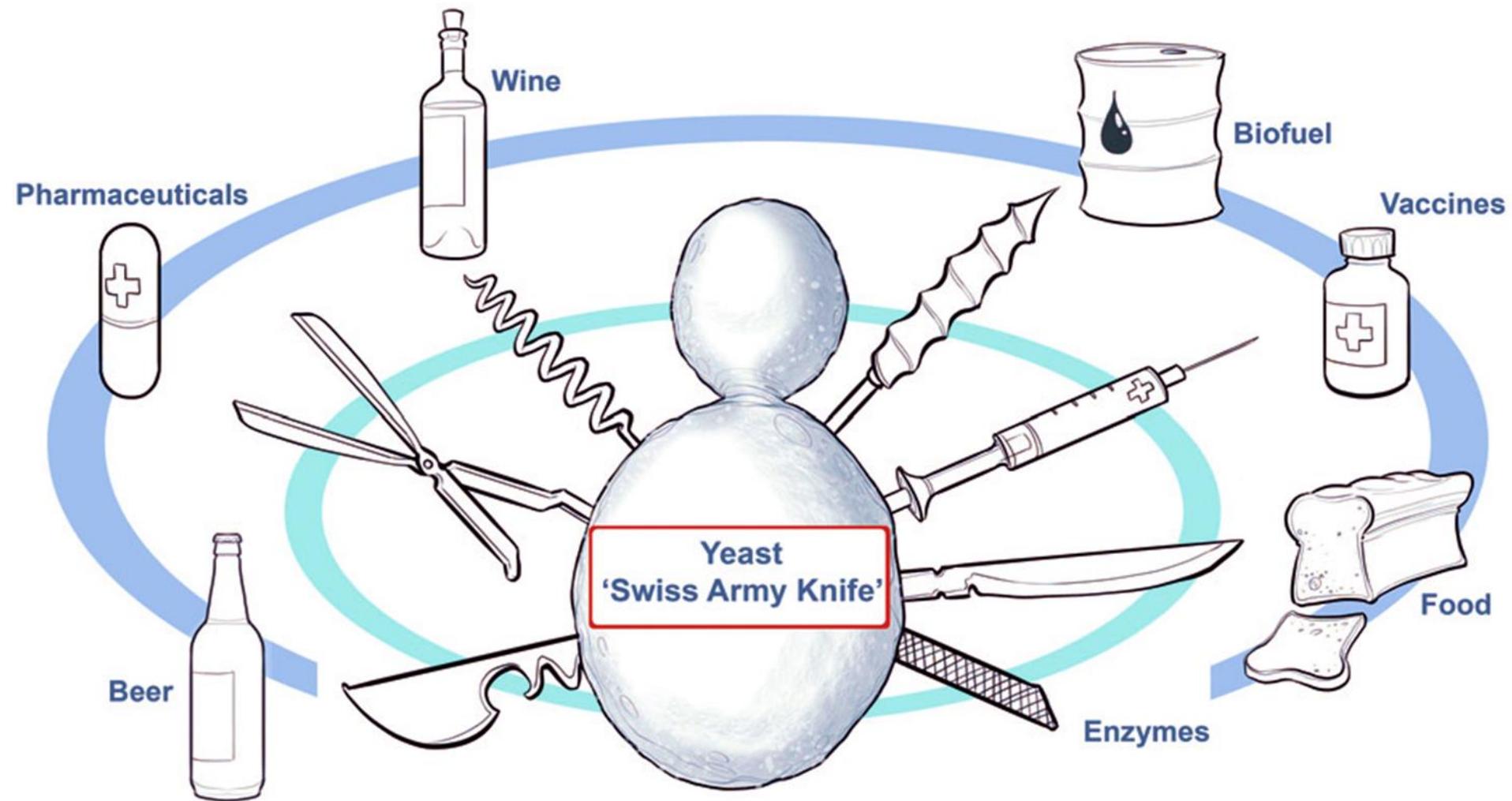
## I cromosomi del lievito

Il nucleo di lievito è sferico e si trova **vicino al vacuolo principale** nelle cellule non proliferanti, presenta poco DNA nucleare. *S. cerevisiae* ha 16 cromosomi, questa specie ha un elevato polimorfismo cromosomico. Tale caratteristica ha reso l'analisi del cariotipo uno dei criteri principali per l'identificazione dei ceppi di *S. cerevisiae*.

Il genoma di *Vitis vinifera* e oscilla tra 19 e 20 coppie di cromosomi



**Fig. 1.10.** The yeast nucleus (Williamson, 1991). SPB = Spindle pole body; NUC = Nucleolus; P = Pore; CHR = Chromatin; CT = Continuous tubules; DCT = Discontinuous tubules; CTM = Cytoplasmic microtubules

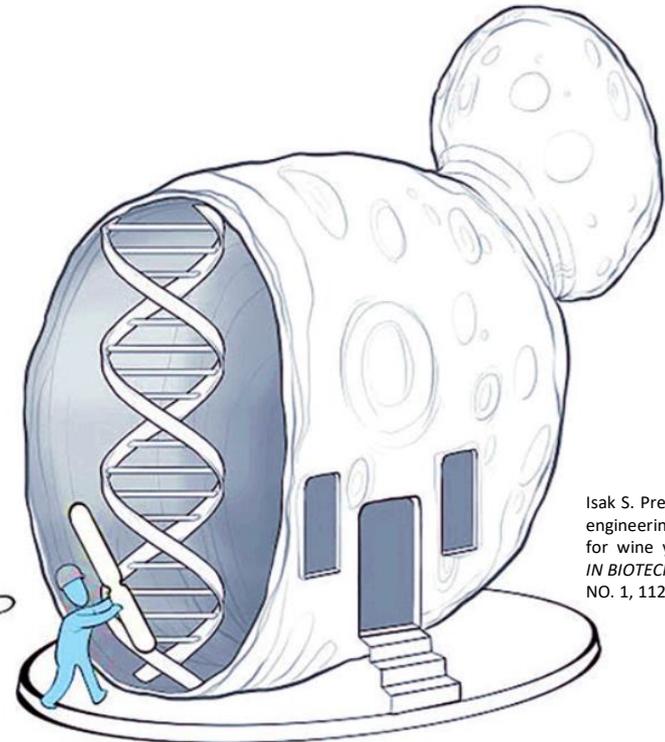
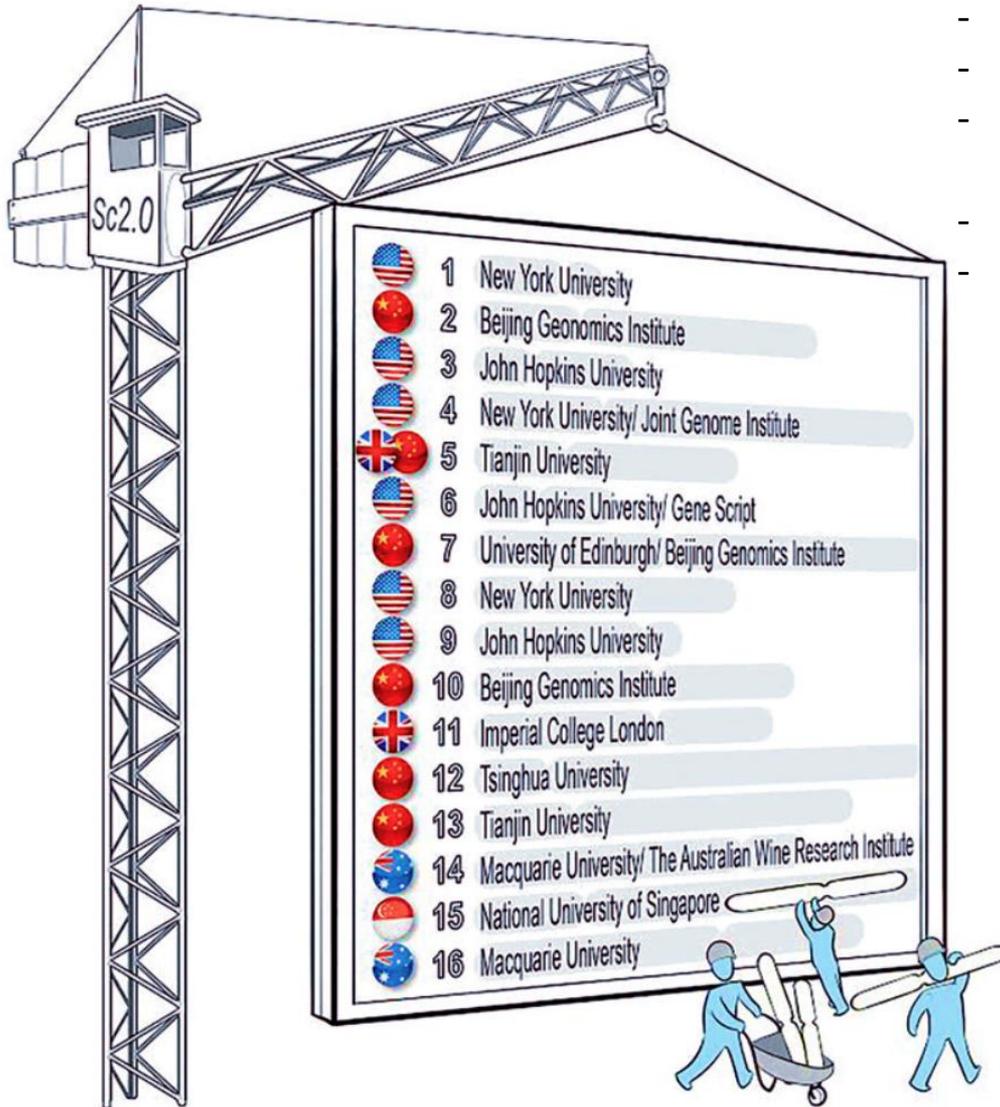


Il *Saccharomyces cerevisiae* è il cavallo di battaglia dell'industria della fermentazione perché produce un'ampia gamma di alimenti fermentati, bevande, biocarburanti e prodotti farmaceutici.

Il progetto internazionale «Synthetic Yeast Genome» avviato da un consorzio di una dozzina di laboratori di cinque paesi (Stati Uniti, Regno Unito, Australia, Cina e Singapore), ha come obiettivo sintetizzare, chimicamente, tutti i 16 cromosomi di *Saccharomyces cerevisiae*.

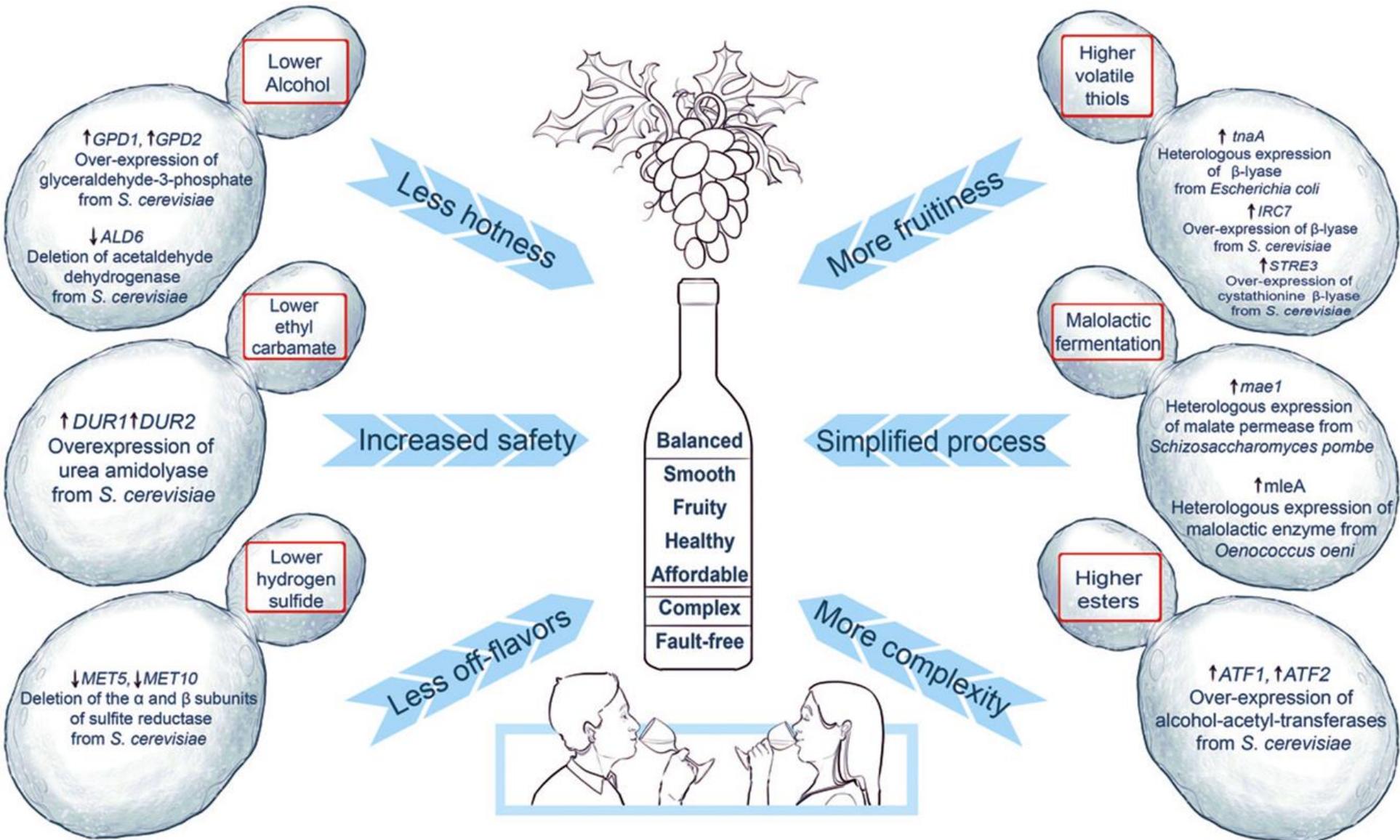
Lo scopo del progetto è rispondere a una serie di domande come:

- l'organizzazione del genoma,
- la funzione dello splicing dell'RNA,
- in che misura i piccoli RNA giocano un ruolo nella biologia del lievito,
- la distinzione tra procarioti ed eucarioti,
- le domande relative alla struttura e all'evoluzione del genoma”.

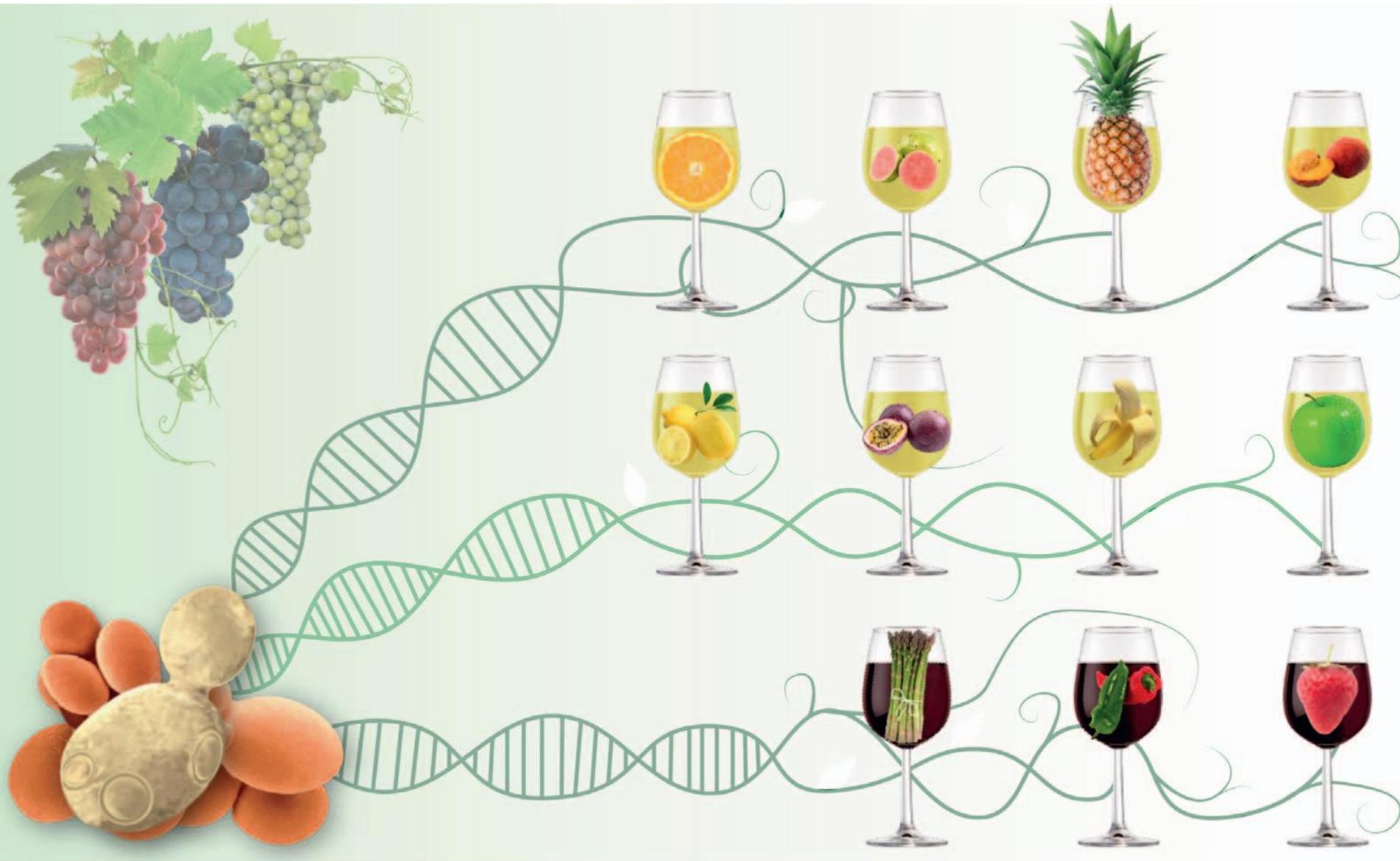


Isak S. Pretorius. Synthetic genome engineering forging new frontiers for wine yeast. *CRITICAL REVIEWS IN BIOTECHNOLOGY*, 2017, VOL. 37, NO. 1, 112–136

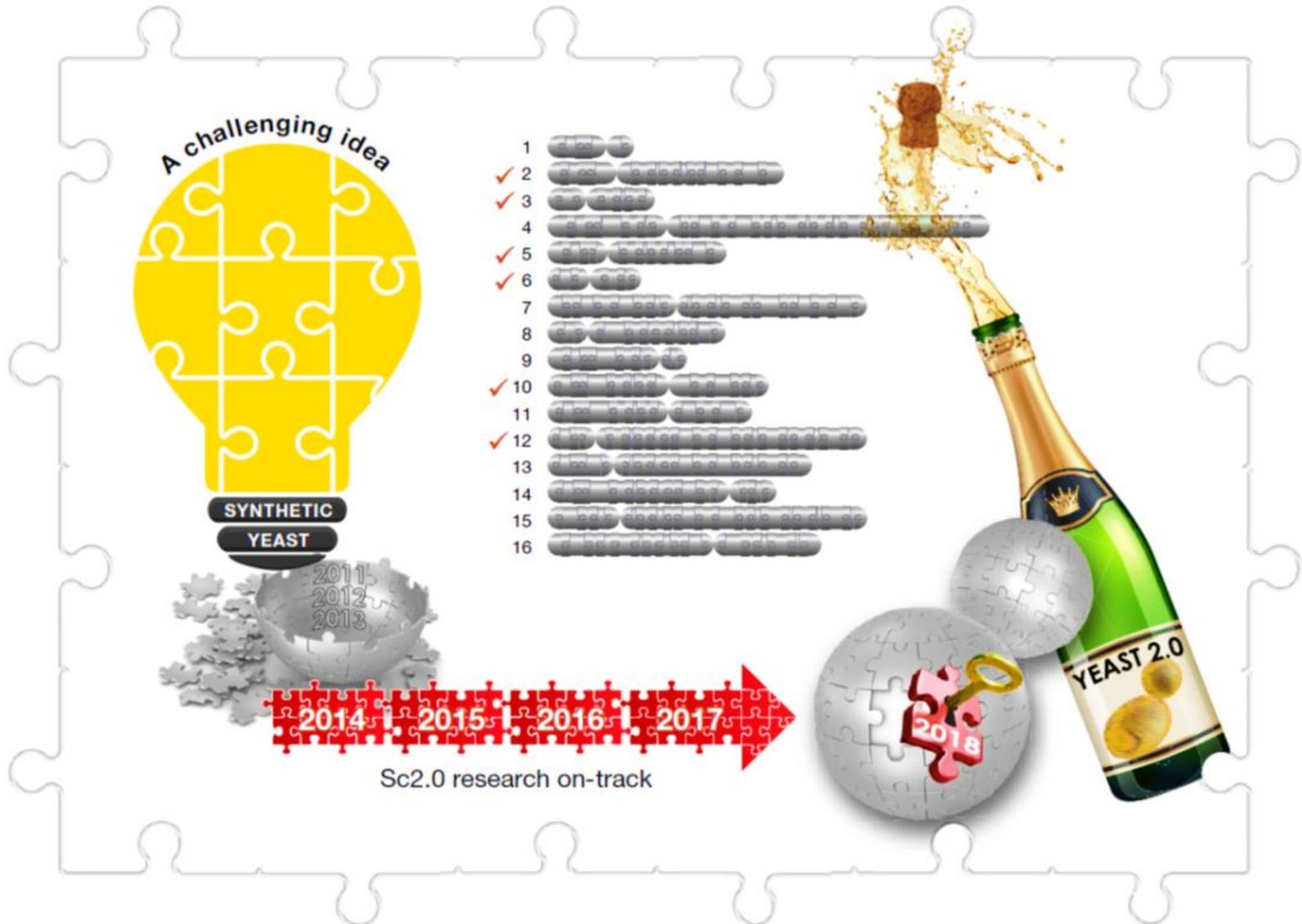
# Il *Saccharomyces cerevisiae* geneticamente modificato nel vino



Il genoma modificato di un ceppo di lievito può potenzialmente produrre vino con un profilo aromatico personalizzato e per un particolare tipo di mercato.



# Il progetto internazionale Synthetic Yeast Genome ha già sintetizzato 6 dei 16

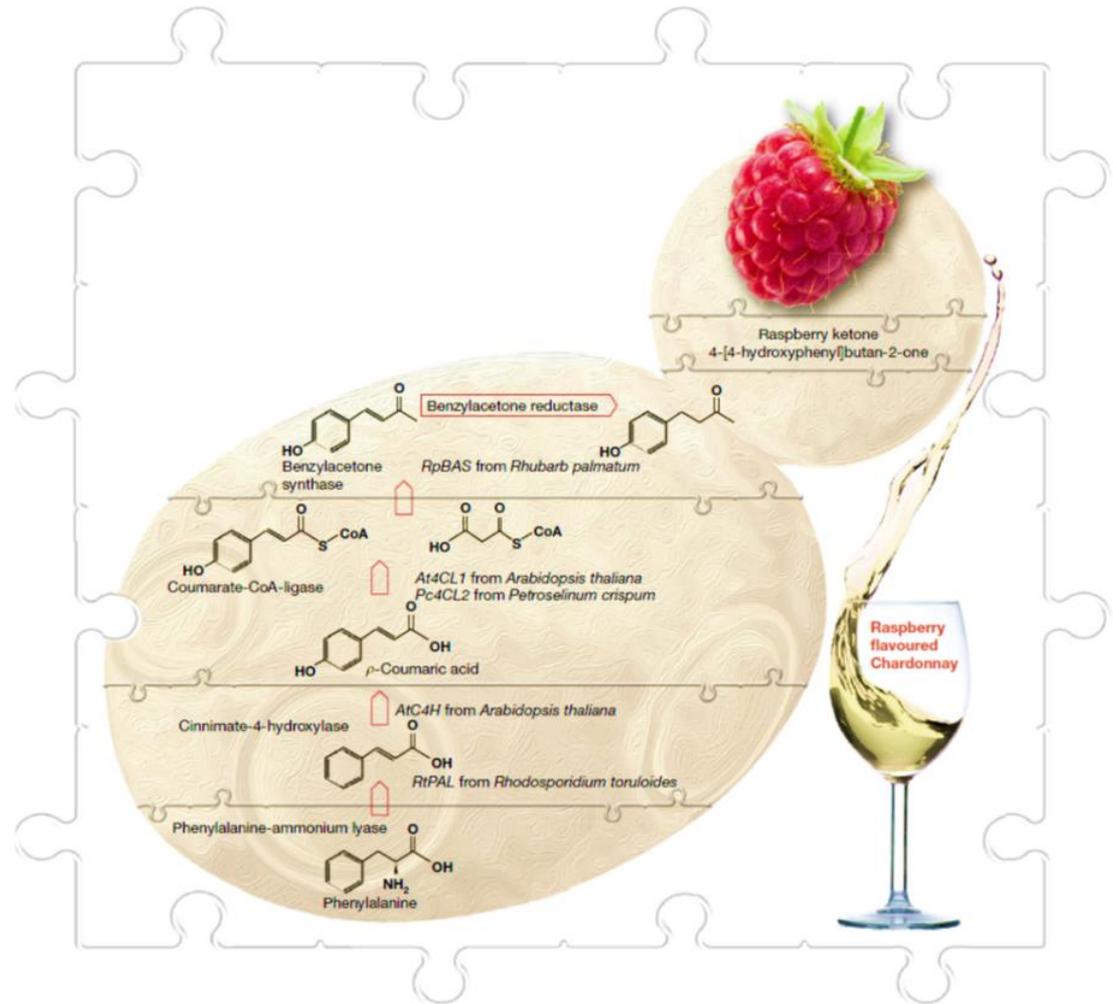


# Il primo lievito semisintetico in grado di produrre vino Chardonnay dall'aroma di lampone.

I geni sintetici che codificano per la produzione di un chetone profumato al lampone (4-[4-idrossifenil]-butan-2-one) sono quattro e sono stati incorporati in un ceppo di lievito di vino.

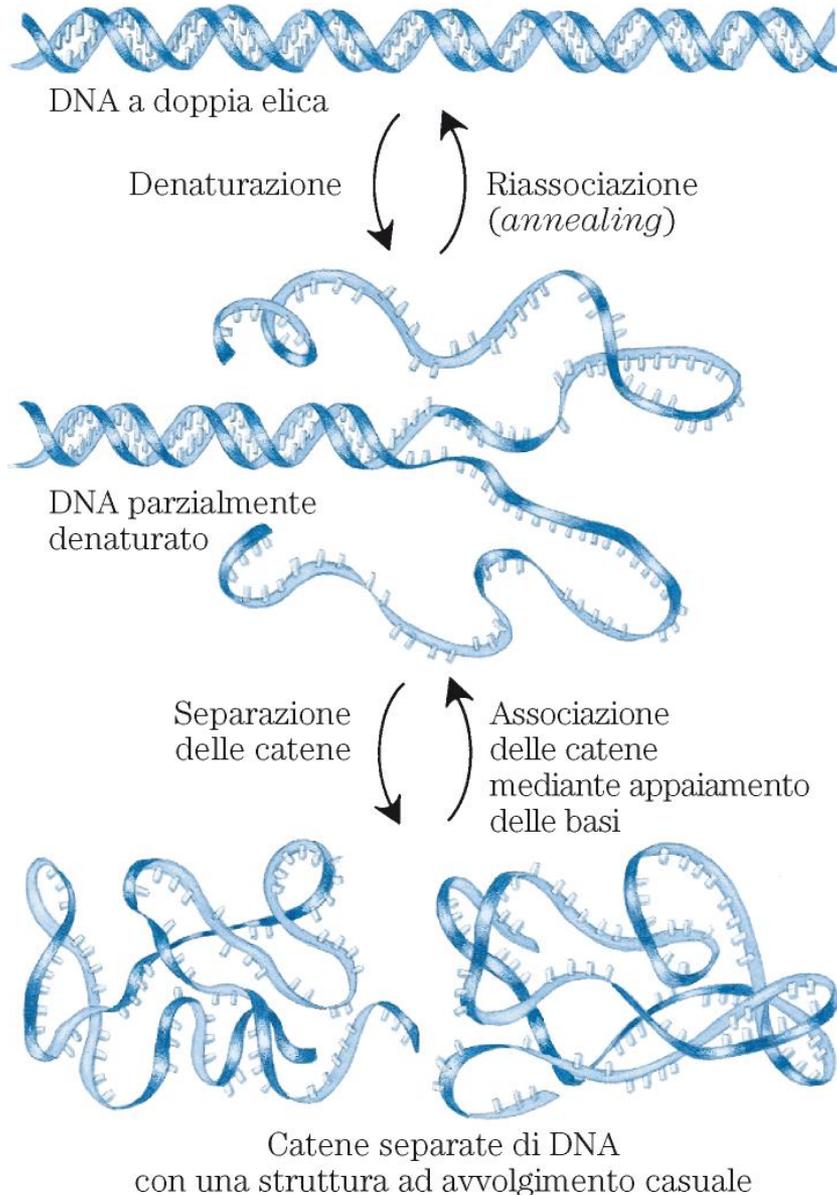
Attualmente in Italia è fatto divieto di coltivare OGM se non a scopo di ricerca scientifica. Esiste però anche un regolamento che sancisce la possibilità di commercializzare OGM, purché etichettati come tali.

Il vino viene spesso associato alla tradizione ed è considerato un “prodotto naturale”. Data la tendenza attuale dei consumatori di vino italiani, ovvero di totale rifiuto dei prodotti OGM, i produttori sono frenati dalla possibile reazione negativa da parte dei consumatori.



Isak S Pretorius. Solving yeast jigsaw puzzles over a glass of wine. Synthetic genome engineering pioneers new possibilities for wine yeast research. EMBO reports Vol 18, N° 11, 2017

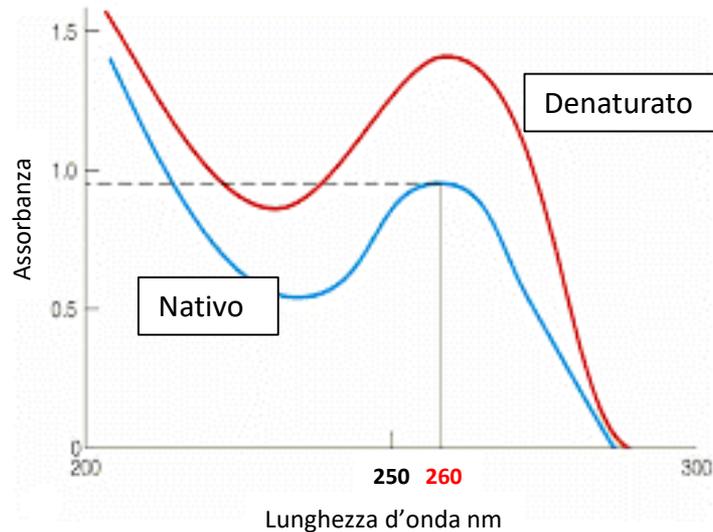
## Denaturazione reversibile e riassociazione (*annealing*) del DNA



- Le soluzioni di DNA nativo sono altamente viscosi a pH 7 e a T di 20-25°C.
- Quando la soluzione viene portata a pH estremi o T al di sopra di 80-90°C la viscosità diminuisce bruscamente causando la denaturazione o fusione del DNA a doppia elica.
- Il processo avviene mediante la rottura delle interazioni idrofobiche tra le basi impilate.
- Quando la temperatura o il pH ritornano a quelli normali fisiologici si segmenti srotolati si riavvolgono (*annealing*) spontaneamente rigenerando il filamento duplex intatto.

# La doppia elica può fondere reversibilmente

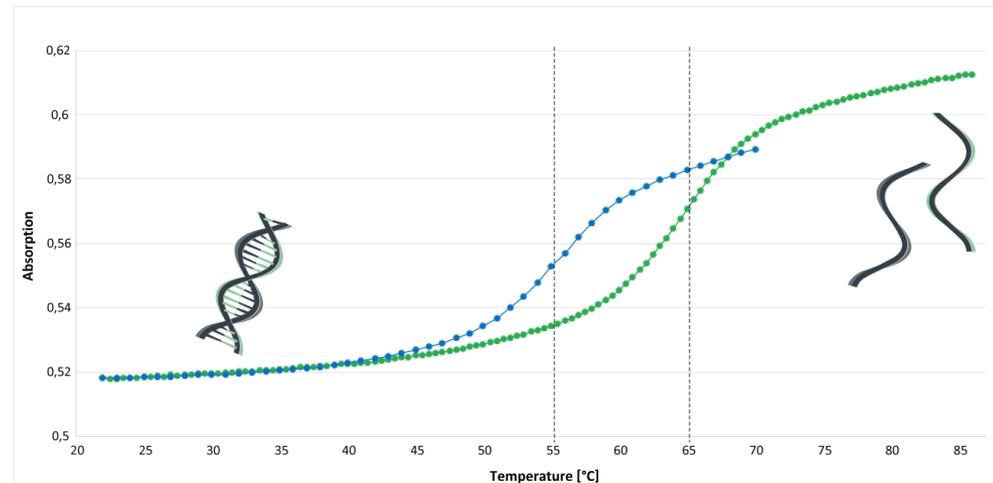
## L'effetto ipercromico



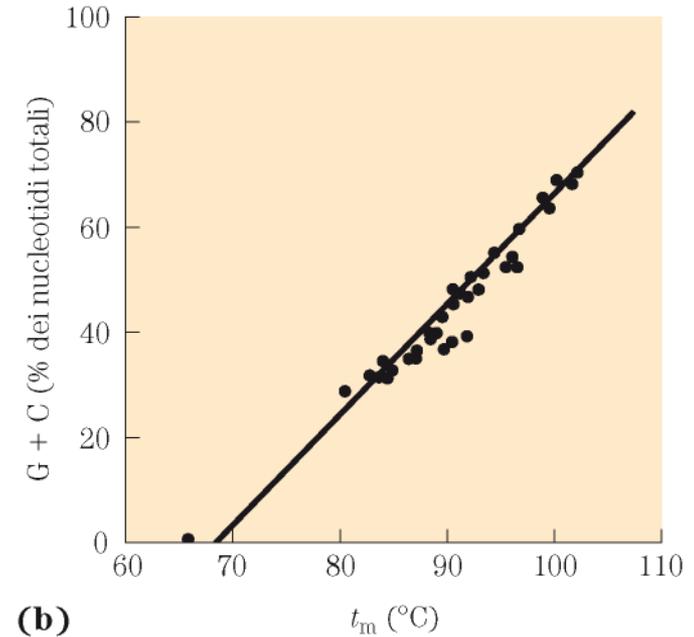
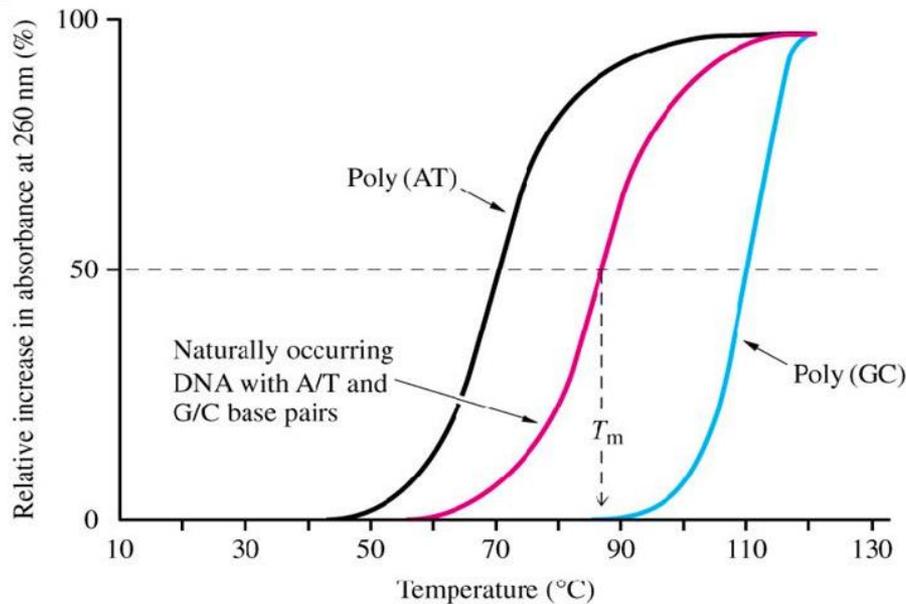
L'assorbimento della luce a 260 nm di una soluzione di DNA aumenta quando la doppia elica fonde in filamenti singoli.

Lo svolgimento dell'elica è chiamato fusione perché avviene bruscamente ad una temperatura ( $T_m$ ) alla quale metà della struttura ad elica viene perduta.

Il fatto che la transizione avvenga bruscamente suggerisce che la doppia elica è una struttura cooperativa



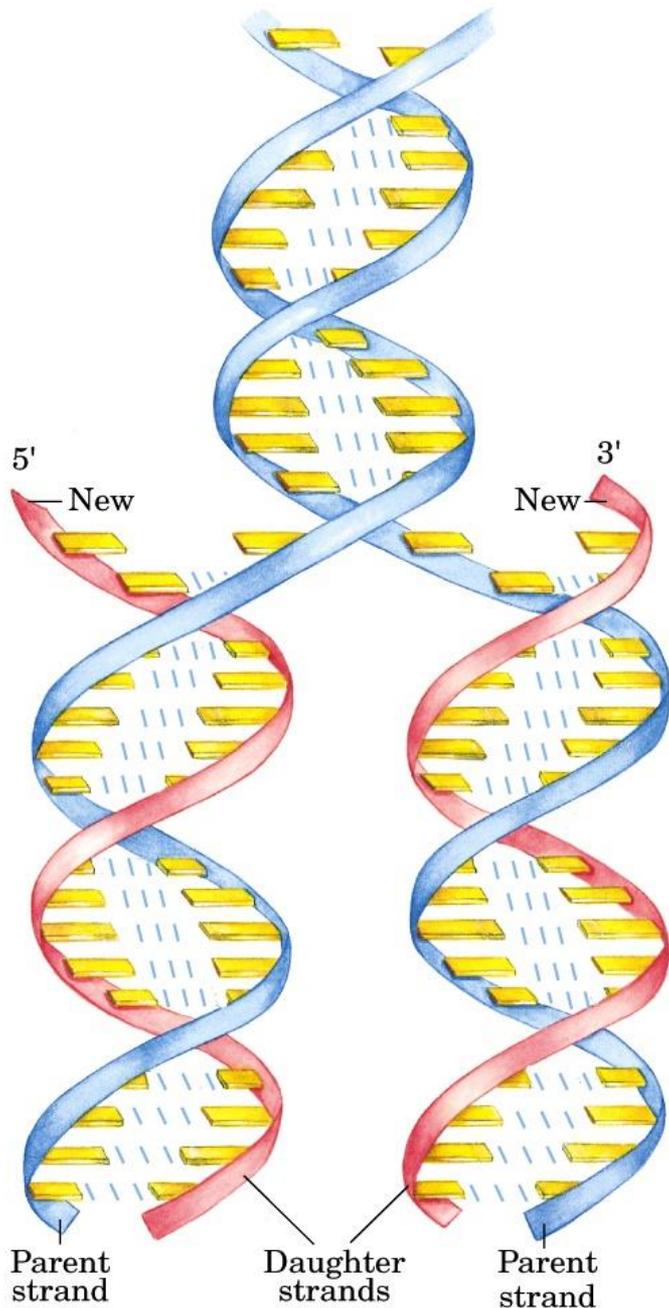
# Le curve di fusione del DNA



**(b)** La  $T_m$  del DNA varia linearmente con il contenuto in GC da 77° a 100°C

- La temperatura di fusione ( $T_m$ ) di una molecola di DNA aumenta in proporzione alla % di GC presente nella molecola.
- Le coppie GC sono più stabili delle coppie AT, poiché formano tre legami idrogeno e non due.
- La transizione avviene bruscamente, essendo la doppia elica una struttura altamente cooperativa.

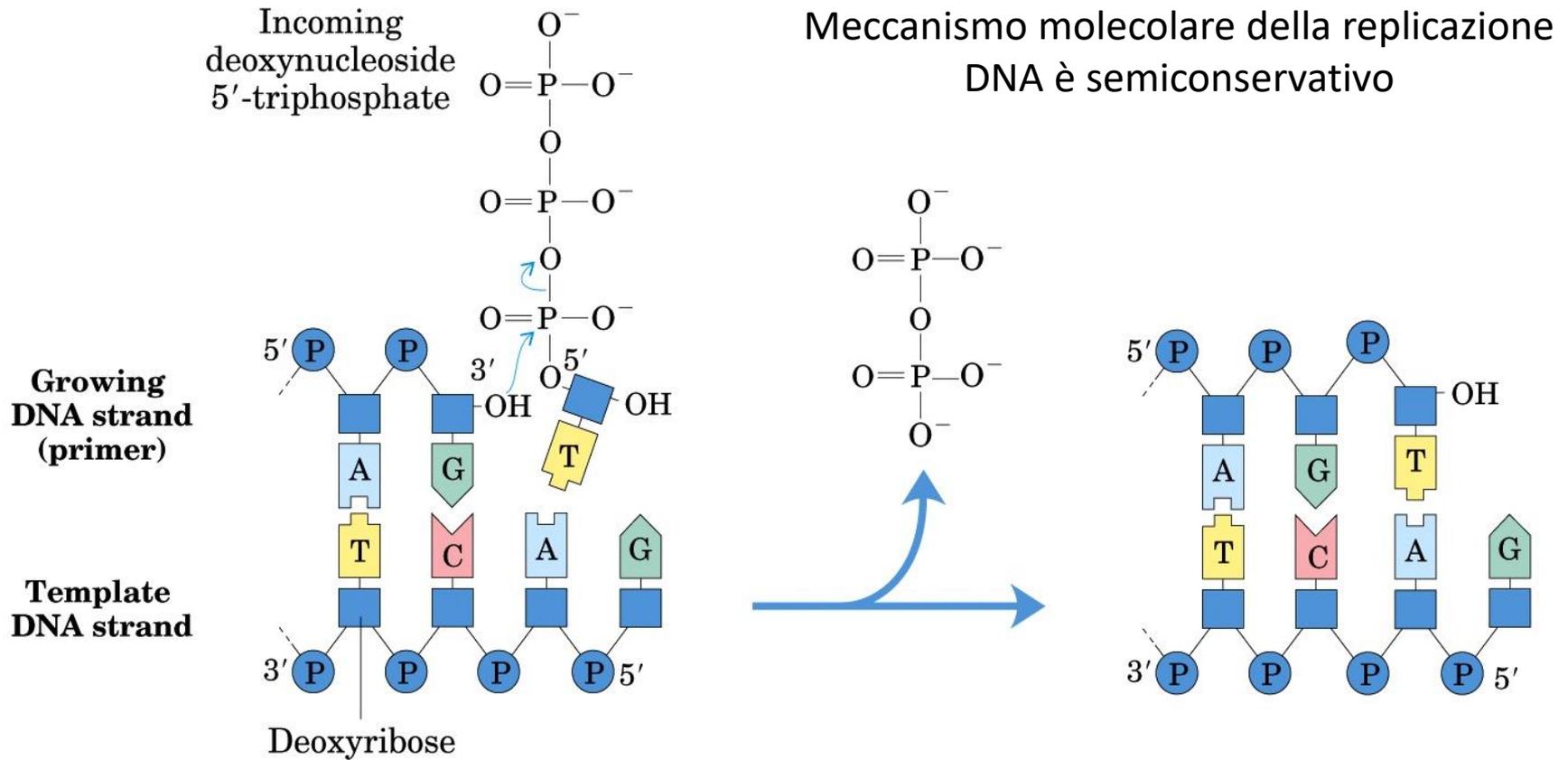
## La natura semiconservativa della replicazione del DNA



Ciascun filamento funge da stampo per un nuovo filamento complementare.

Quando la replicazione è completata, ci saranno due molecole figlie di DNA a doppia elica, ciascuna identica nella sua sequenza alla molecola parentale.

# LA SINTESI DEL DNA



La reazione di allungamento del DNA è catalizzata dalle DNA polimerasi

# LA SINTESI DEL DNA

---

## **Le DNA polimerasi:**

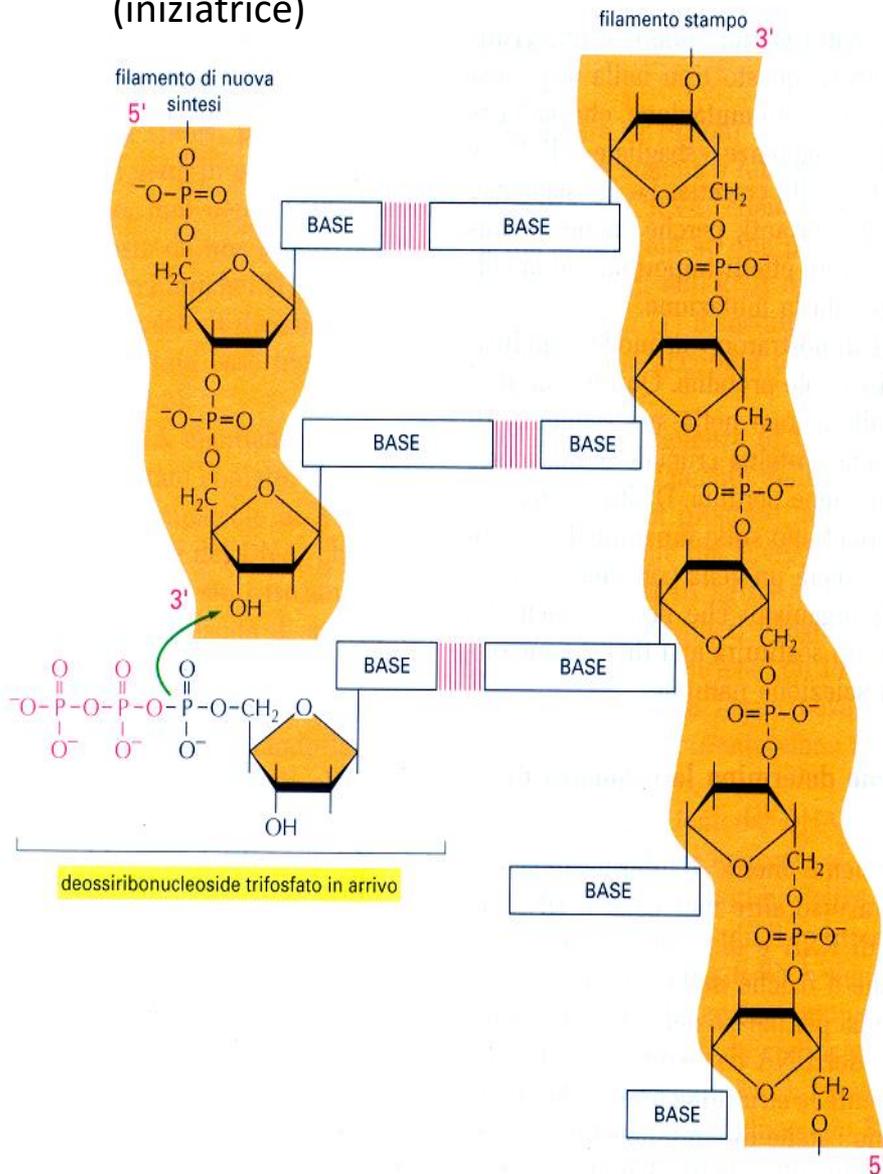
Catalizzano la reazione di sintesi in direzione 5' → 3'

Sono necessari:

- 4 deossiribonucleosidi 5'-trifosfati
- ioni magnesio ( $Mg^{2+}$ )
- una catena primer (iniziatrice) con un gruppo 3'-OH libero
- uno stampo di DNA

**Aggiunge alla catena un singolo deossiribonucleotide per volta.**

## Catena primer (iniziatrice)



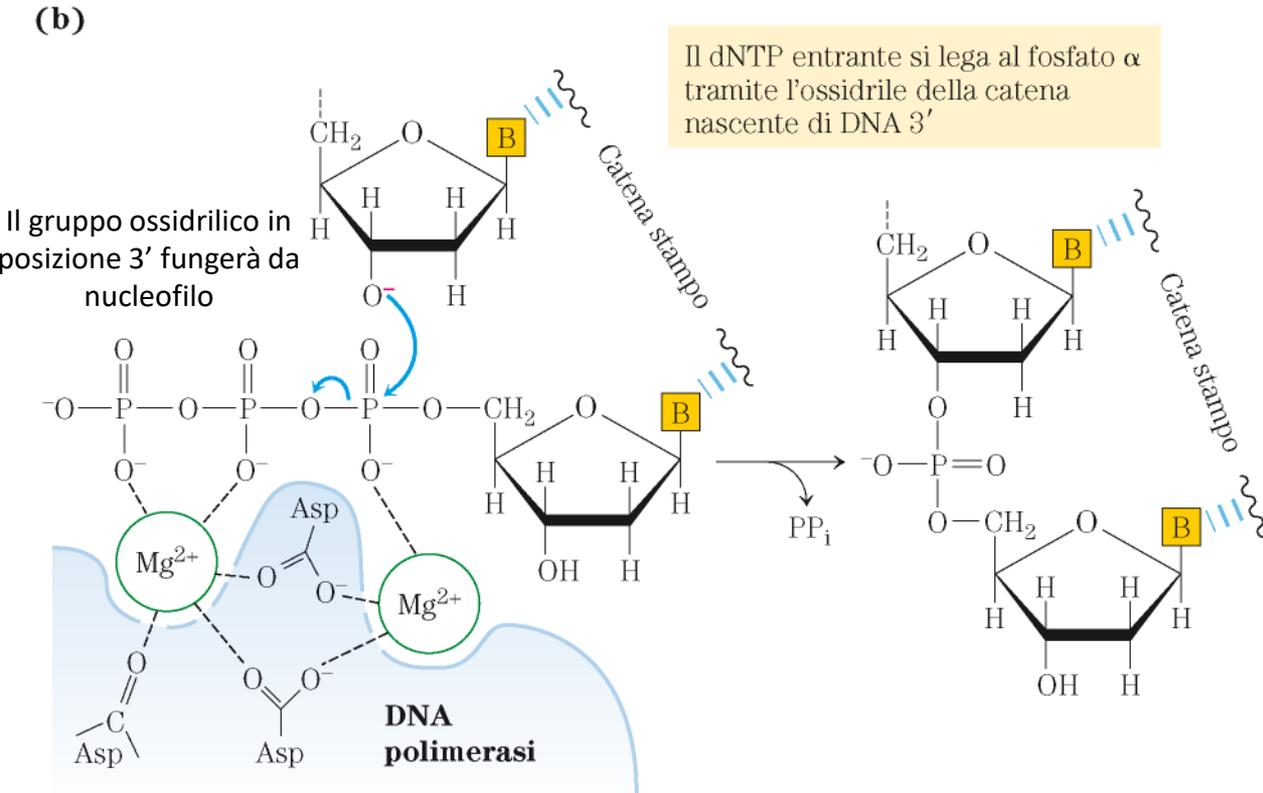
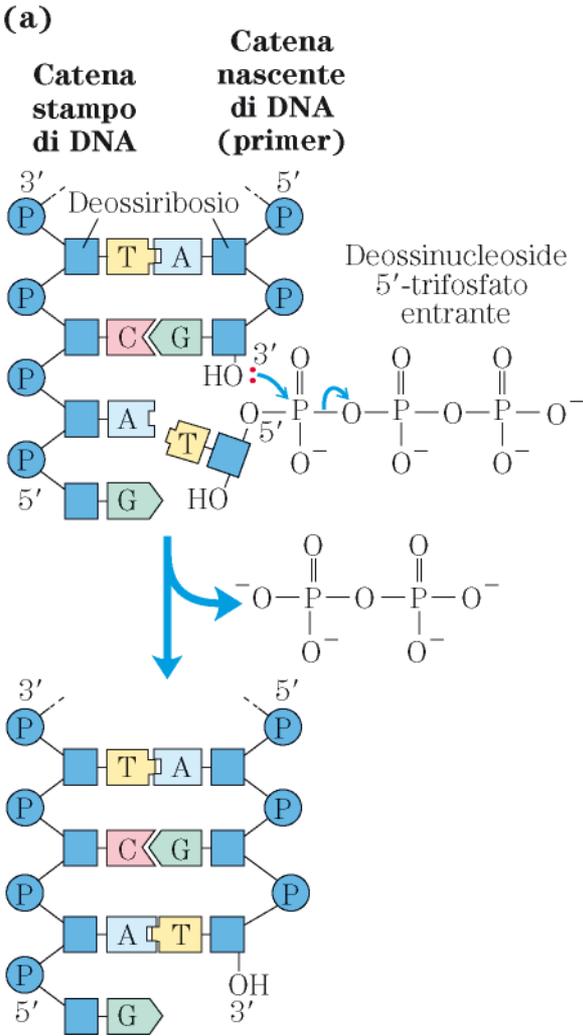
La reazione catalizzata consiste nell'unione nucleofila del terminale 3-OH' del primer all'atomo di fosforo più interno di un deossiribonucleoside trifosfato, per formare un ponte fosfodiesterico con rilascio di  $PP_i$ .

L'allungamento della catena di DNA procede in direzione  $5' \rightarrow 3'$ .

La polimerasi può aggiungere nucleotidi a una catena già preesistente.

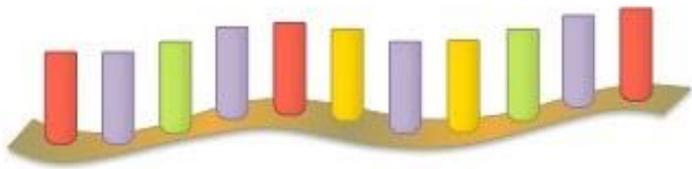
Nella duplicazione del DNA, il primer è un breve filamento singolo di RNA. Questo filamento di RNA, complementare al filamento stampo del DNA, è sintetizzato, nucleotide dopo nucleotide, da un enzima chiamato *primasi*. Al termine della duplicazione, il primer viene eliminato e sostituito da DNA.

# LA SINTESI DEL DNA

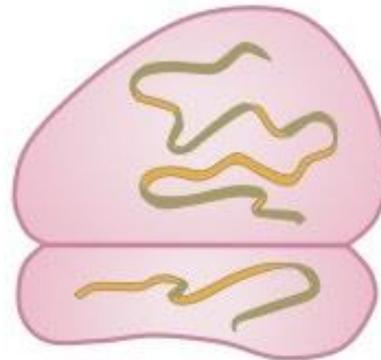


# I principali tipi di RNA e la loro struttura

---



**RNA messaggero (mRNA)**



**RNA ribosomiale (rRNA)**



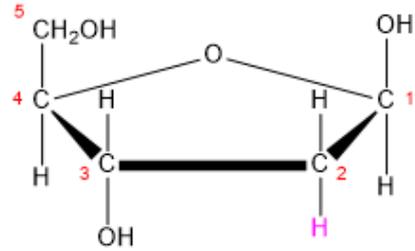
**RNA di trasferimento (tRNA)**



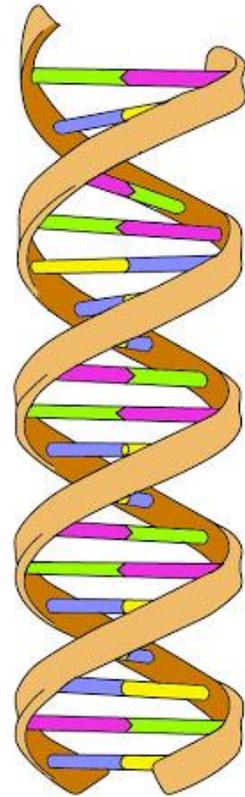
DNA

Vs

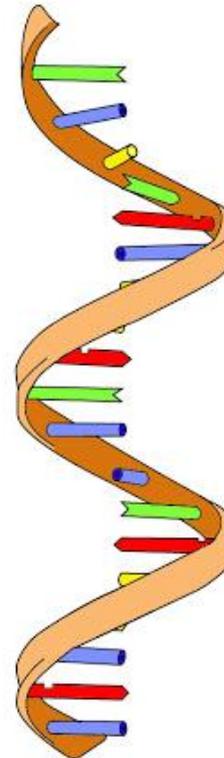
RNA



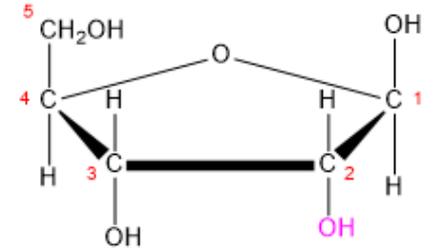
desossiribosio



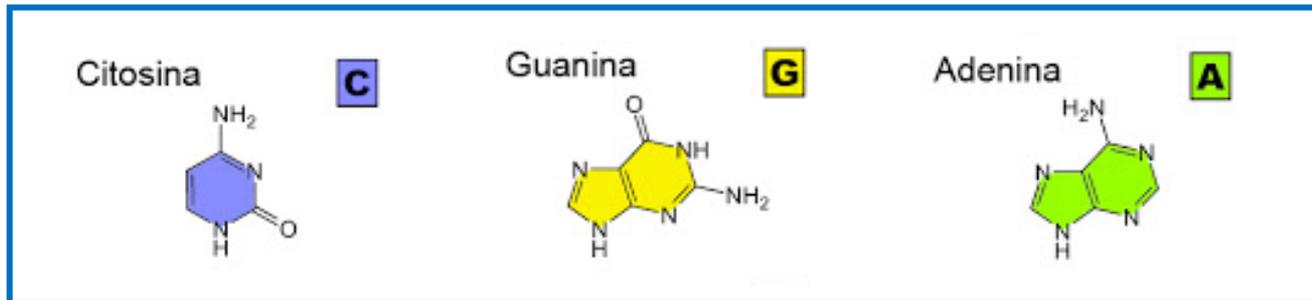
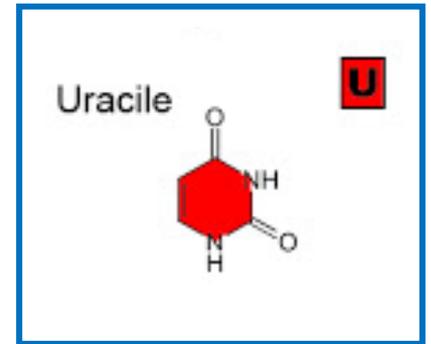
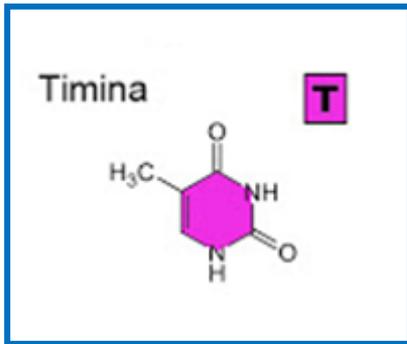
DNA  
Acido Desossiribonucleico



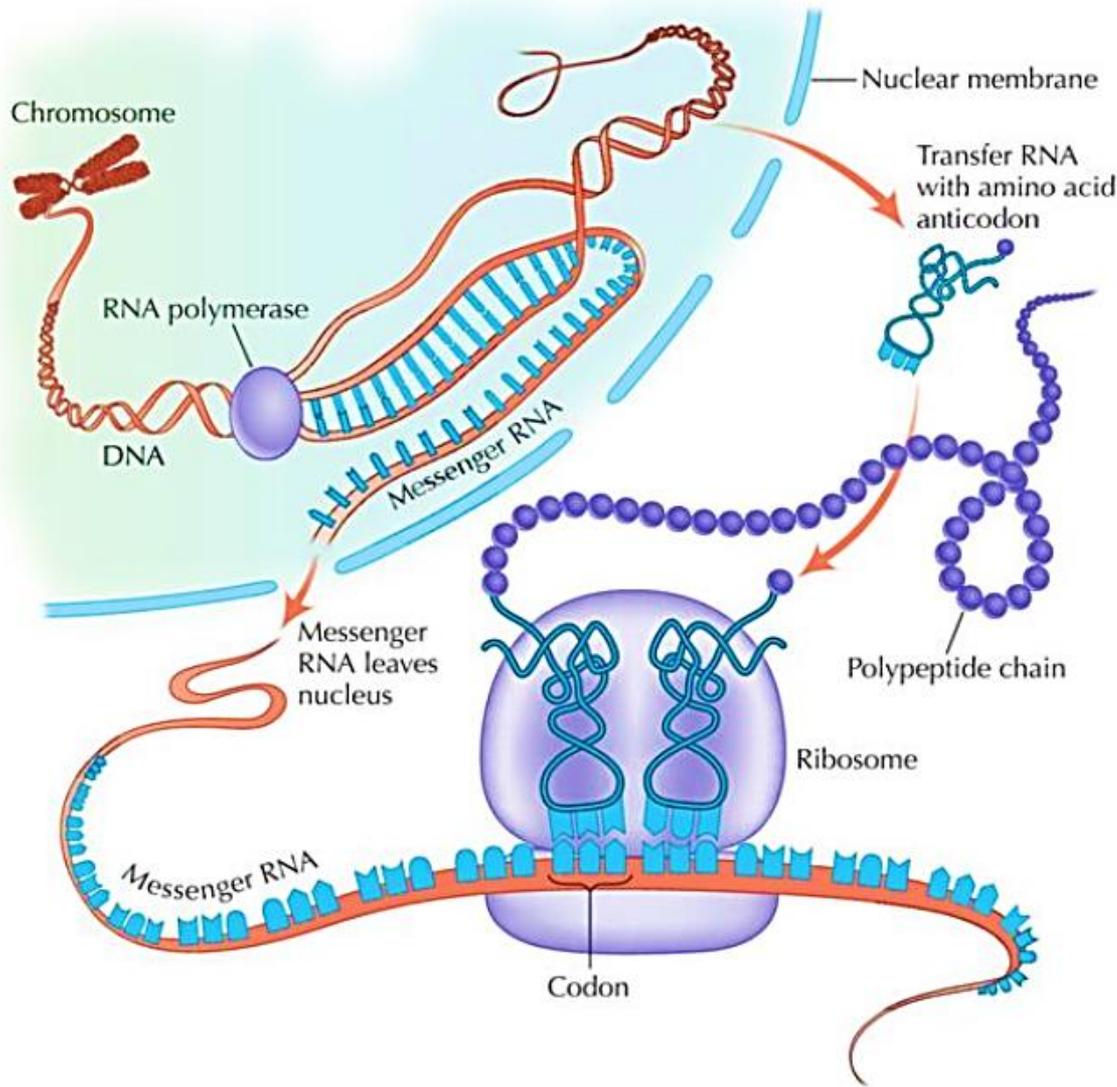
RNA  
Acido Ribonucleico



ribosio



# Trasmissione dell'informazione nelle cellule



## Replicazione del DNA:

produce due molecole di DNA identiche a quella originaria, assicurando la trasmissione dell'informazione genetica alle cellule figlie con eccezionale fedeltà.

## Trascrizione:

La sequenza di basi presente nel DNA viene registrata sotto forma di sequenza di basi complementari in una molecola di mRNA a singolo filamento.

## Traduzione:

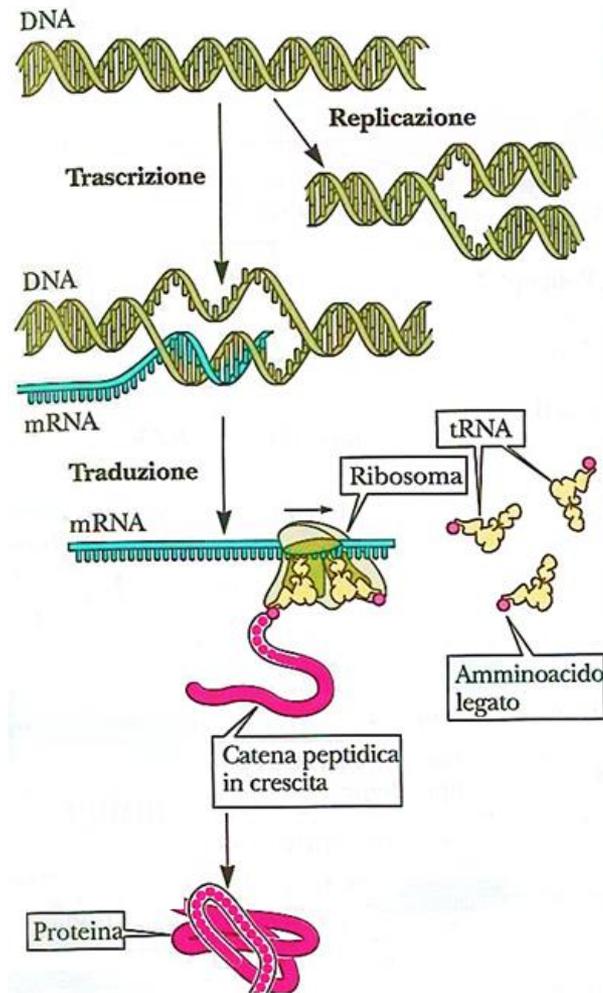
I codoni di tre basi presenti nell'mRNA, corrispondenti a specifici amminoacidi, dirigono a sequenza di sintesi di una proteina. Tali codoni sono riconosciuti dai tRNA che portano gli amminoacidi appropriati, i ribosomi costituiscono il «macchinario» per la sintesi proteica.

## RNA messaggero (mRNA): in una cellula costituisce circa il 5-10% dell'RNA

Le sequenze delle basi nei vari mRNA specificano l'ordine degli amminoacidi nelle proteine in una cellula.

La sequenza di basi dell'mRNA che dirige la sintesi proteica riflette la sequenza di basi del DNA del gene che codifica per quella proteina.

Dei quattro tipi di RNA il messaggero è quello che viene degradato più rapidamente.



### Replicazione

La replicazione del DNA produce due molecole di DNA identiche a quella originaria, assicurando la trasmissione dell'informazione genetica alle cellule figlie con eccezionale fedeltà.

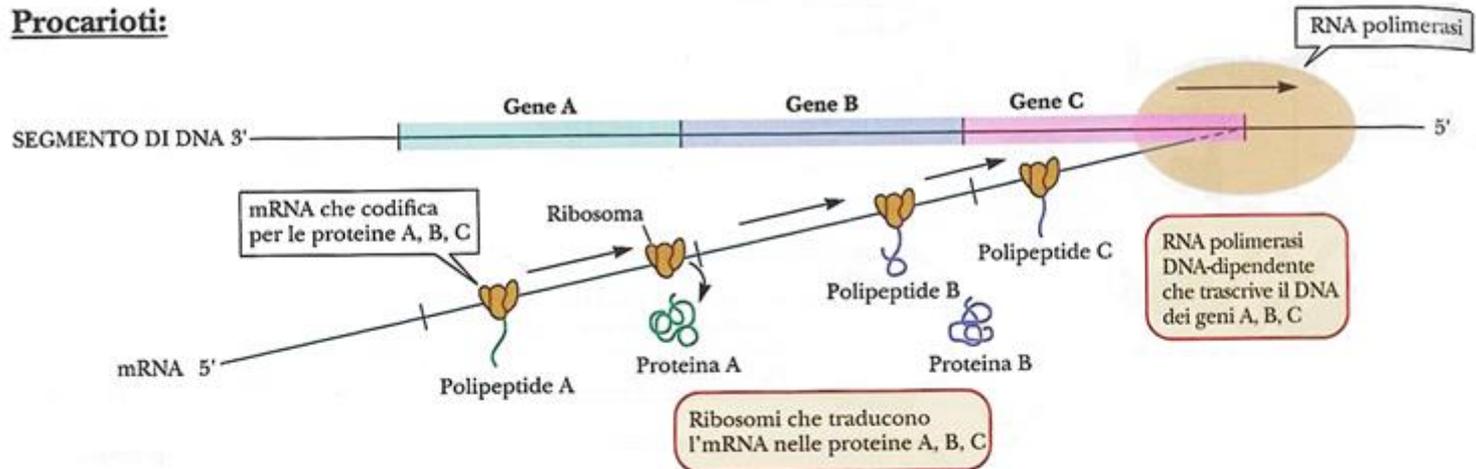
### Trascrizione

La sequenza di basi presente nel DNA viene registrata sotto forma di sequenza di basi complementari in una molecola di mRNA a singolo filamento.

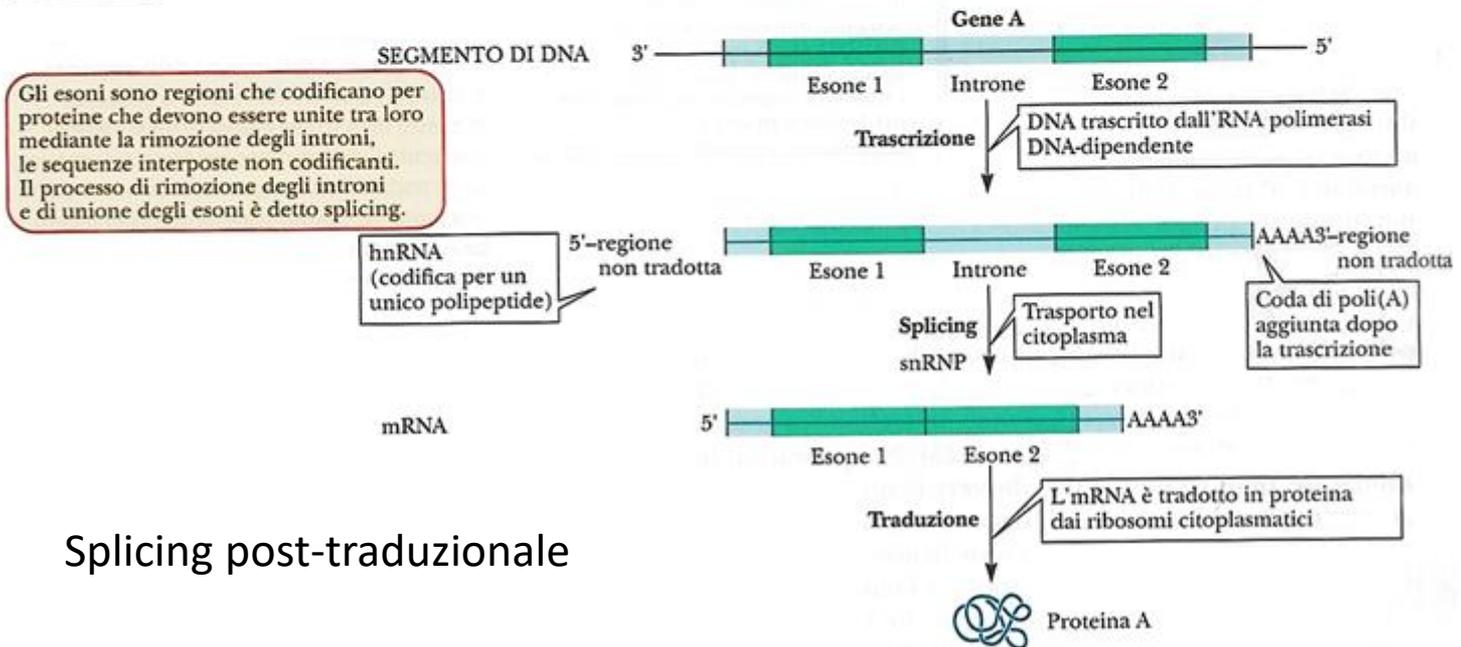
### Traduzione

I codoni di tre basi presenti nell'mRNA, corrispondenti a specifici amminoacidi, dirigono la sequenza di sintesi di una proteina. Tali codoni sono riconosciuti dai tRNA (RNA transfer) che portano gli amminoacidi appropriati. I ribosomi costituiscono il "macchinario" per la sintesi proteica.

## Procarioti:

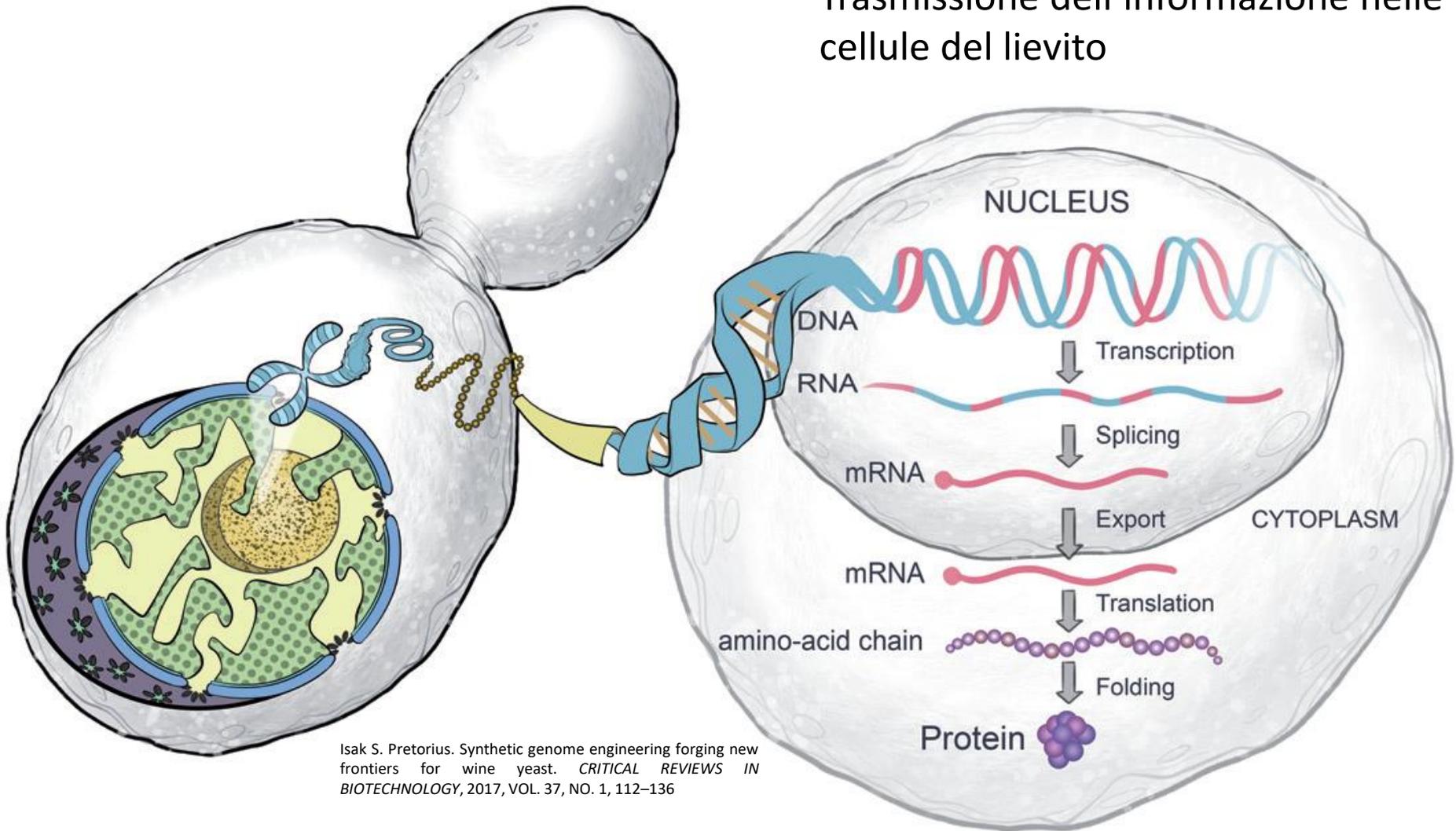


## Eucarioti:



Splicing post-traduzionale

## Trasmissione dell'informazione nelle cellule del lievito



Il processo di biosintesi proteica inizia con la trascrizione del DNA di un gene in mRNA nel nucleo. Una volta processate le molecole di mRNA (con la rimozione degli introni non codificanti), vengono esportati attraverso i pori della membrana nucleare ai ribosomi dove vengono tradotti in proteine.

## I vari tipi di RNA partecipano alla sintesi delle proteine

Le sequenze di basi di tutti i tipi di RNA sono determinate da quelle del DNA nel processo chiamato trascrizione

### I ruoli dei diversi tipi di RNA

<b>Tipo di RNA</b>	<b>Dimensioni</b>	<b>Funzioni</b>
RNA transfer	Piccola	Trasporta gli amminoacidi al sito della sintesi proteica
RNA ribosomiale	Diversi tipi di dimensioni variabili	Si lega a proteine per formare i ribosomi (siti della sintesi proteica)
RNA messaggero	Variabile	Determina la sequenza amminoacidica delle proteine
Piccolo RNA nucleare	Piccola	Processa l'RNA messaggero iniziale nella sua forma matura negli eucarioti
Piccolo RNA interferente	Piccola	Inibisce l'espressione genica, usato in lab. per silenziare un gene in studio
MicroRNA	Piccola	Condiziona l'espressione genica, importante per la crescita e lo sviluppo
Lungo RNA non codificante	Variabile	Ancora in discussione, ma sembra influenzare lo sviluppo ed essere correlato ad alcuni stati patologici

# Ruoli dell'RNA

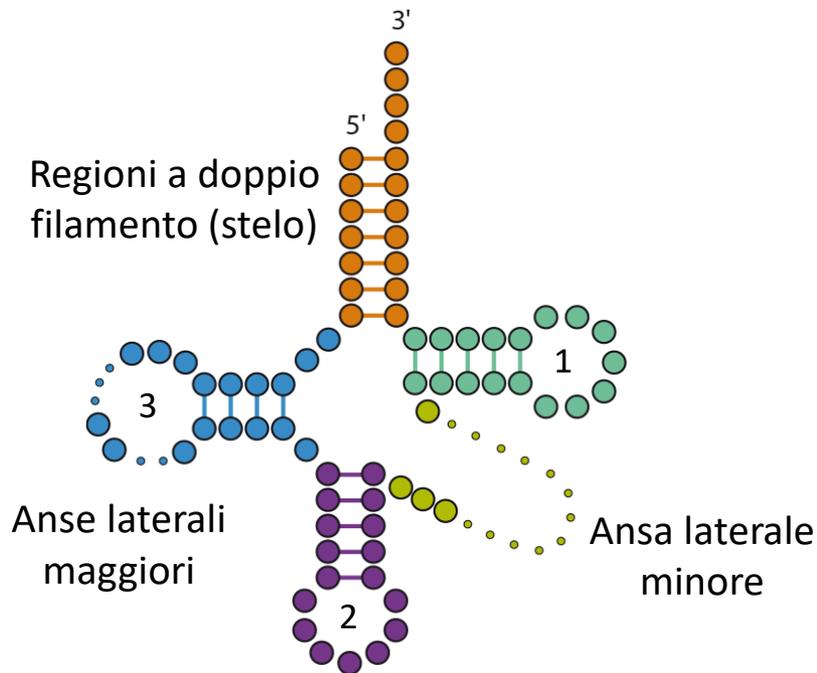
RNA transfer (tRNA):

Ogni tRNA lega specificamente uno degli amminoacidi che si trovano nelle proteine.

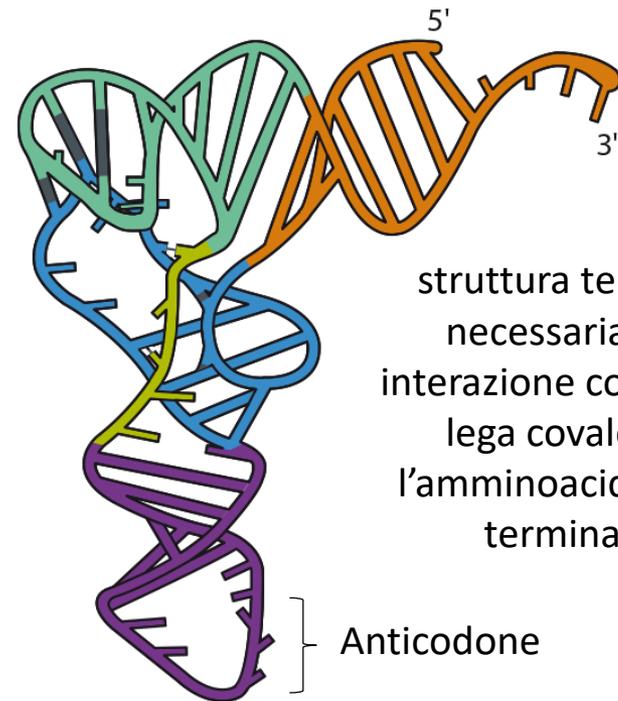
Ci sono più molecole di tRNA per ogni amminoacido.

Sono a singolo filamento, lungo da 73 a 94 residui nucleotidici.

I tRNA si legano al ribosoma che assicurano l'ordine corretto degli amminoacidi nella catena nascente



Rappresentazione a trifoglio



Struttura tridimensionale

## RNA ribosomiale (rRNA):

La porzione di RNA di un ribosoma ne costituisce il 60-65% del peso totale, mentre la porzione proteica copre il rimanente 35-40%  
Formati da due subunità, una più grande e una più piccola

rRNA in *Escherichia coli* è formato da due subunità con un coefficiente di sedimentazione di 70S:

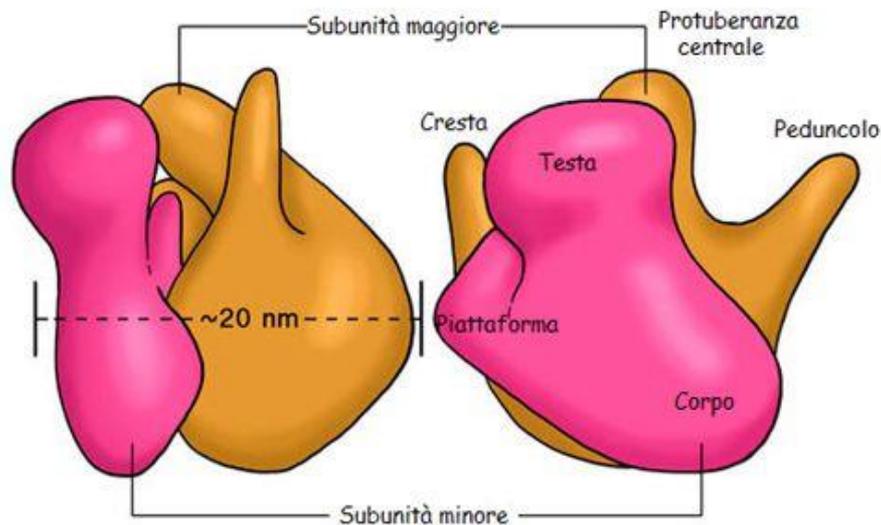
La subunità 30S è costituita da un rRNA 16S e 21 proteine diverse

La subunità 50S è costituita da due rRNA il 5S e il 23S e 34 proteine diverse

rRNA negli eucarioti è formato da due subunità con un coefficiente di sedimentazione di 80S:

La subunità 40S è costituita da un rRNA 18S e 33 proteine diverse

La subunità 60S è costituita da tre rRNA il 5S, 5,8S e il 28S e 49 proteine diverse



---

### **Piccolo RNA nucleare (snRNA):**

- Presenti solo nel nucleo delle cellule eucariotiche. Lungo da 100 a 200 nucleotidi.
- Si trova complessato a proteine a formare piccole particelle ribonucleoproteiche nucleari (snRNP) che hanno un coefficiente di sedimentazione di 10S.
- La loro funzione è quella di coadiuvare il processamento del trascritto iniziale di mRNA prodotto sullo stampo del DNA in una forma matura pronta per il trasporto fuori dal nucleo.

### **RNA interferente (siRNA):**

- Brevi filamenti di RNA lunghi 23-30 nucleotidi. Esercitano un notevole controllo sulla espressione genica. Utilizzati per studiare l'espressione genica vengono disegnati per silenziare centinaia di geni noti. Questi piccoli RNA si legano all'mRNA e determinano il taglio dell'mRNA.

### **MicroRNA (miRNA):**

- Sono coinvolti nella regolazione dell'espressione genica e si legano al mRNA evitandone la traduzione.

### **Lunghi RNA non codificanti (lncRNA):**

- Sono presenti nella cellula migliaia di queste molecole e la loro distruzione porta a una progenie non vitale in modelli murini. Alterazioni degli lncRNA si trovano anche in molti tumori.