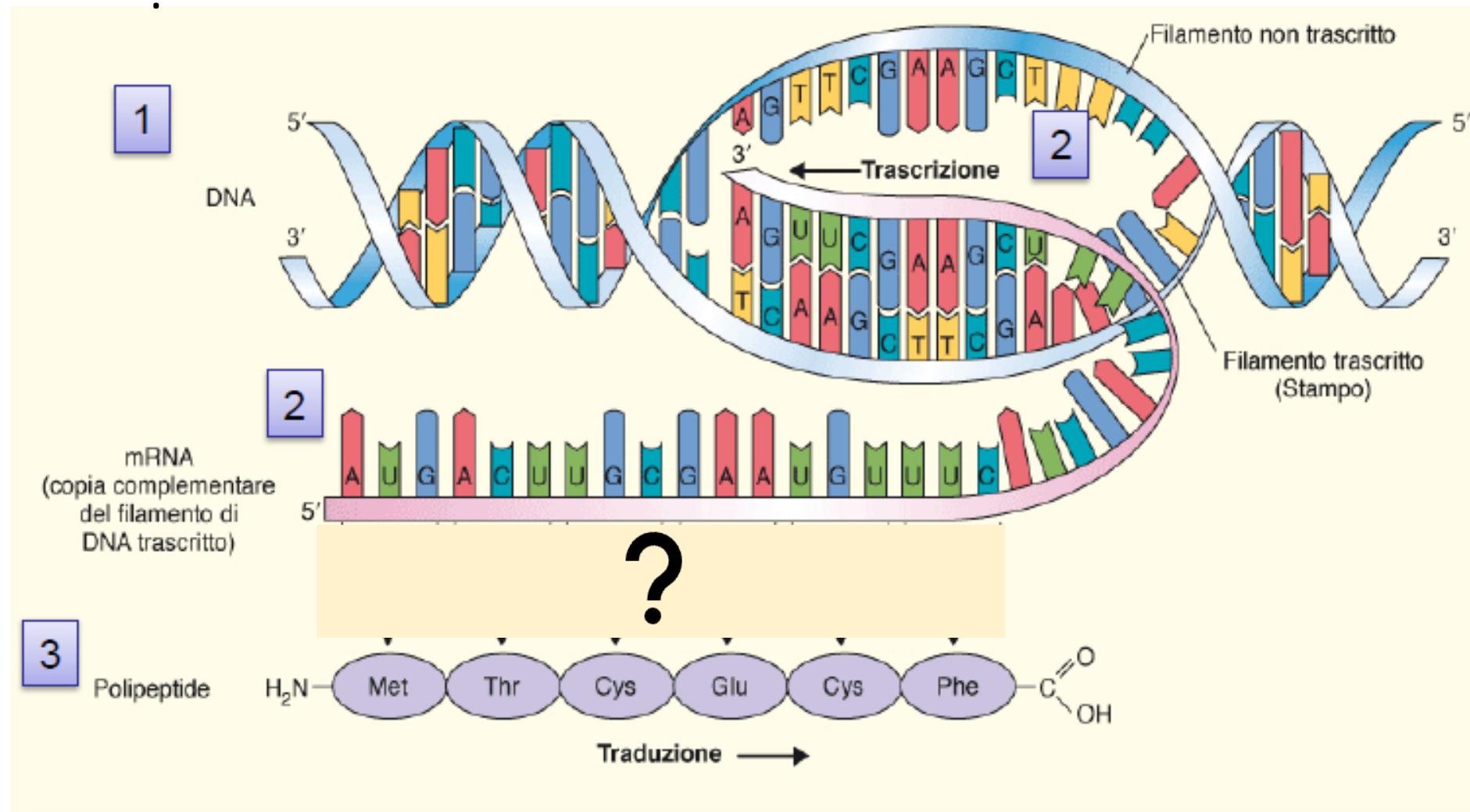


La traduzione

La traduzione

E' il processo attraverso il quale l'informazione contenuta nel RNAm viene tradotta in proteina (traduzione è sinonimo di sintesi proteica)



Il codice genetico stabilisce la corrispondenza fra sequenza di nucleotidi nell'RNA e la sequenza di aa nelle proteine

Caratteristiche del codice genetico

- **Triplette (codoni)- 64 triplette**
- **Degenerato**
- **Continuo (AGG.UCG.UUU. AGG. UCG.UUU)**
- **Universale (leggermente diverso nei mitocondri)**

AUG = metionina

UAA = sempre stop

UAG = stop o pirrolisina

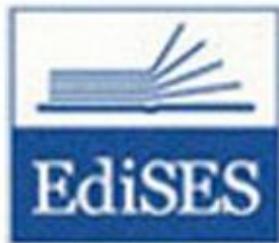
UGA = stop o selenocisteina

		Seconda base							
		U	C	A	G	U	C	A	G
Prima base del codone	U	UUU UUC UUA UUG	UCU UCC UCA UCG	UAU UAC UAA UAG	Tyr	UGU UGC UGA UGG	Cys Trp	U C A G	U C A G
	C	CUU CUC CUA CUG	CCU CCC CCA CCG	CAU CAC CAA CAG	His	CGU CGC CGA CGG	Arg	U C A G	U C A G
	A	AUU AUC AUA AUG	ACU ACC ACA ACG	AAU AAC AAA AAG	Asn	AGU AGC AGA AGG	Ser	U C A G	U C A G
	G	GUU GUC GUA GUG	GCU GCC GCA GCG	GAU GAC GAA GAG	Asp	GGU GGC GGA GGG	Gly	U C A G	U C A G

■ Figura 4.46 Corrispondenza tra codoni ed aminoacidi.

Il codice genetico non ha punteggiature

mio mio mio mio mio mio mio mio



G. De Leo, S. Fasano, E. Ginelli

Biologia e Genetica, IV ed.

EdiSES Università

mio mio-~~m~~ iom iom iom iom iom iom iom io

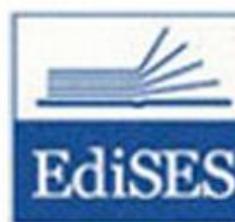


G. De Leo, S. Fasano, E. Ginelli

Biologia e Genetica, IV ed.

EdiSES Università

mio mio iom iom-~~i~~ omi omi omi omi om

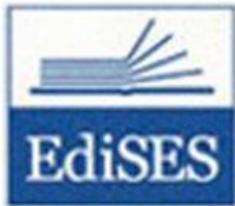


G. De Leo, S. Fasano, E. Ginelli

Biologia e Genetica, IV ed.

EdiSES Università

mio mio iom iom omi-~~o~~ mio mio mio



G. De Leo, S. Fasano, E. Ginelli

Biologia e Genetica, IV ed.

EdiSES Università

IL tRNA ABBINA IL CODONE AL SUO AMMINOACIDO CORRISPONDENTE

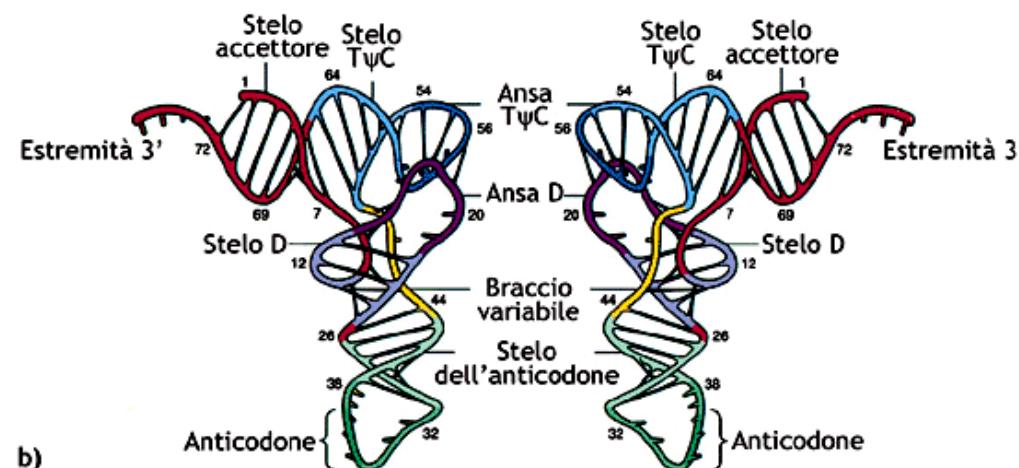
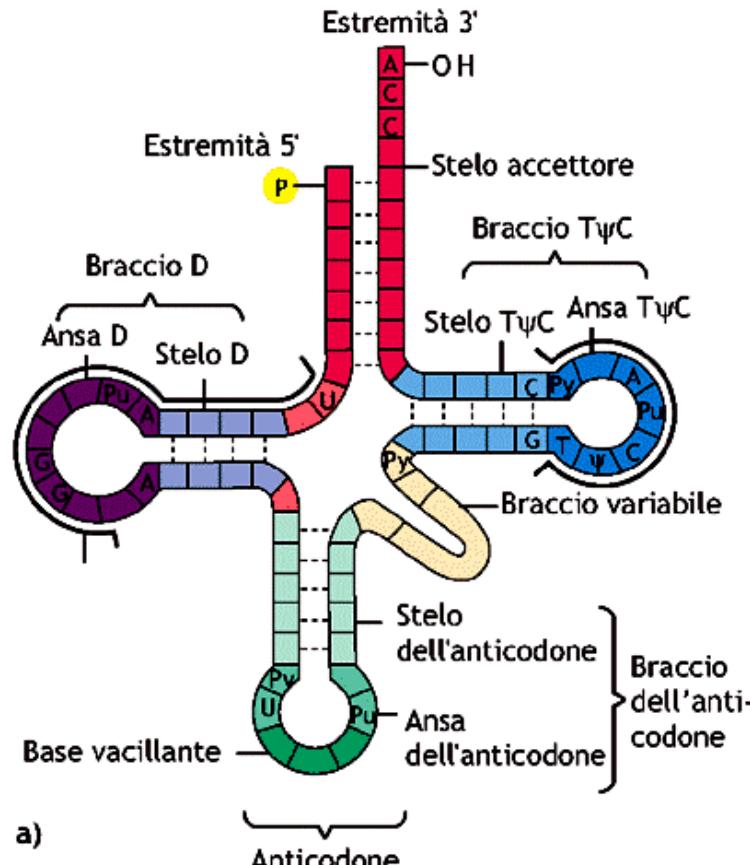
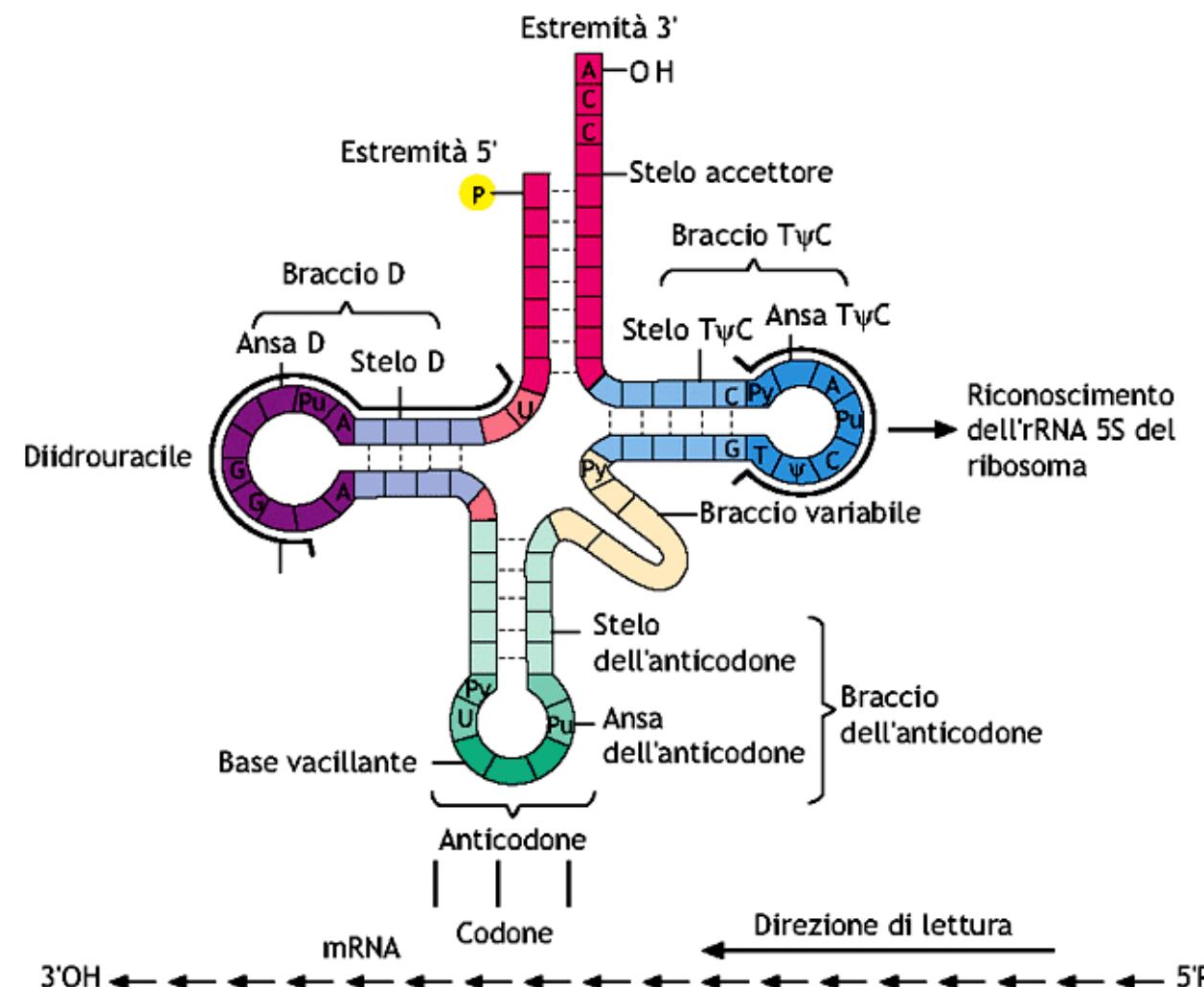


Figura 4.54 (a) Struttura del tRNA detta "a trifoglio". (b) Ricostruzione della struttura tridimensionale di due tRNA.

- **3'ACC**- Sito accettore lega a.a.
- **Ansa T Ψ C**- legame RNA 5S ribosomi e stabilizza legame codone-anticodone
- **Braccio variabile**- mantiene costante la struttura del tRNA
- **Anticodone**
- **Ansa D** -riconoscimento dell'amminoacil- tRNA sintetasi

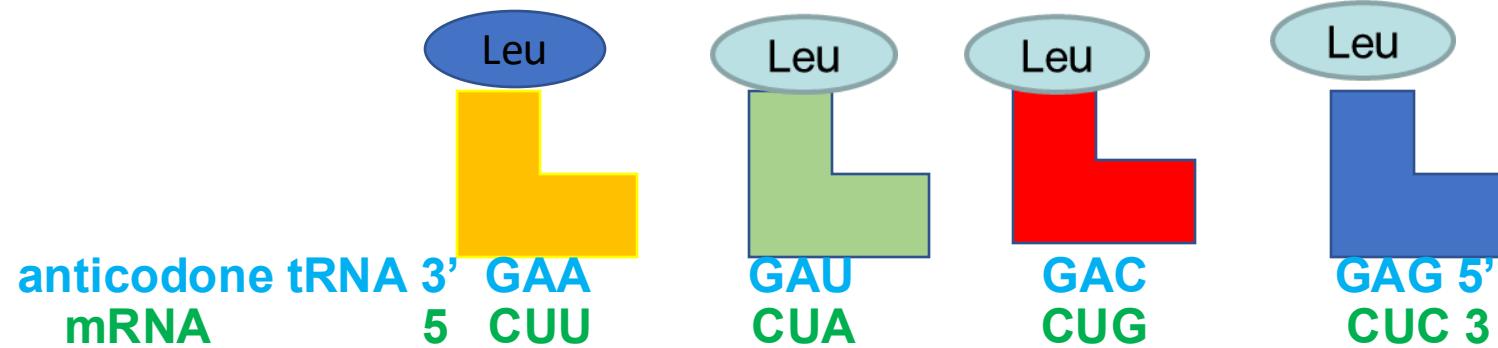
APPAIAMENTO TRA tRNA e mRNA segue la regola dell'appaiamento tra basi complementari tra filamenti antiparalleli

Figura 4.55 Riconoscimento codone/anticodone ed orientamento delle molecole di mRNA.



Il codice genetico comprende 64 codoni, di cui 63 codificano per 22 amminoacidi (20 standard più selenocisteina e pirrolisina), e 1 è sempre un codone di stop.

DIVERSI tRNA LEGATI ALLO STESSO AA



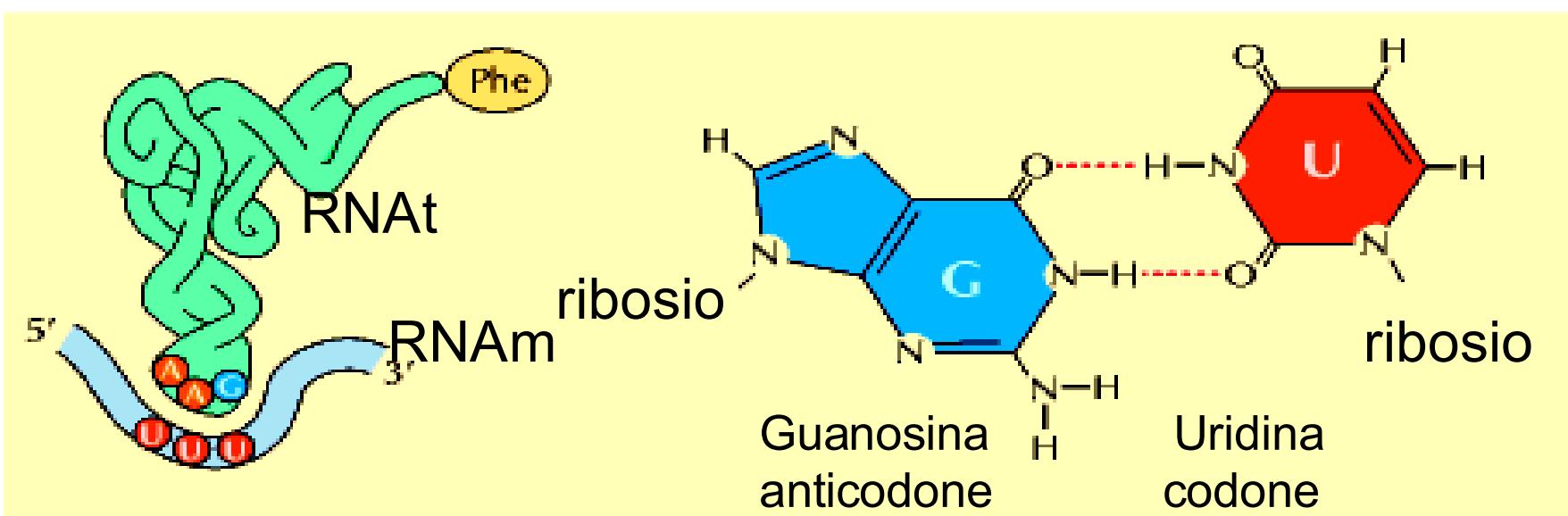
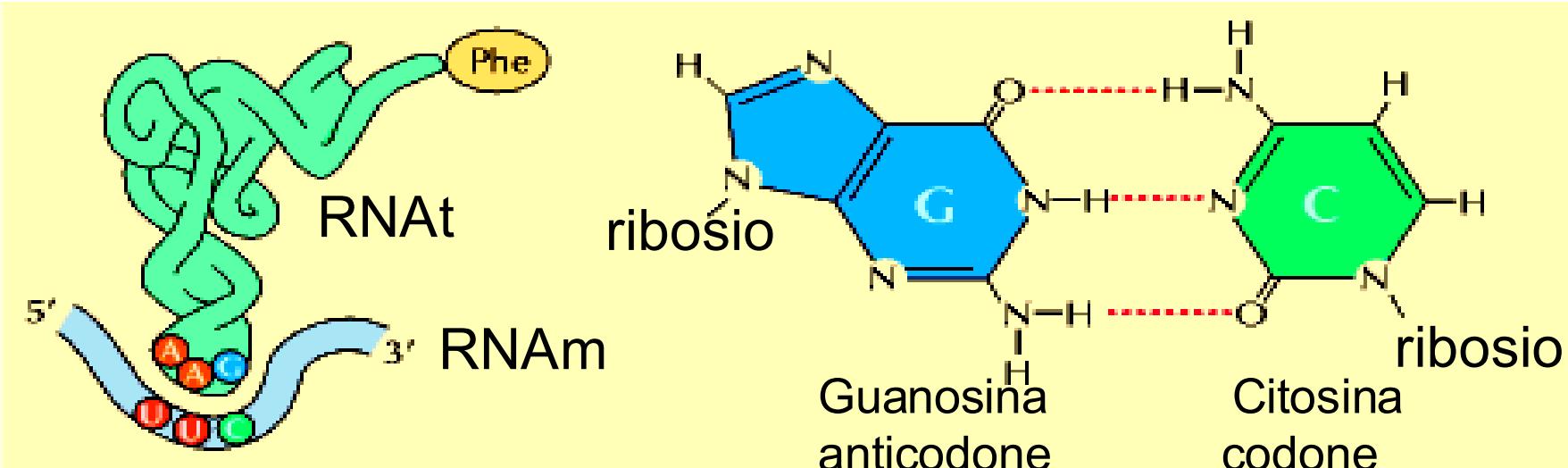
OPPURE UN tRNA PUO' LEGARSI A PIU' DI UN CODONE:
CIOE' TERZA BASE DEL CODONE NON E' DISCRIMINANTE



Appaiamento standard e non tra codone e anticodone

Appaiamento non standard del fenilalanina RNAt: formazione di coppie di basi G-U.

Questo è possibile nella **3^a posizione del codone** (1^a dell'anticodone),
che permette appaiamenti meno rigidi → **principio del wobble**.



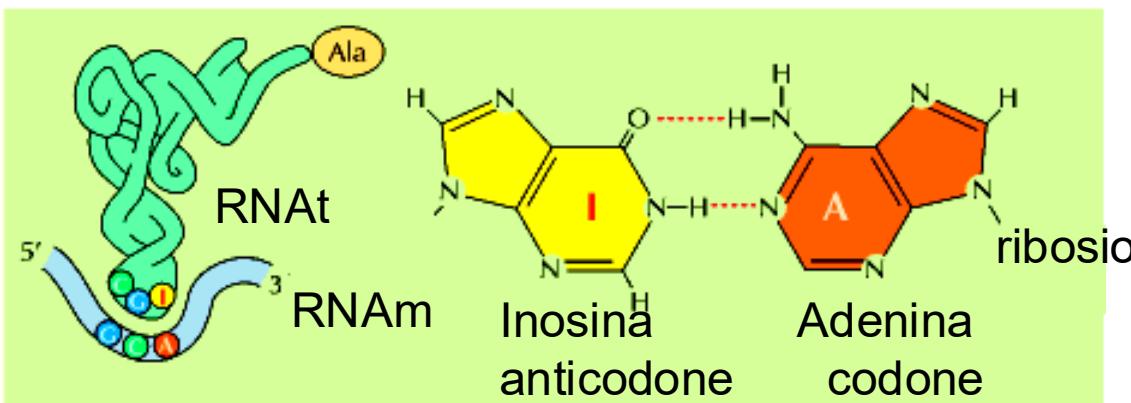
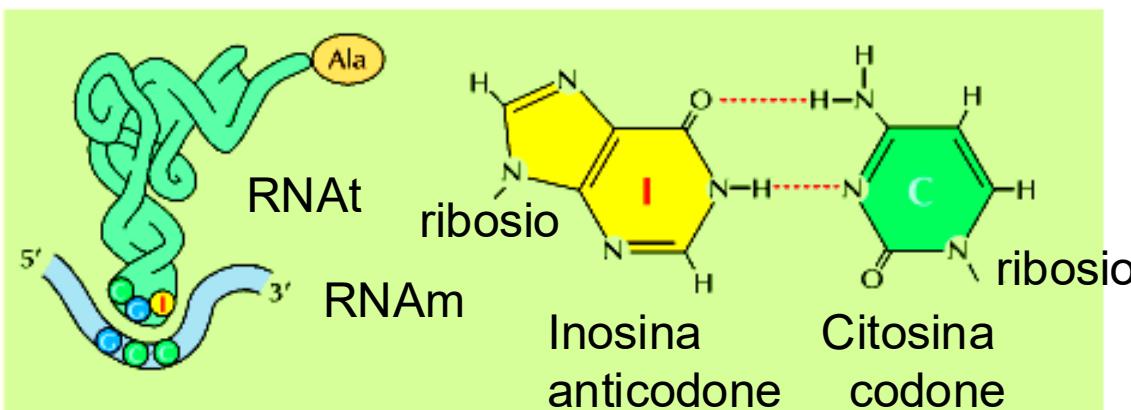
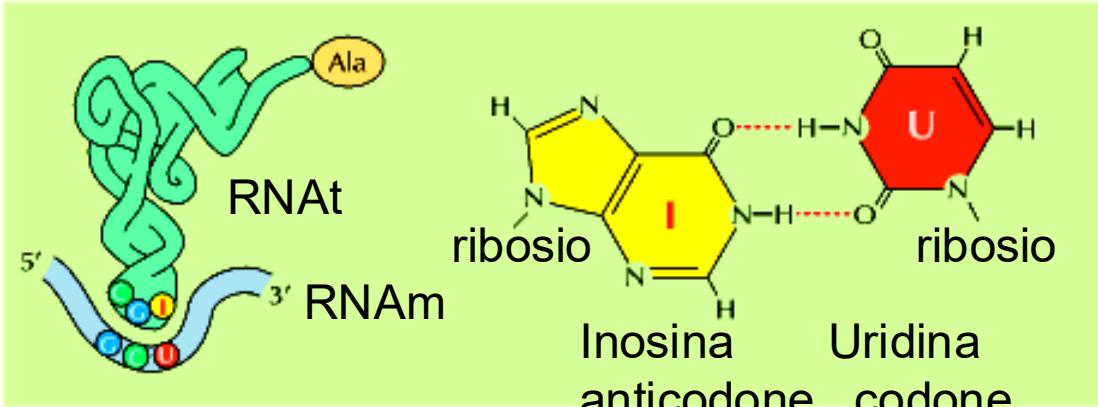
Appaiamento non standard tra codone e anticodone

Appaiamento non standard dell'alanina tRNA

• Modificazione del nucleoside (formazione di inosina) degli anticodoni di parecchi tRNA durante la maturazione.

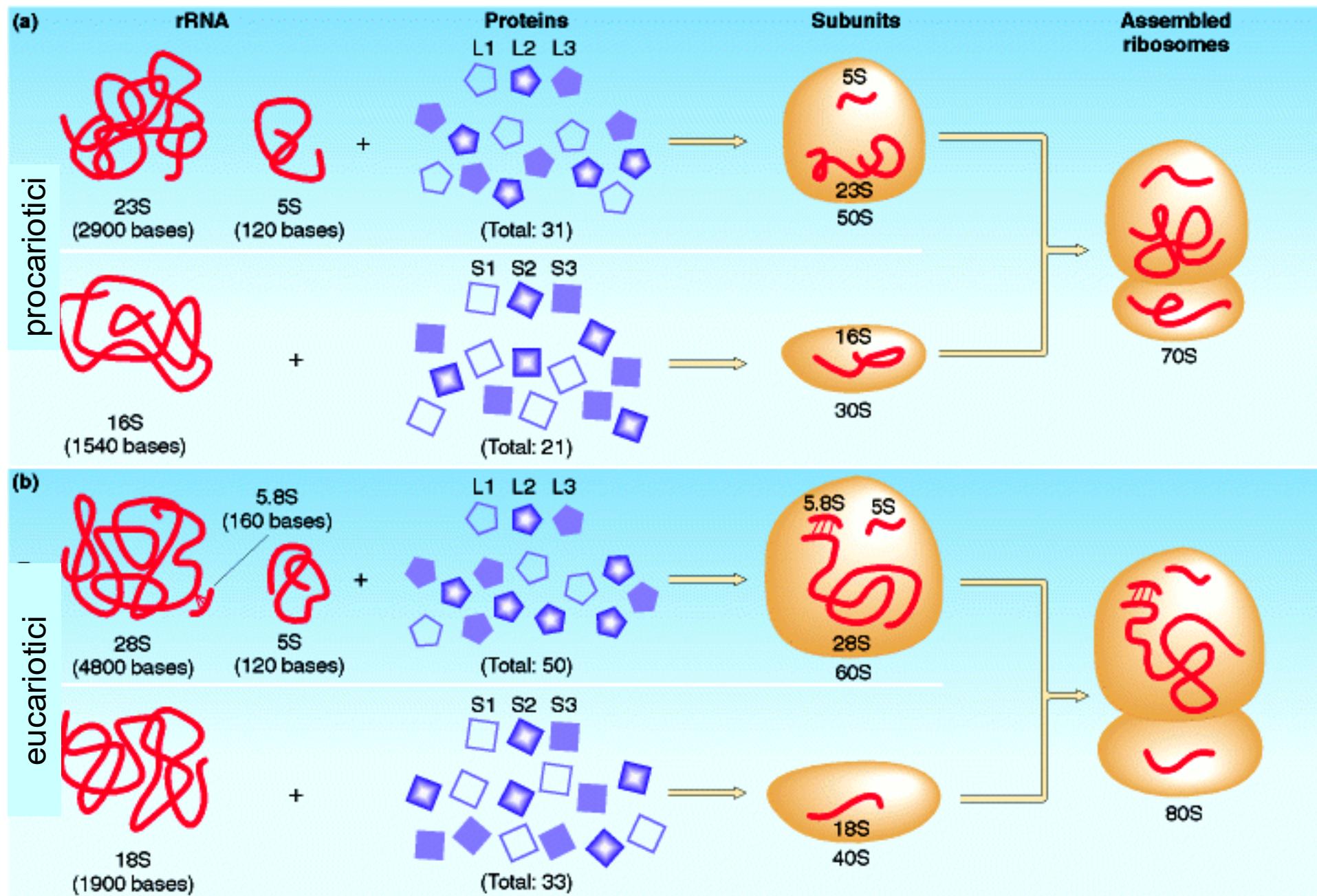
• L'inosina può appaiarsi con C, U o A nella terza posizione del codone, così che il suo utilizzo nell'anticodone permette ad un singolo tRNA di riconoscere tre diversi codoni negli stampi di mRNA.

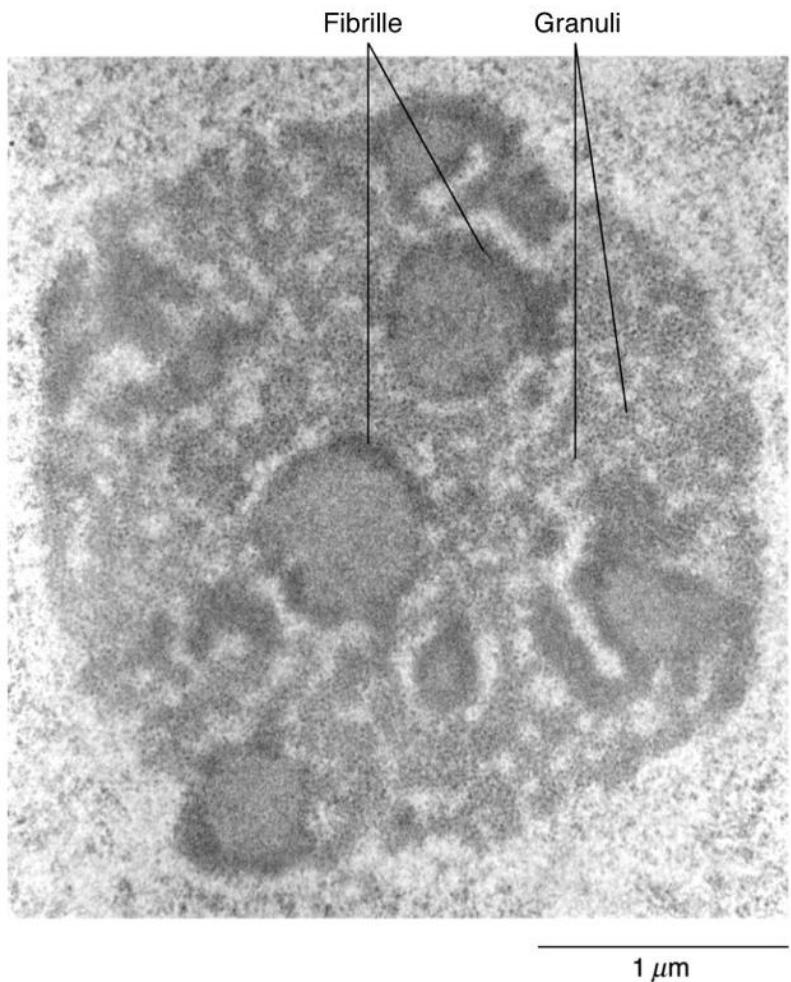
- Inosina = ipoxantina + ribosio
- Ipoxantina deriva dall'adenosina



**La sintesi proteica
avviene nei
ribosomi**

I RIBOSOMI SONO NECESSARI PER LA SINTESI PROTEICA (O TRADUZIONE)





Il nucleolo è la sede della biosintesi dei ribosomi

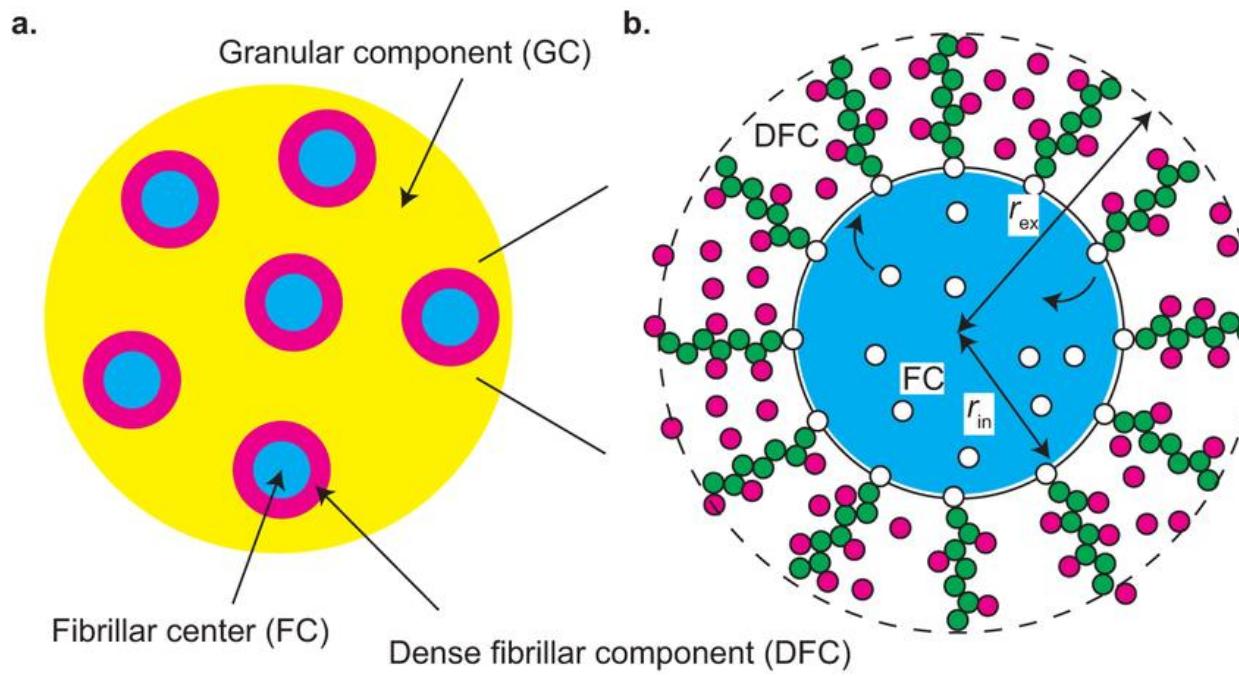


FIGURA 2.53 Il nucleolo. Micrografia elettronica di sezione ultrasottile di un nucleolo tipico. Sono evidenti i centri fibrillari e la componente granolare che rappresenta le subunità ribosomiali neoassemblate.

Il nucleolo è la sede in cui avviene la biogenesi dei ribosomi

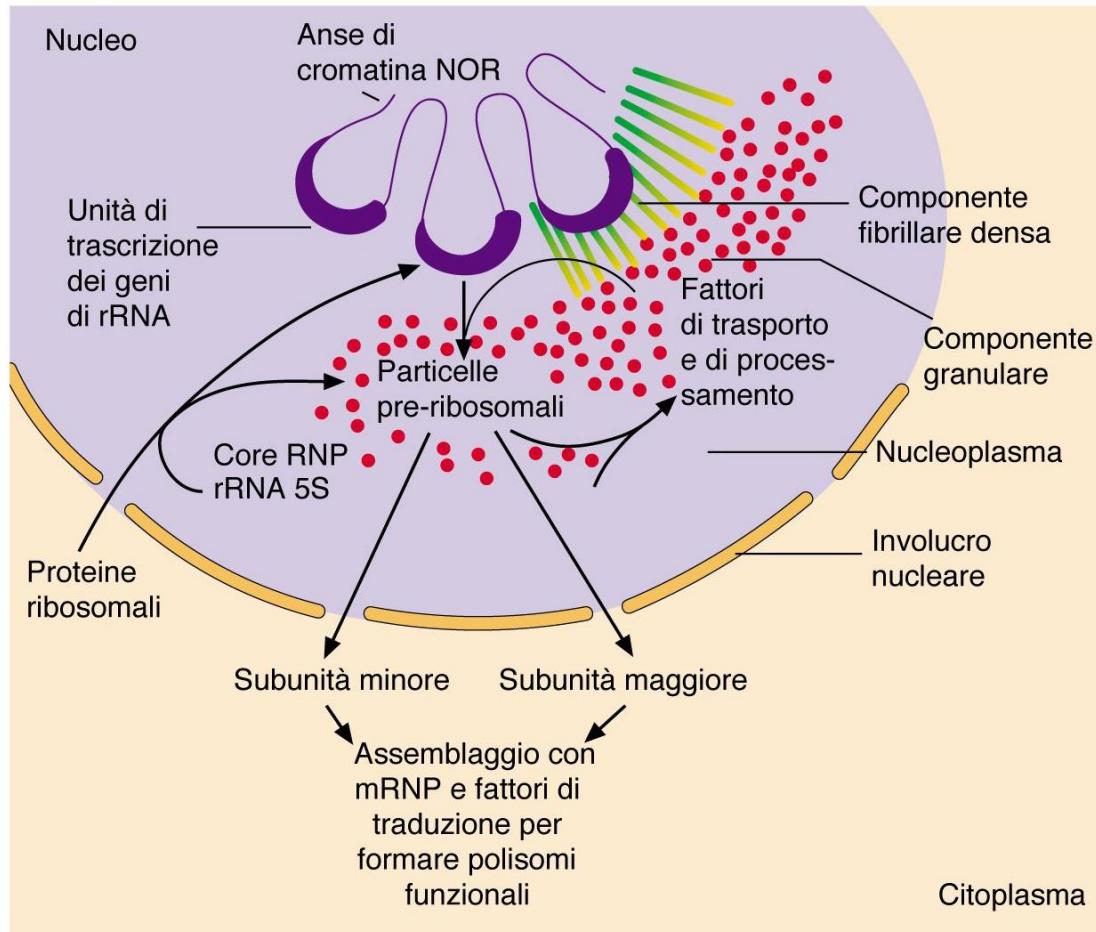


FIGURA 2.55 Schema della regione dell'organizzatore nucleolare e biogenesi dei ribosomi. NOR = nucleolus organizing regions.

La porzione fibrillare è costituita dai geni che codificano per gli rRNA (organizzatori nucleolari) (FC) , gli RNA appena sintetizzati e proteine (DFC);

Nell'uomo sono localizzati sui cromosomi 13,14, 15, 21, 22 (28, 18, 5,8 S) e sul cromosoma 1 (5 S);

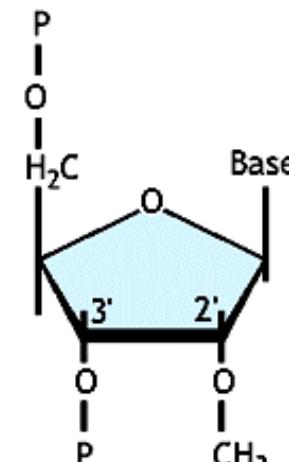
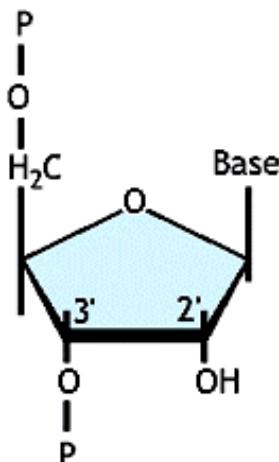
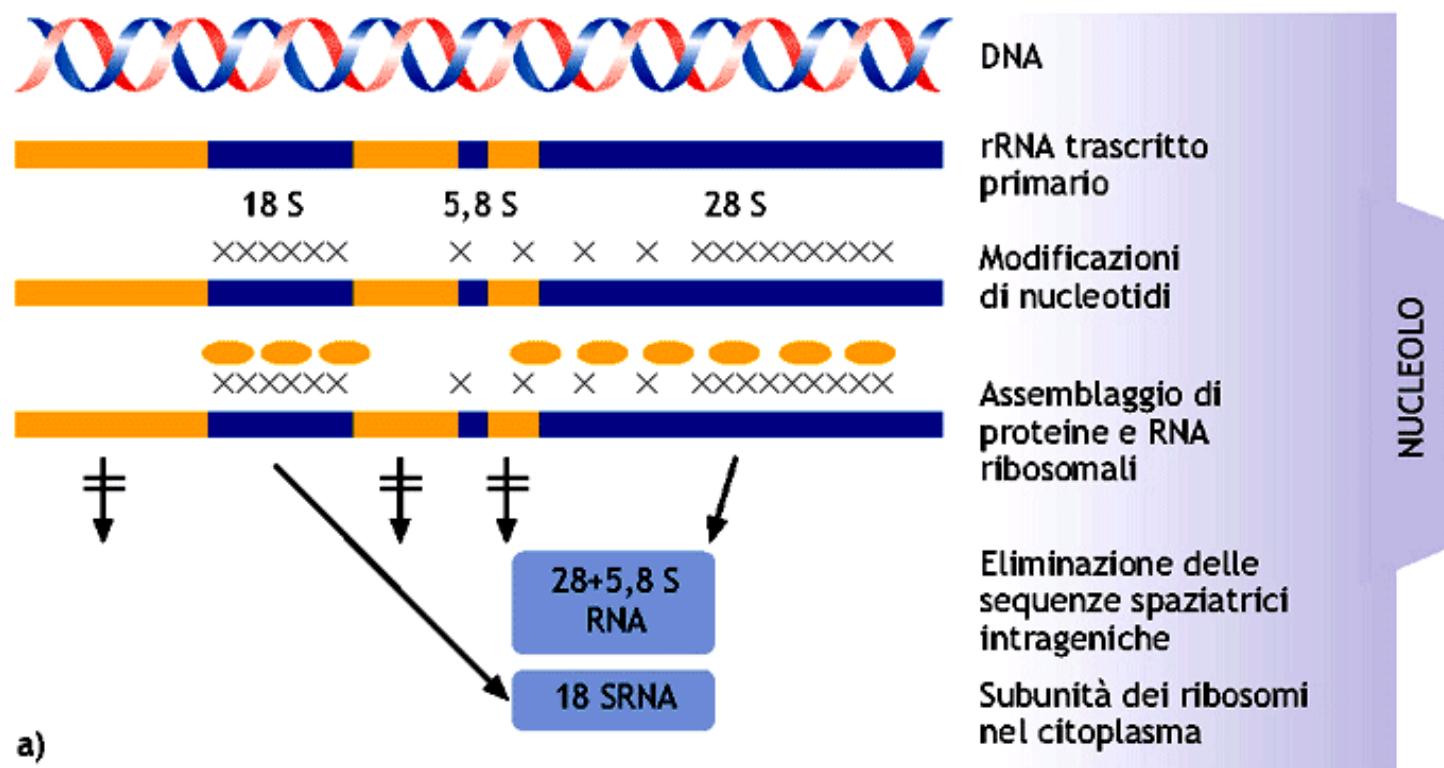
I geni per gli rRNA sono presenti in copie multiple (300-400 copie ripetute in direzione testa-coda e rappresentano DNA mediamente ripetuto);

La porzione granulare è costituita da proteine ribosomiali che si assemblano con gli rRNA nel nucleo a formare le subunità di cui sono costituiti i ribosomi.



Maturazione degli rRNA

Figura 4.41 a) Schema della biosintesi dei ribosomi a partire dal trascritto primario (41-45S). b) 2'-O-metilazione.



Small nucleolar (snoRNA) intervengono nella maturazione degli rRNA

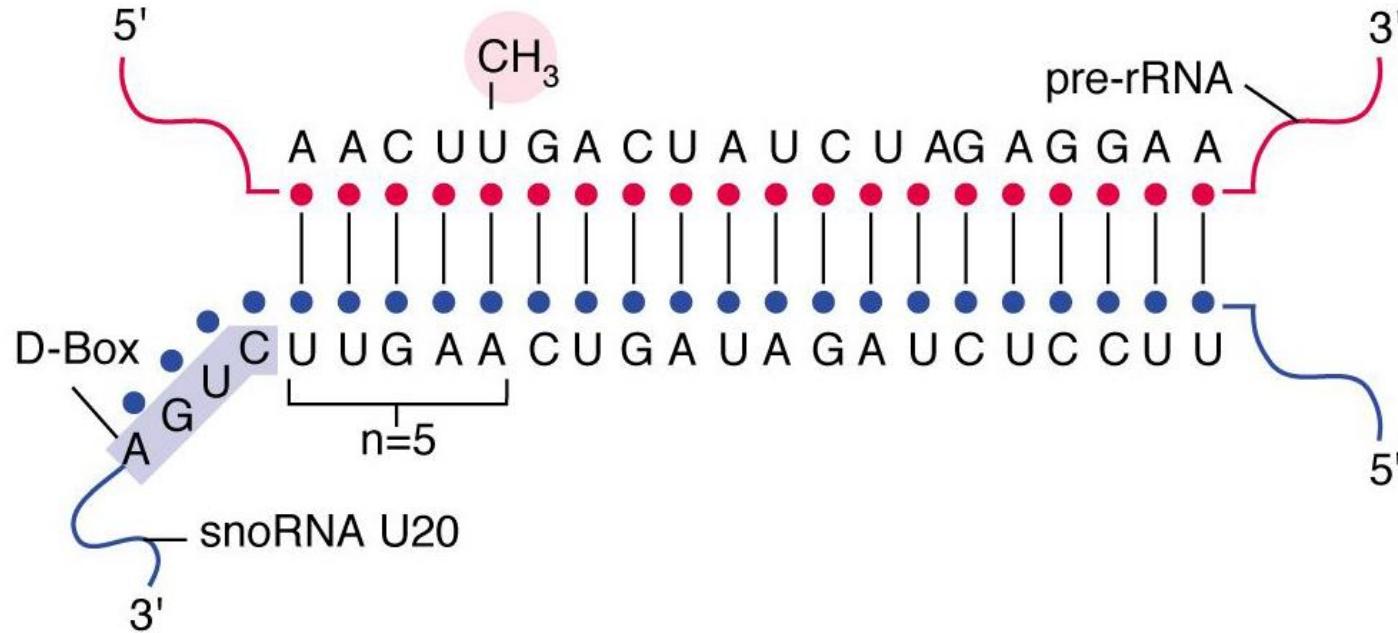


FIGURA 4.42 Segnale per la metilazione per nucleotidi dell'rRNA 18S e 28S. La D-box indica il sito di metilazione (cinque nucleotidi verso l'estremo 5'P).



G. De Leo, S. Fasano, E. Ginelli
Biologia e Genetica, IV ed.
EdiSES Università

Small nucleolar (snoRNA) intervengono nella maturazione degli rRNA

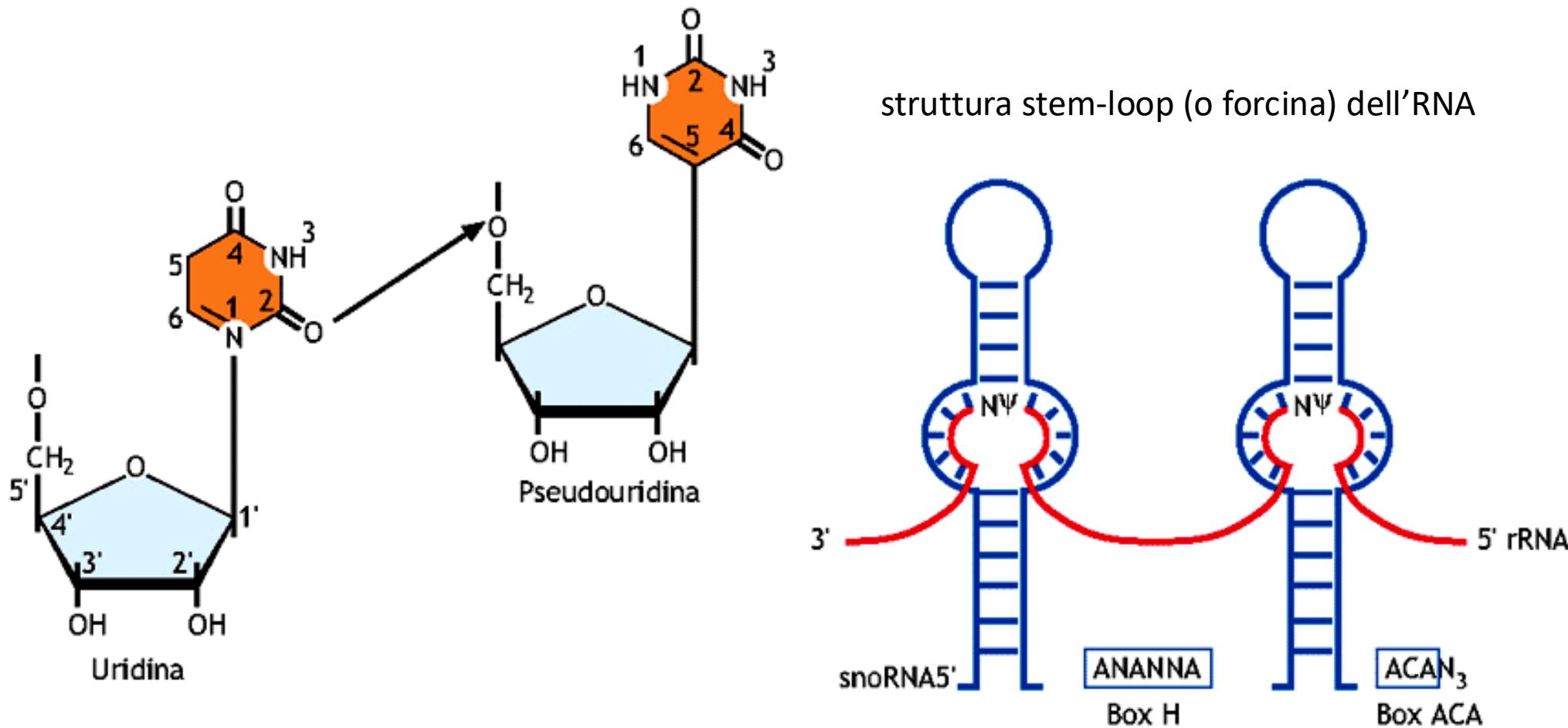
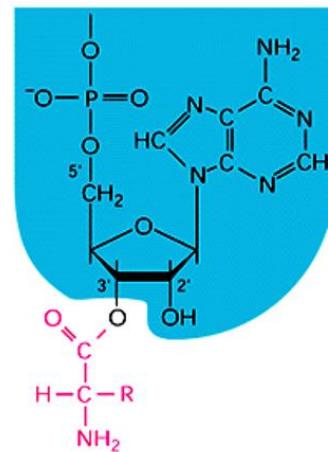


Figura 4.43 Segnali per la modificazione dell'uracile in pseudouracile (ψ) all'interno di strutture secondarie di snoRNA. sno = small nucleolar; N = qualsiasi nucleotide. (Vedi il testo per la spiegazione).

Fasi della traduzione

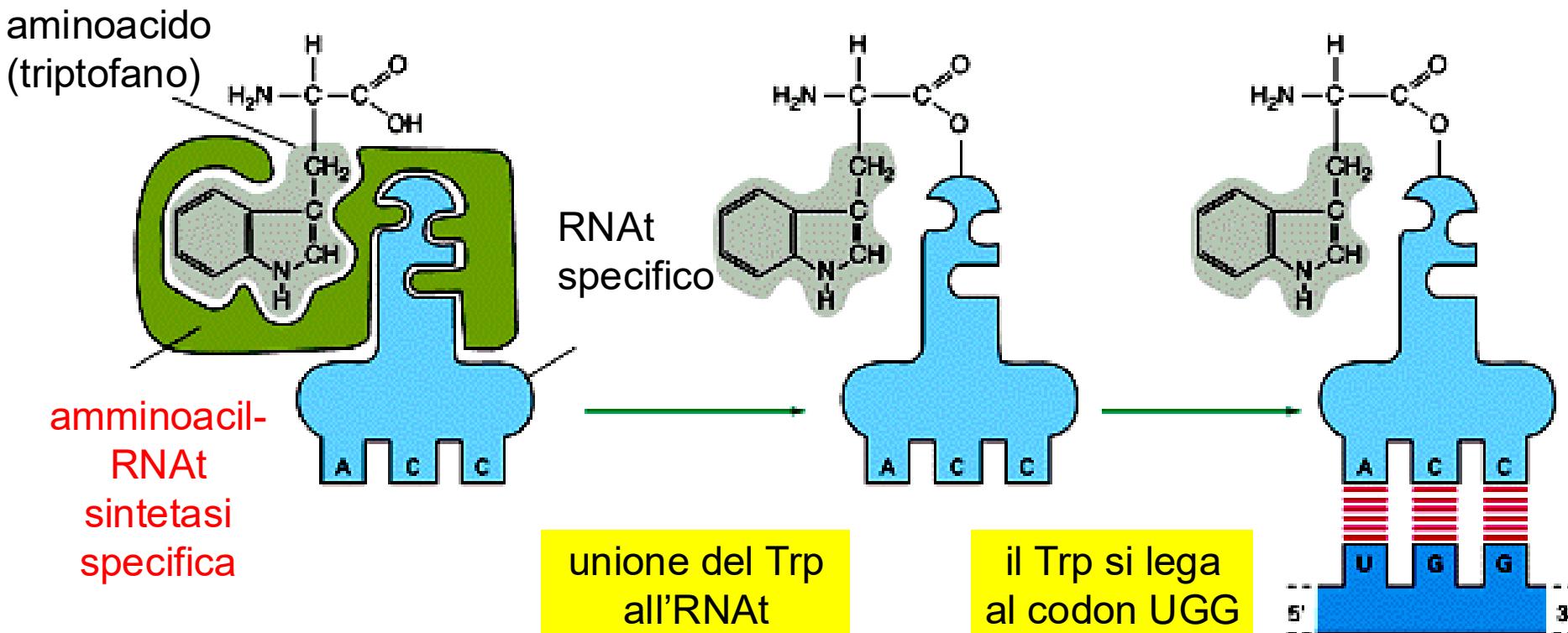
1. Legame del amminoacido al suo tRNA: fase ATP-dipendente:

- 1) L'amminoacido viene **attivato** (anidride mista tra **COOH** e residuo fosforico dell'**AMP**). Poiché l'idrolisi di questo legame (che rende possibile il passo successivo, il trasferimento al tRNA) è associata a una variazione di energia libera molto alta, si dice che un a.a. legato in questo modo è attivato
- 2) Successivamente, l'estremità **COOH** dell'a.a. forma un legame estere con **3' OH** del ribosio del tRNA (A)



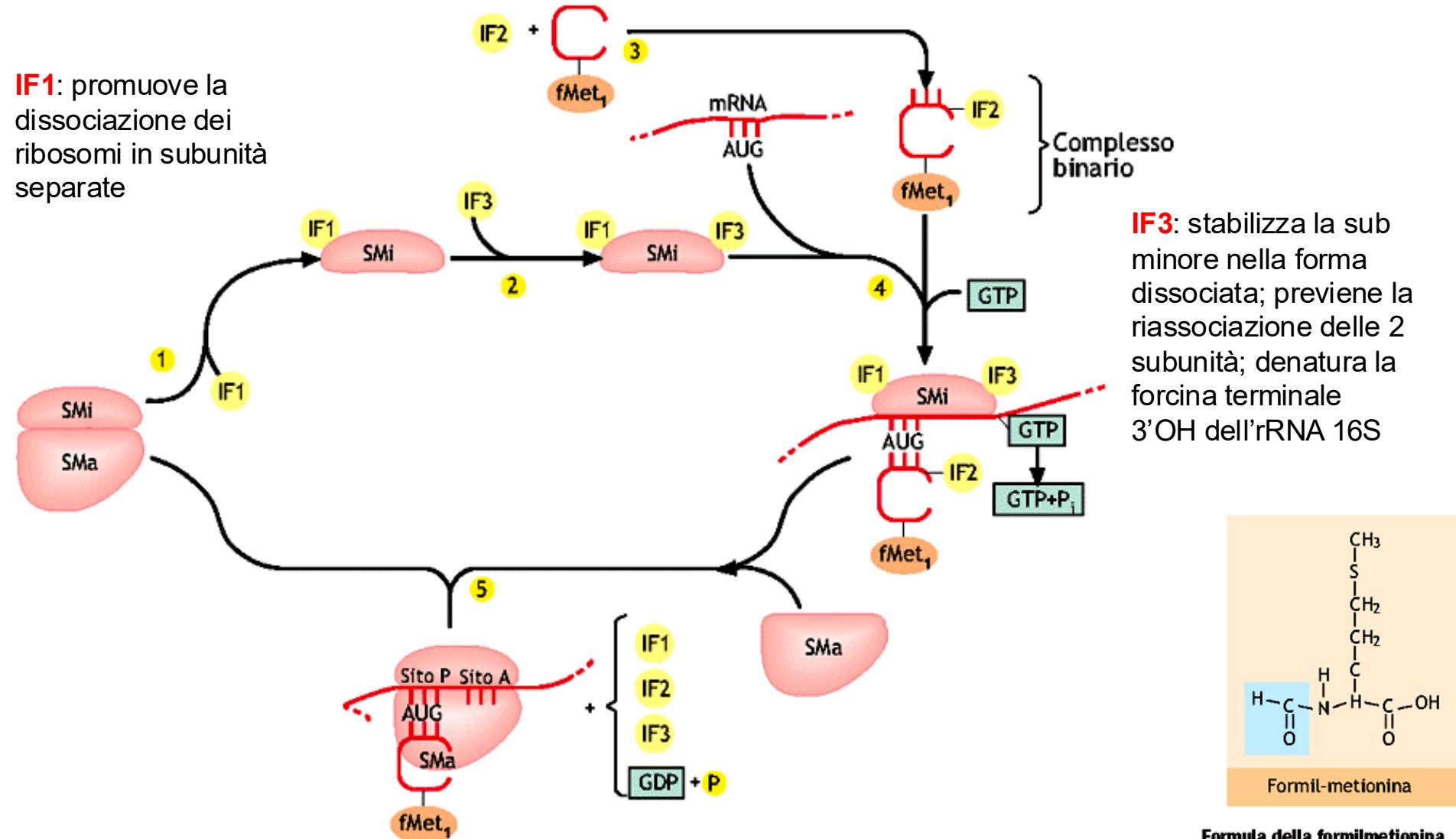
(A)

legame
estere tra tRNA e a.a.

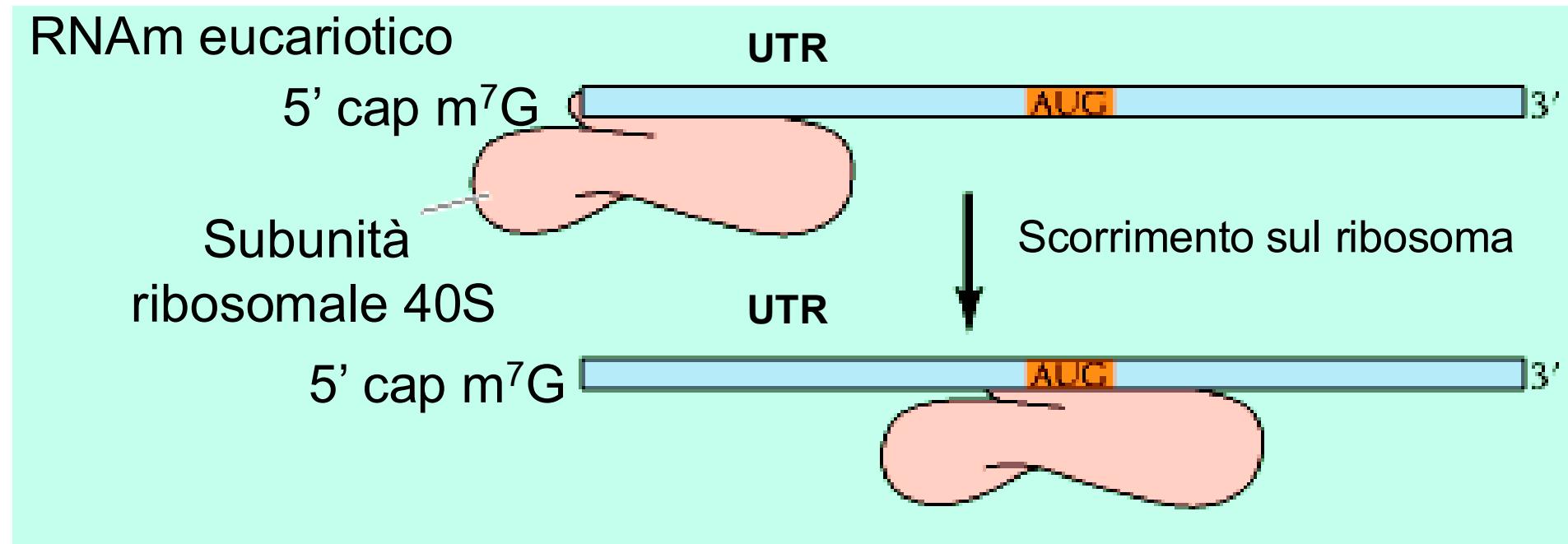
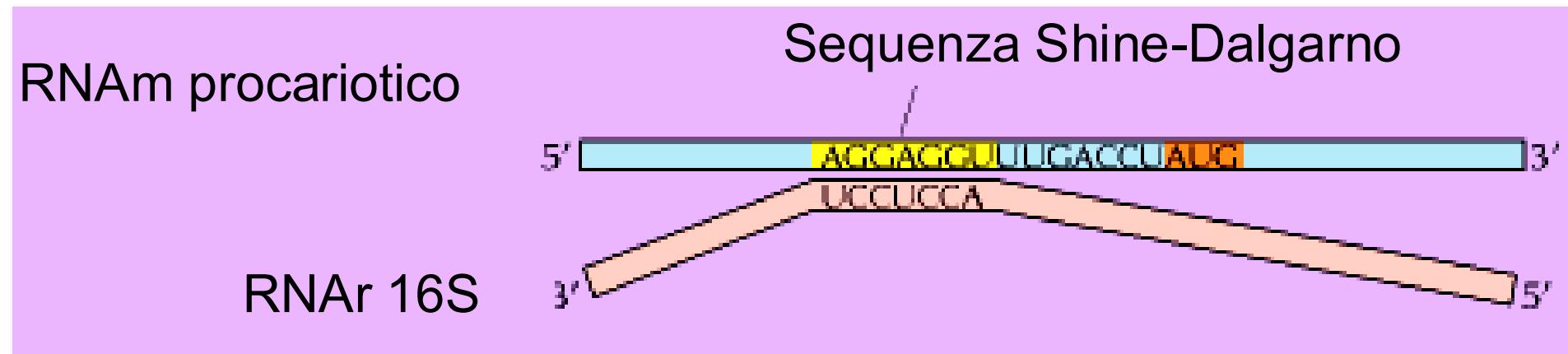


2. Inizio: Fase GTP-dipendente

IF1: promuove la dissociazione dei ribosomi in subunità separate



2. Fase GTP dipendente: Inizio richiede il corretto posizionamento dell' RNA messaggero per la giusta cornice di lettura



Allineamento del RNA ai ribosomi

3. Allungamento: fase GTP-dipendente

sito A (amminoacidico),
sito P (peptididico)
sito E ("exit»- di uscita)

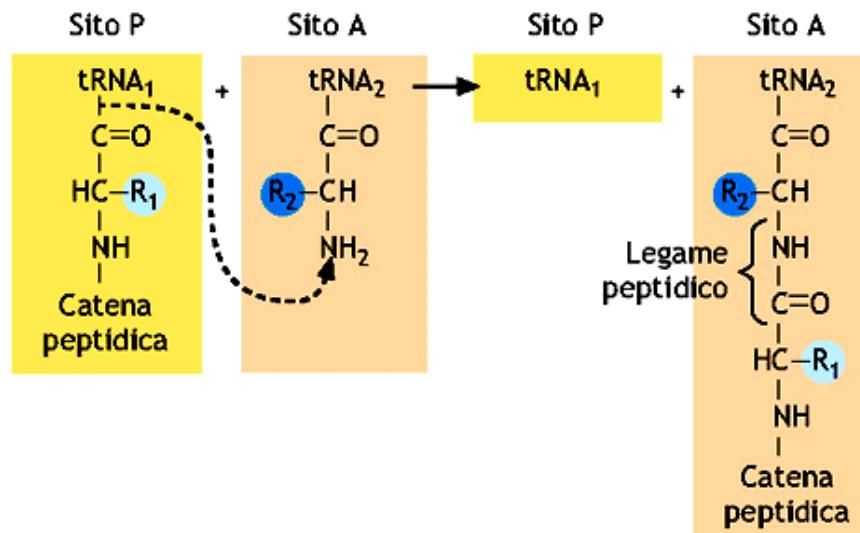
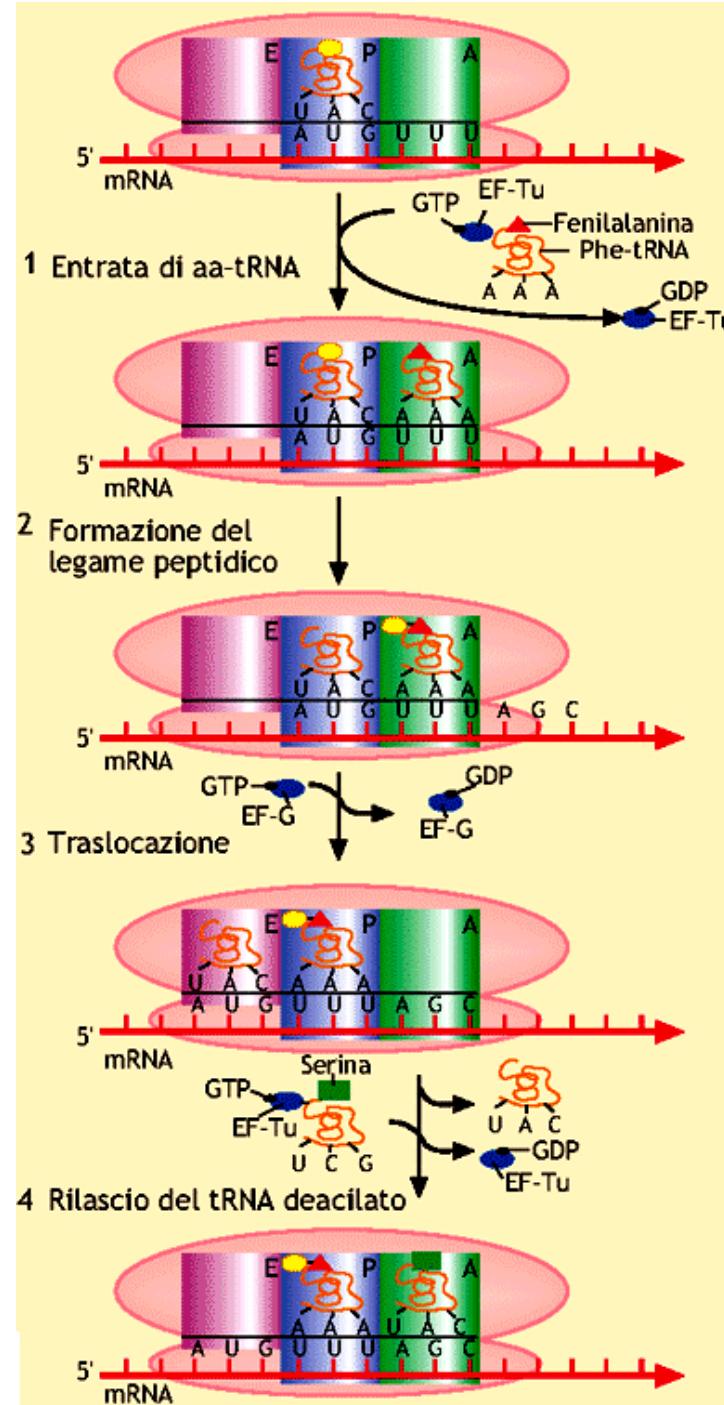


Figura 4.63 La reazione di transpeptidazione: formazione del legame peptidico.



La formilmetionina è entrata nel sito P grazie a IF2

Entra in funzione EF-Tu

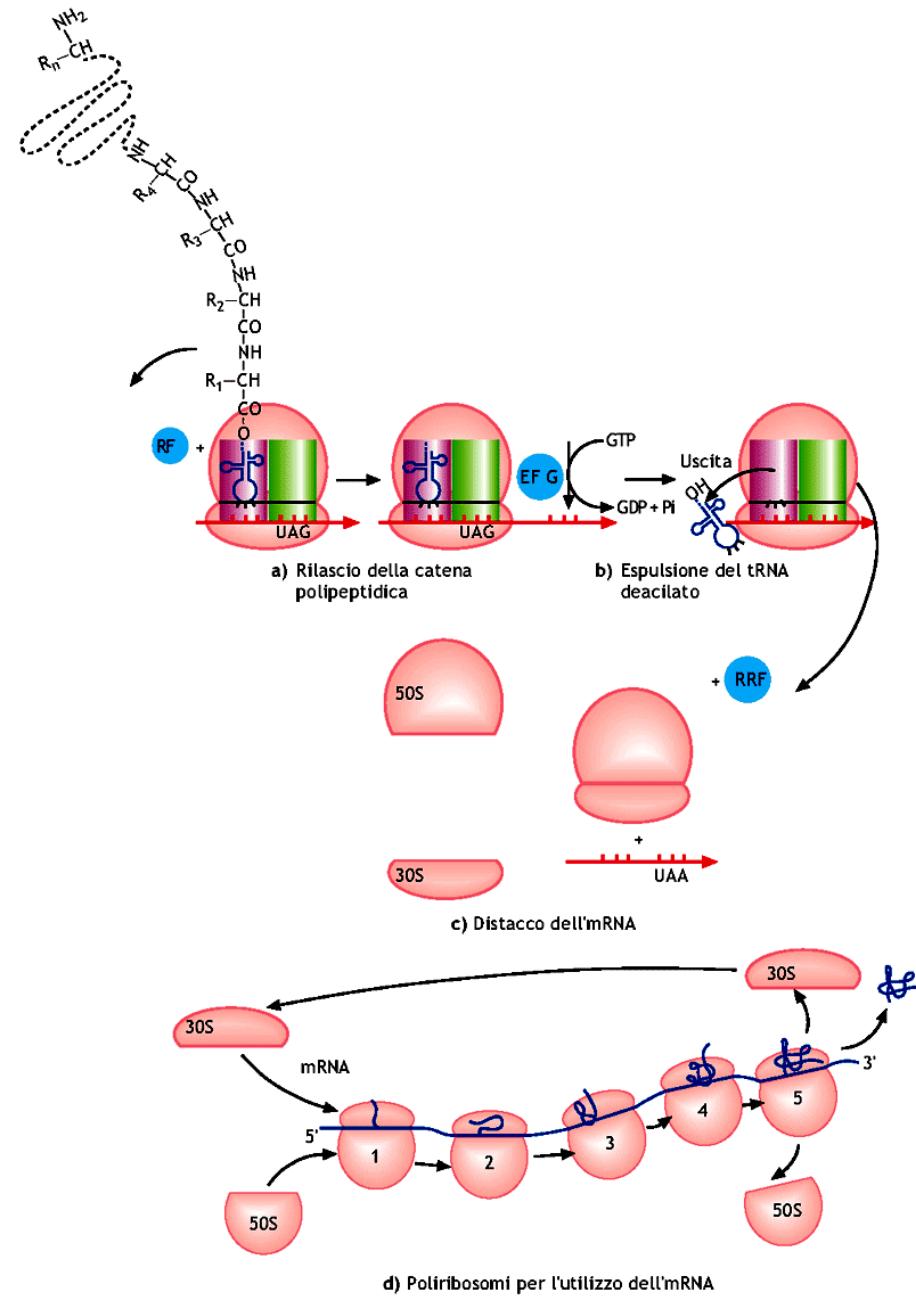
Nel sito A entra il tRNA carico di Phe

L'allungamento: il COOH del primo aa lega l'NH₂ del secondo aa

Lo scorrimento del ribosoma, mediato da EFG, porta il sito A sulla tripletta adiacente. Il sito P conterrà il peptide nascente ed il sito E il tRNA scarico

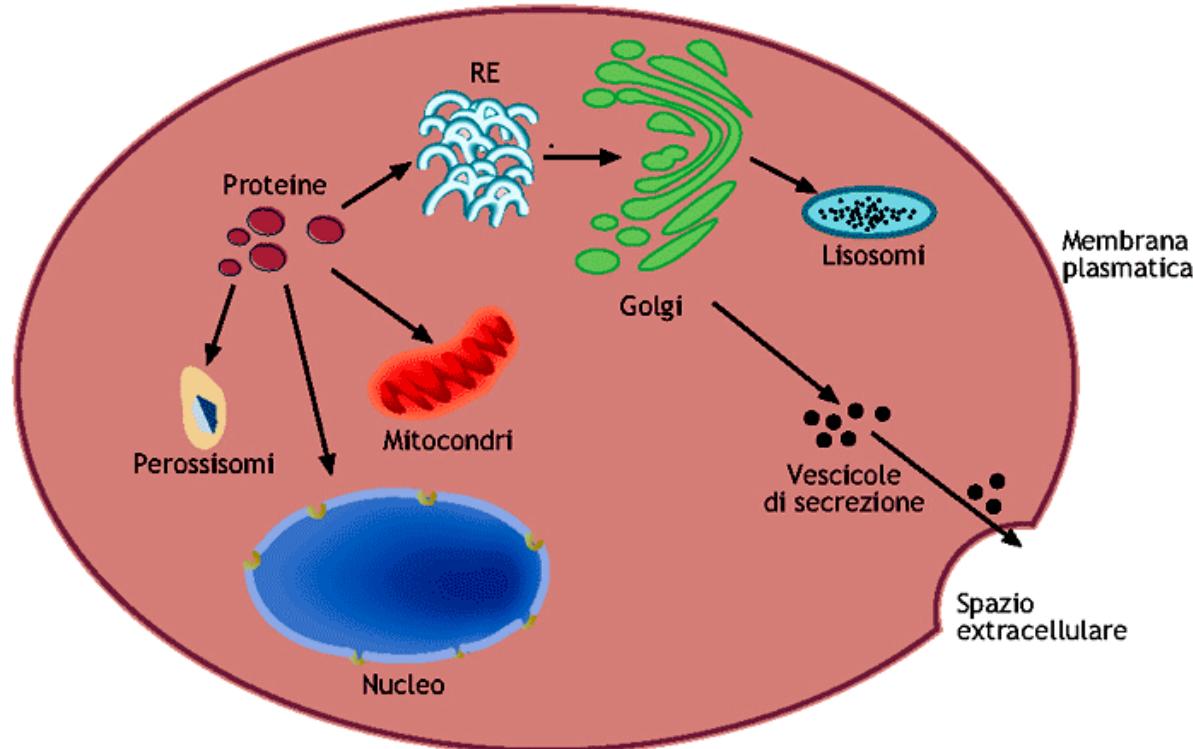
Entra in funzione EF-Tu

4. Fase GTP dipendente: Termine



Le vie principali di smistamento delle proteine

■ Figura 5.62 Disegno schematico delle vie di smistamento delle proteine nei compatti cellulari.



I ribosomi li troviamo liberi nel citoplasma, associati alle membrane del **reticolo endoplasmatico** e dell'involucro nucleare, nei **mitocondri** e nei **cloroplasti**

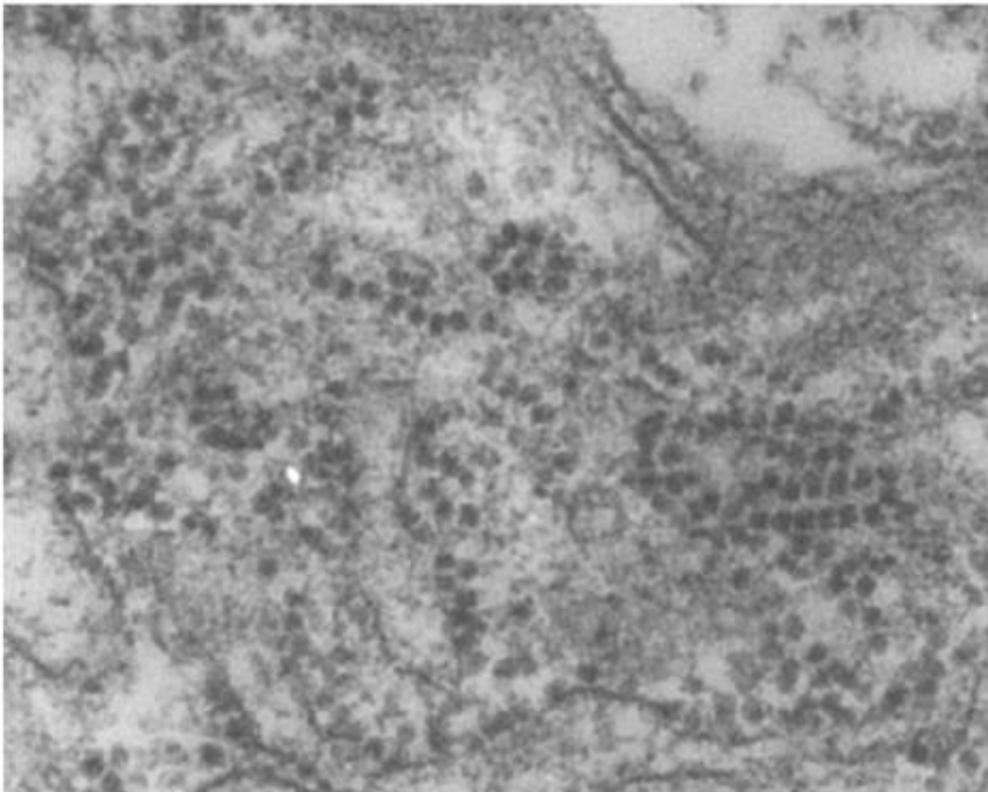
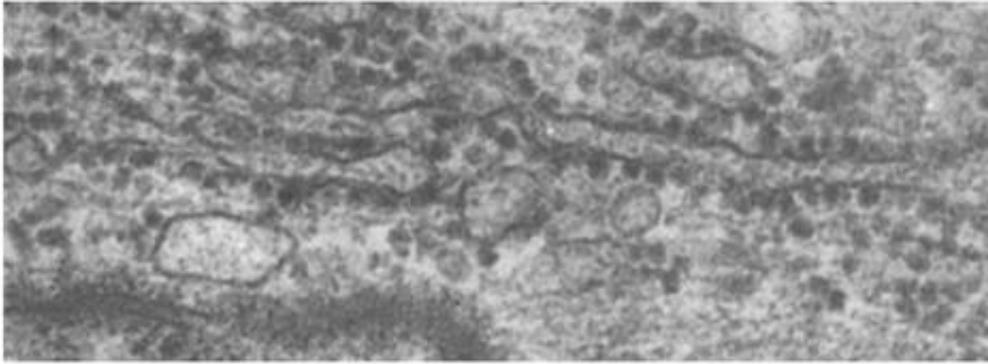
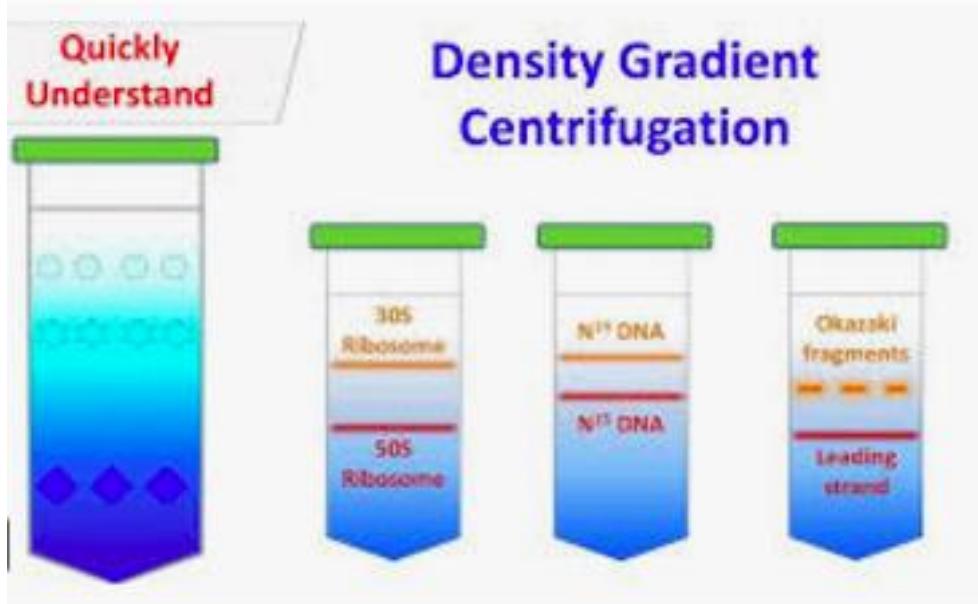


Figura 2.69 Ribosomi delle cellule eucariotiche. Si ritrovano sia liberi nel citoplasma, che associati alle membrane del reticolo endoplasmatico e dell'involucro nucleare.



Lo svedberg (simbolo S) è un'unità di misura del coefficiente di sedimentazione

Centrifugazione gradiente di densità

- Mezzi comunemente usati: Saccarosio (**analisi dei ribosomi**) ; Cloruro di cesio 6 M (**analisi del DNA**).
- Gradiente di densità corrisponde al gradiente di concentrazione di saccarosio o cloruro di cesio.
- Si prepara il gradiente prima (saccarosio- concentrazione dipende dalla densità di ciò che si vuole separare) oppure si forma durante la centrifugazione (cloruro di cesio).
- Ultracentrifugazione: fino a 1.000.000 g / 3- 24 ore
- Dopo la centrifugazione le molecole/virus/organelli non si troveranno sul fondo della provetta ma si posizioneranno nel gradiente in base alla loro densità (**Densità= Massa / Volume**) (molecole con densità minore si posizioneranno nella zona del gradiente a concentrazione più bassa- più in alto nella provetta).