

# OFA di BIOLOGIA

lezione 3- sintesi del DNA, Trascrizione,  
Traduzione, Smistamento delle proteine

Raffaella Meneveri

[raffaella.meneveri@unimib.it](mailto:raffaella.meneveri@unimib.it)

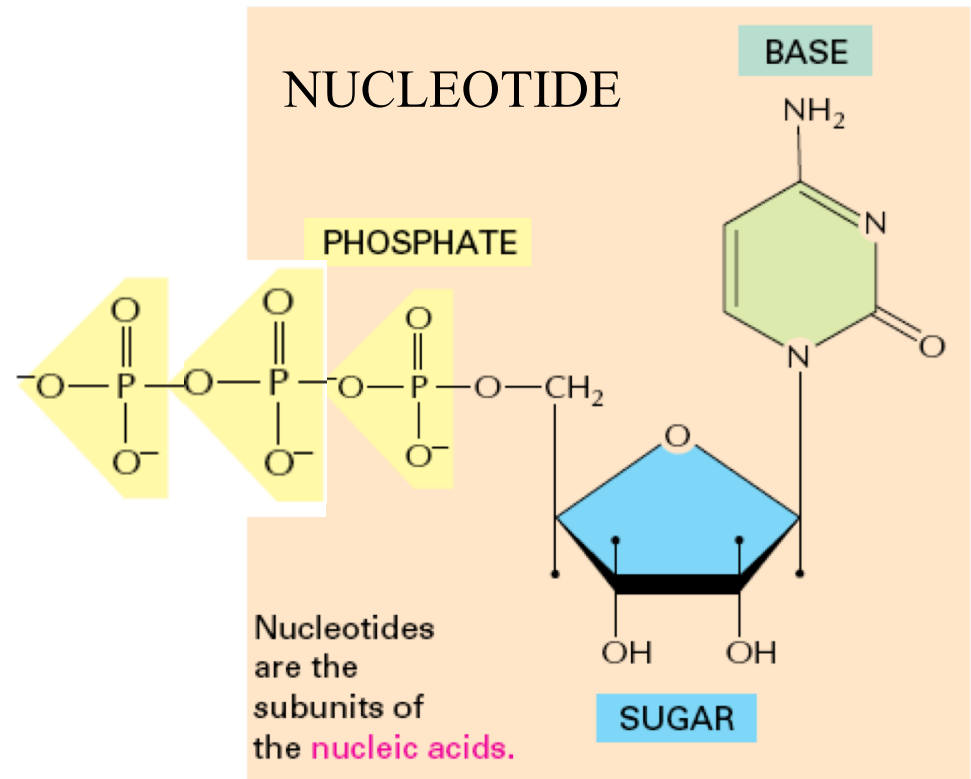
## Acidi nucleici (DNA e RNA)

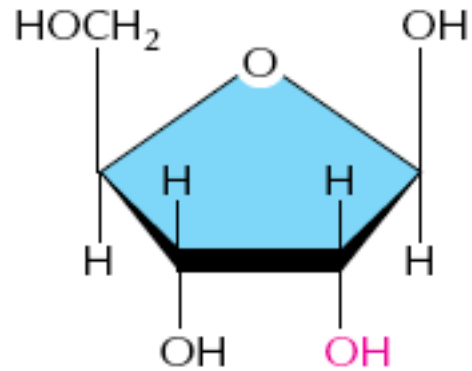
Coinvolti in :

- informazione genetica: DNA
- sintesi delle proteine (RNA messaggero, RNA transfer e RNA ribosomale)

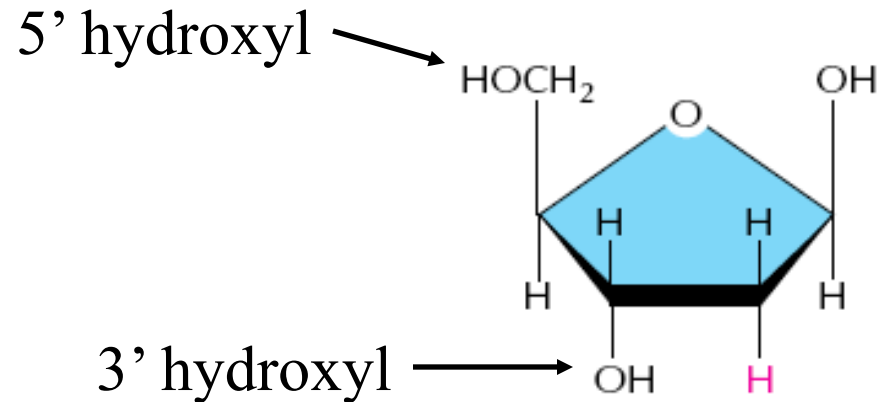
Composto di:

- Zucchero pentoso + base azotata  
+ fosfato
- 2 tipi of zucchero :  
ribosio o desossiribosio
- 5 diverse basi contenenti N-  
(A,C,G,T/U)
- gruppo fosfato



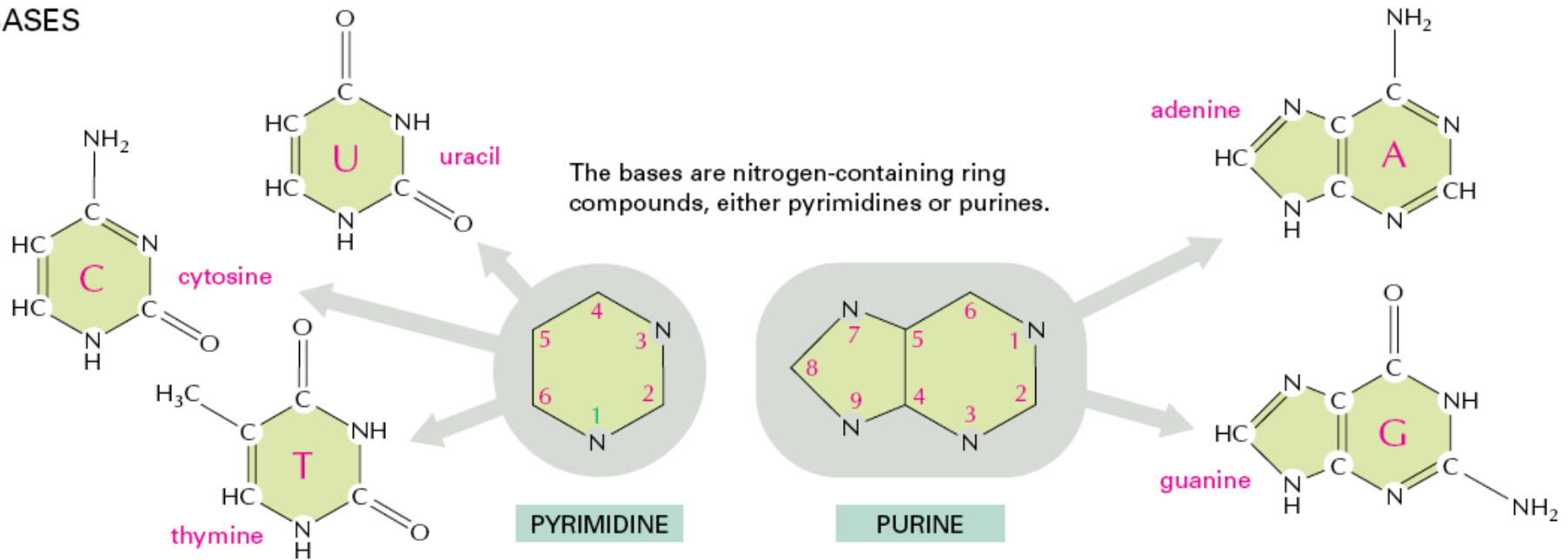


Ribosio nell'RNA

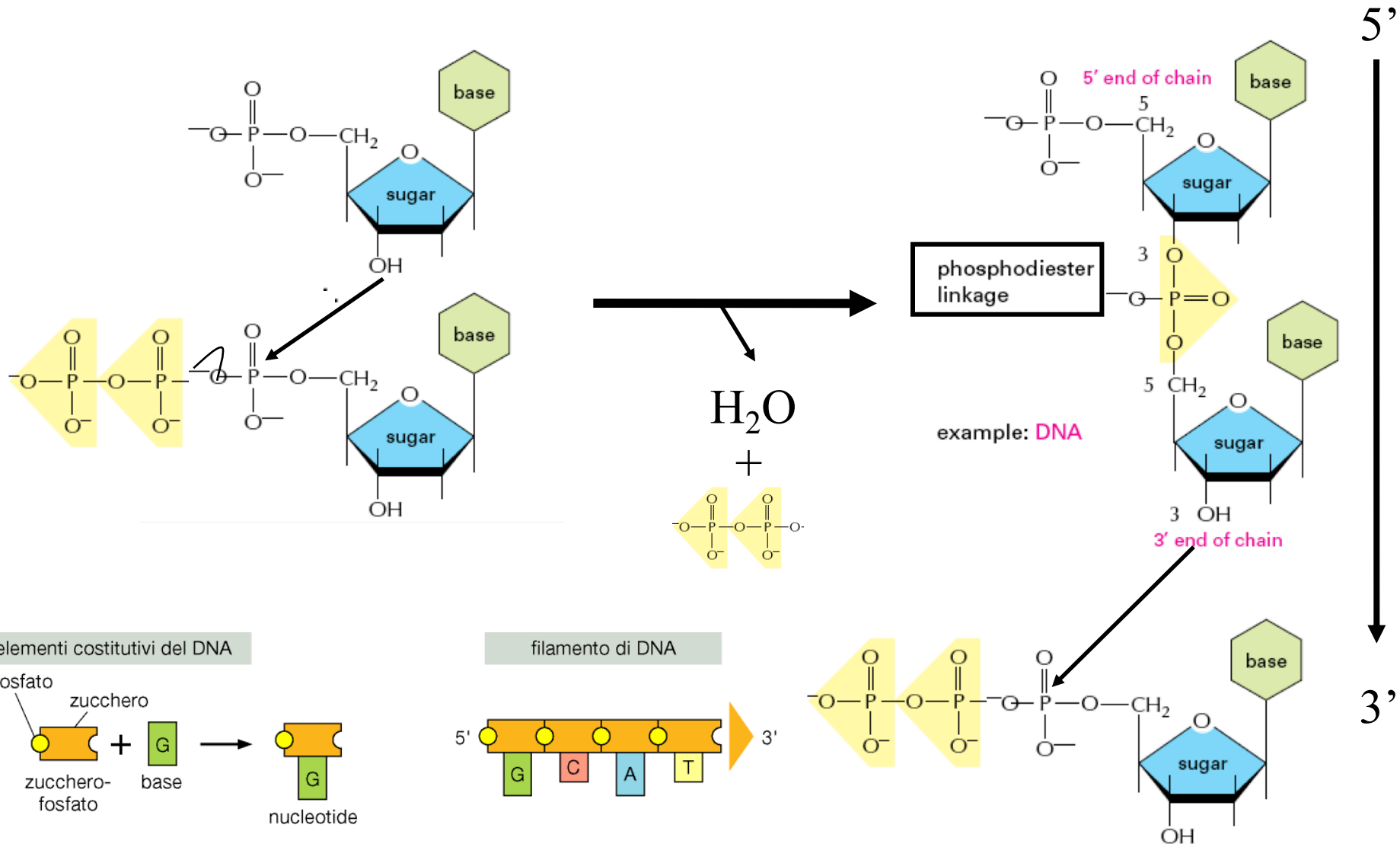


Desossiribosio, nel DNA

## BASES



- DNA e RNA : polimeri lineari di nucleotidi
- legame fosfodiester
- assemblati in direzione 5' verso 3'



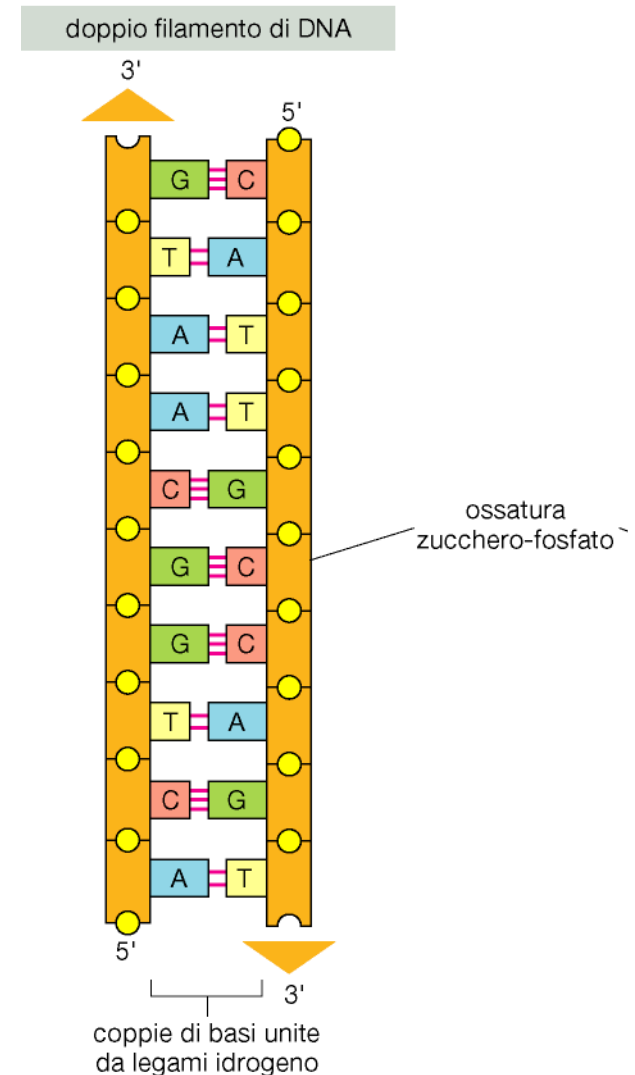
## Come si scrive una sequenza di DNA/RNA

- Convenzionalmente si scrive da 5' a 3'
- Si scrivono solo i nomi abbreviati delle basi
- Si scrive un solo filamento

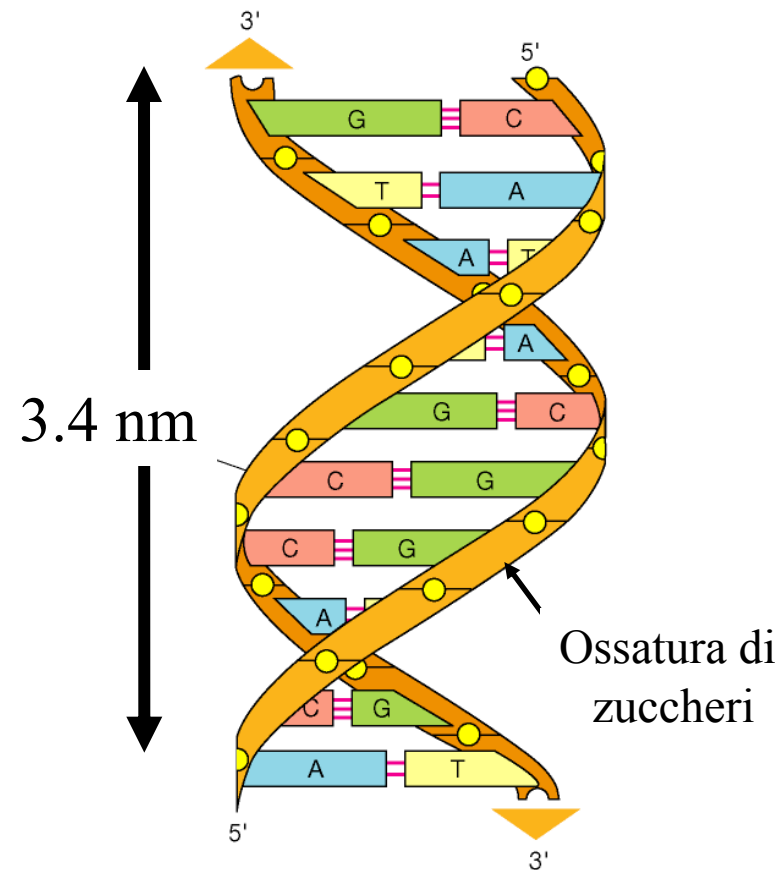
e.g. 5' - C C G A A T T G T - 3'

## Stato nativo del DNA

- Due filamenti appaiati in direzionalità opposta
- Lo scheletro sono i gruppi di zucchero
- Le basi sono all'interno
- Le basi formano legami idrogeno fra di loro •



doppia elica di DNA



- I due filamenti sono avvitati a formare una doppia elica antiparallela
- Ci sono 10 basi per giro completo
- 1 giro = 3.4 nm o 34 Angstroms
- legami obbligati fra le basi, le purine (A-G) possono fare legami solo con determinate pirimidine (T-C)  
A si appaia con T  
G si appaia con C

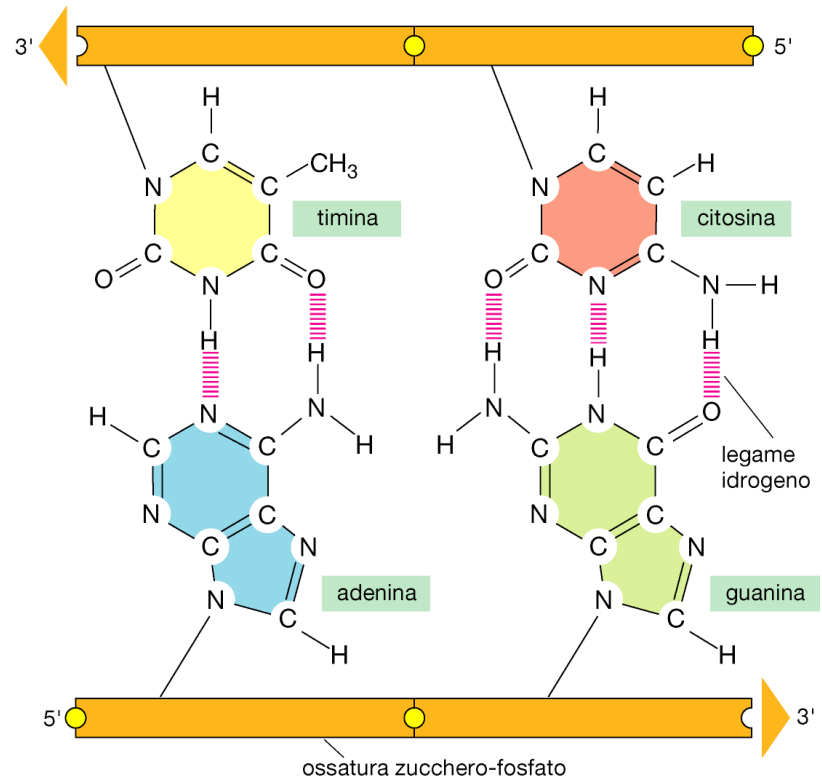
- I due filamenti sono complementari
- purina+pirimidina=coppia di basi

$A = T$       2 H-legami

$G \equiv C$       3 H-legami



I trattini rappresentano i legami idrogeno

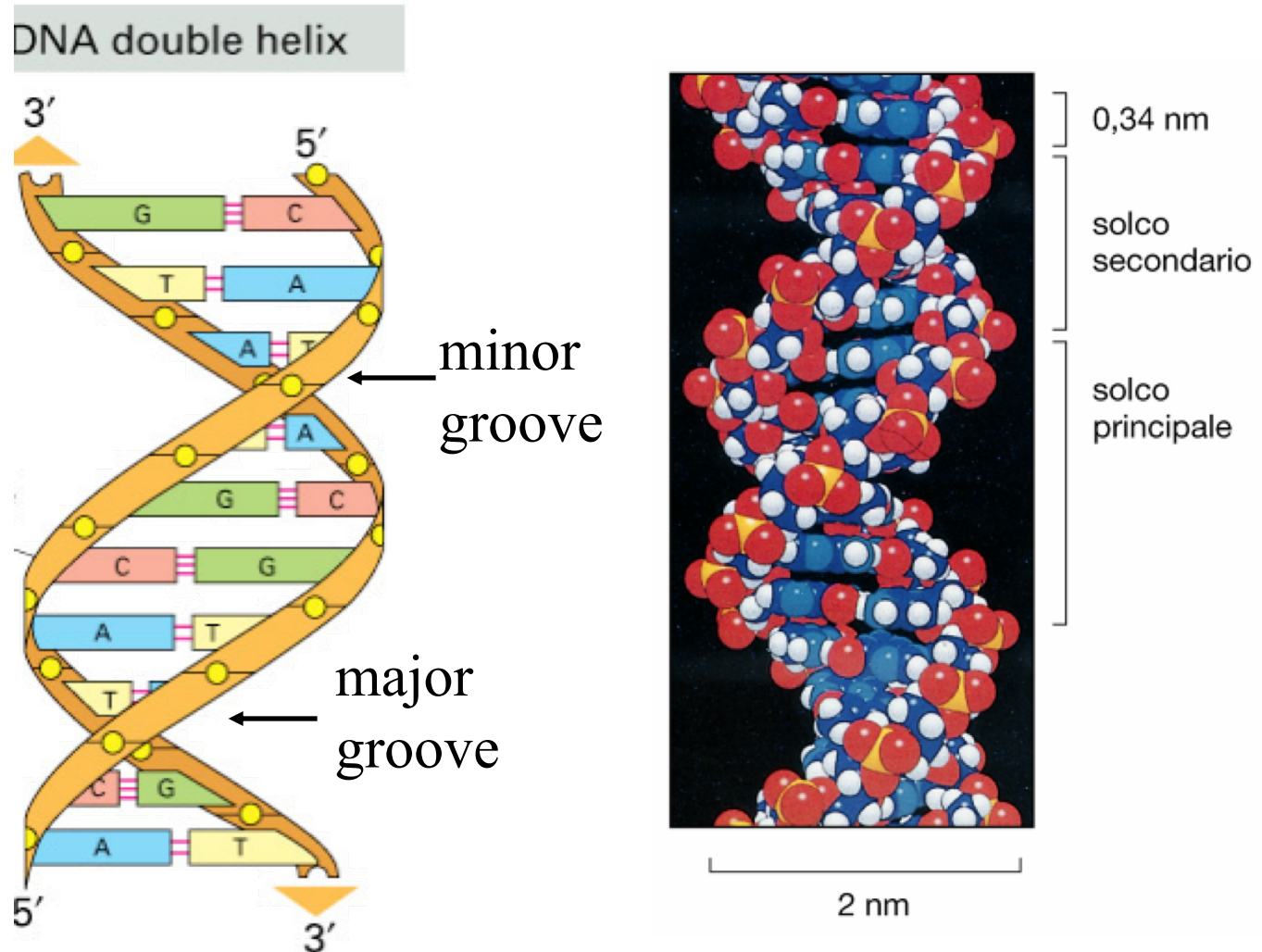


```

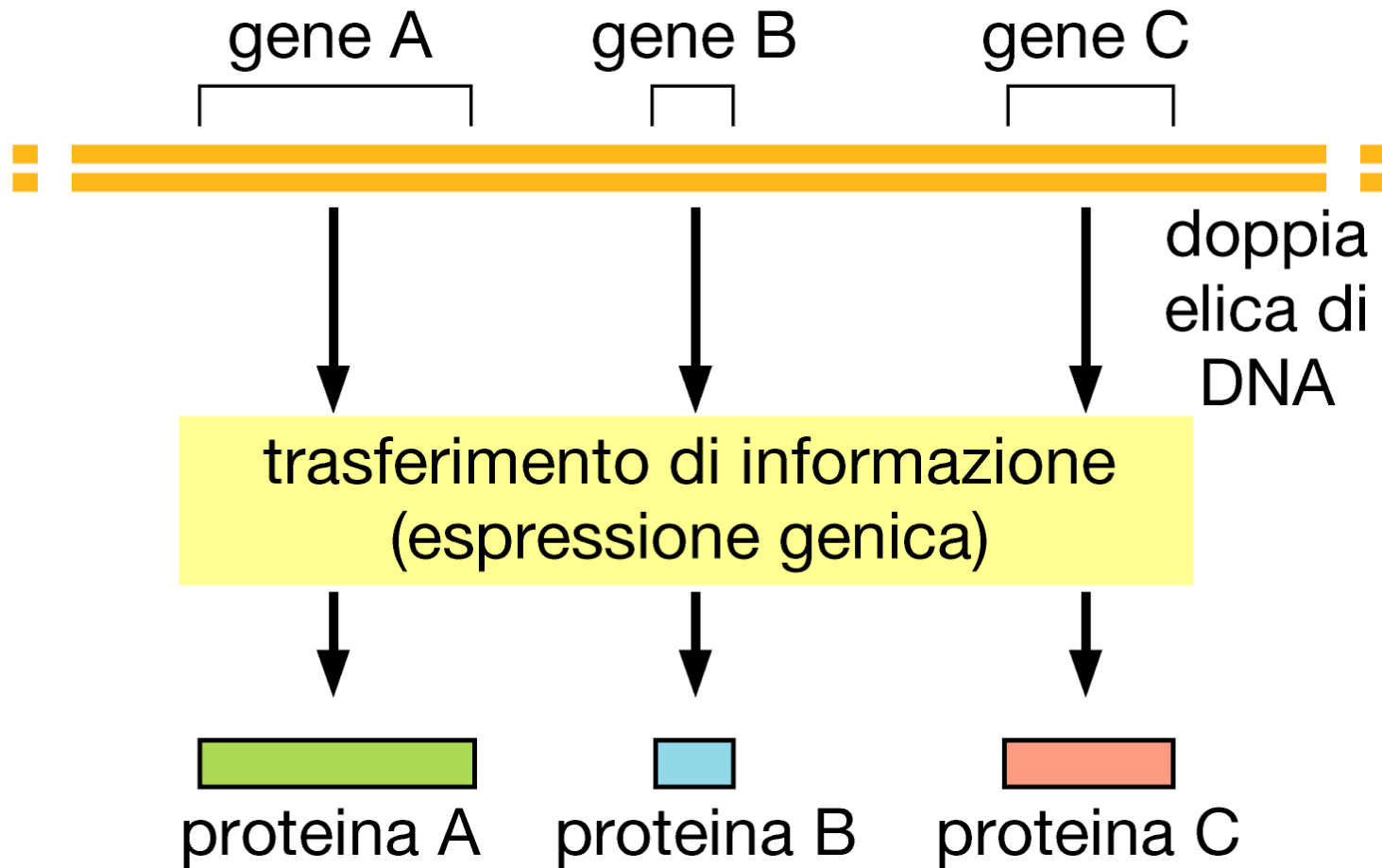
5' - C C G A A T T G T - 3'
    | | | | | | | |
3' - G G C T T A A C A - 5'
  
```

## Il DNA ha due solchi: maggiore e minore

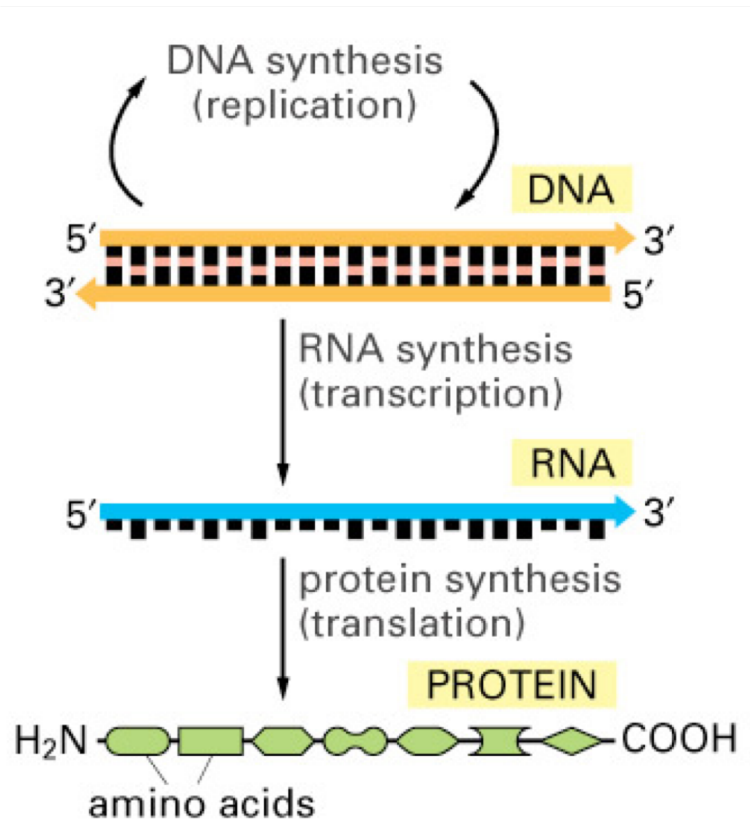
- Ci sono proteine che si possono legare in questi solchi



I geni sono sequenze di DNA che contengono le informazioni per sintetizzare le proteine



# La REPLICAZIONE DEL DNA



REPLICAZIONE: processo mediante il quale vengono prodotte copie identiche del DNA della cellula

- perché una cellula si divida deve ricopiare il suo genoma in modo da passarlo alle cellule figlie
- la replicazione deve essere accurata, se ci sono errori ovvero mutazioni → malattie genetiche, tumori, ma anche evoluzione

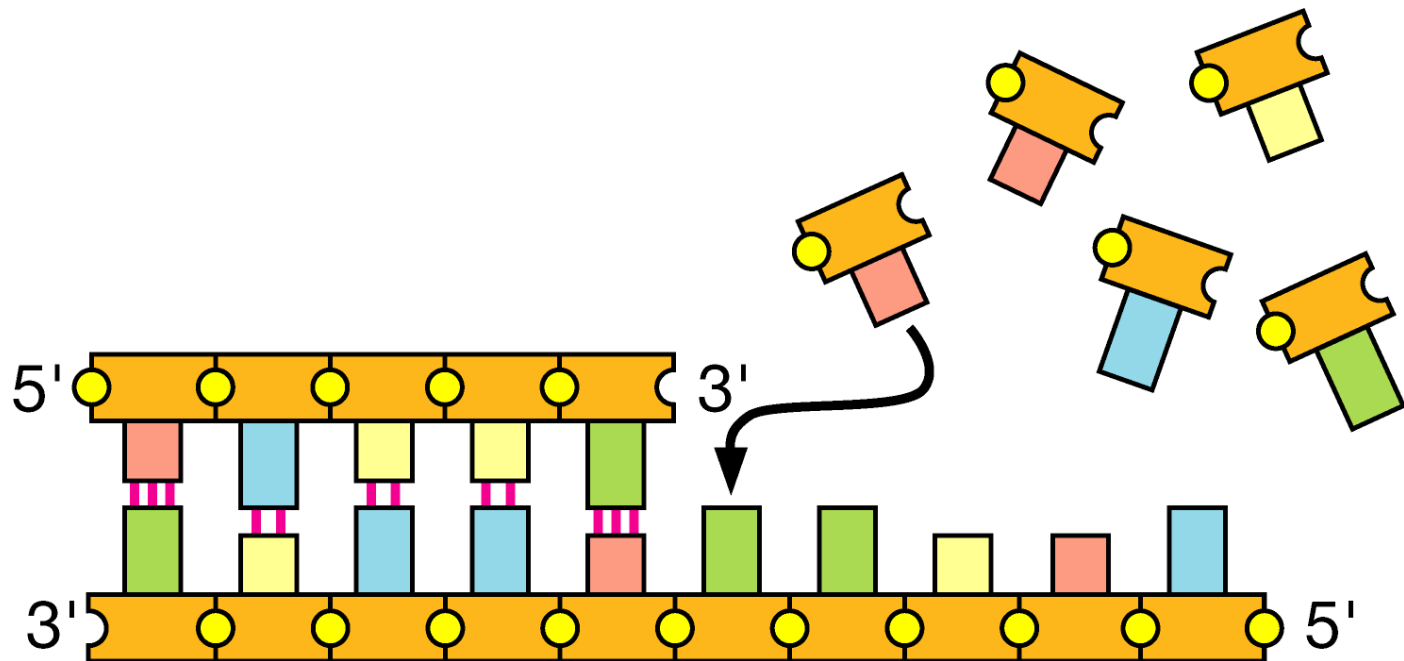
Ognuno dei due filamenti può fare da stampo

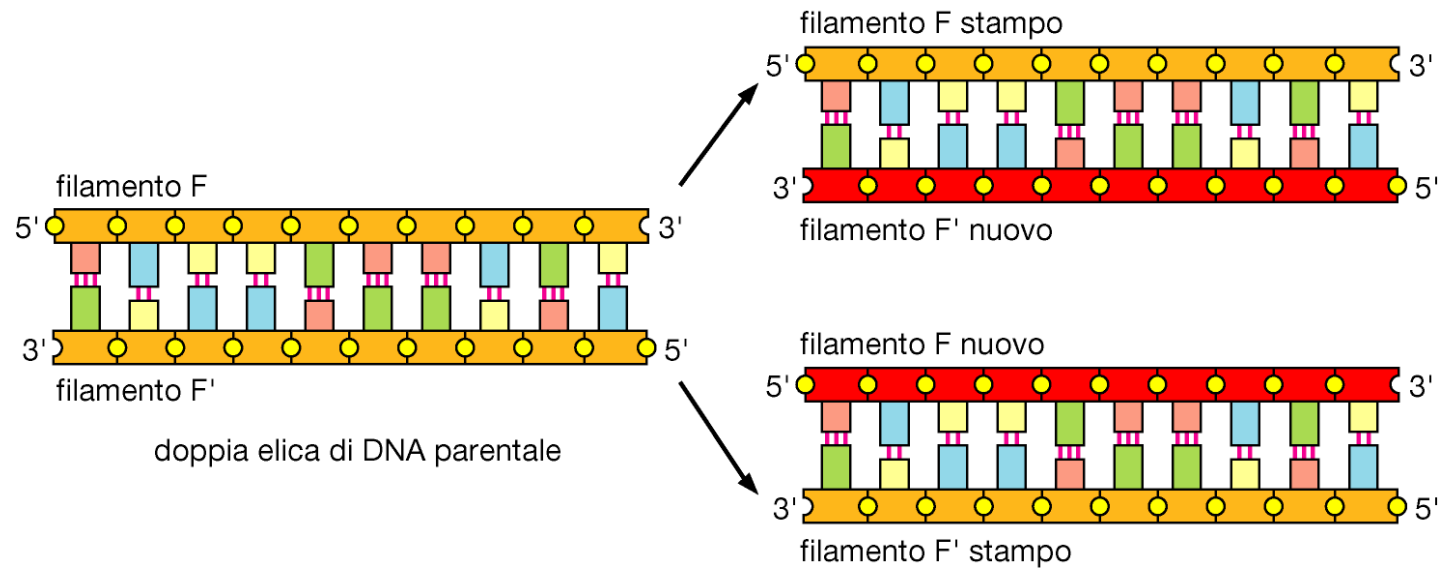
“A” si appaia con “T”

“T” si appaia con “A”

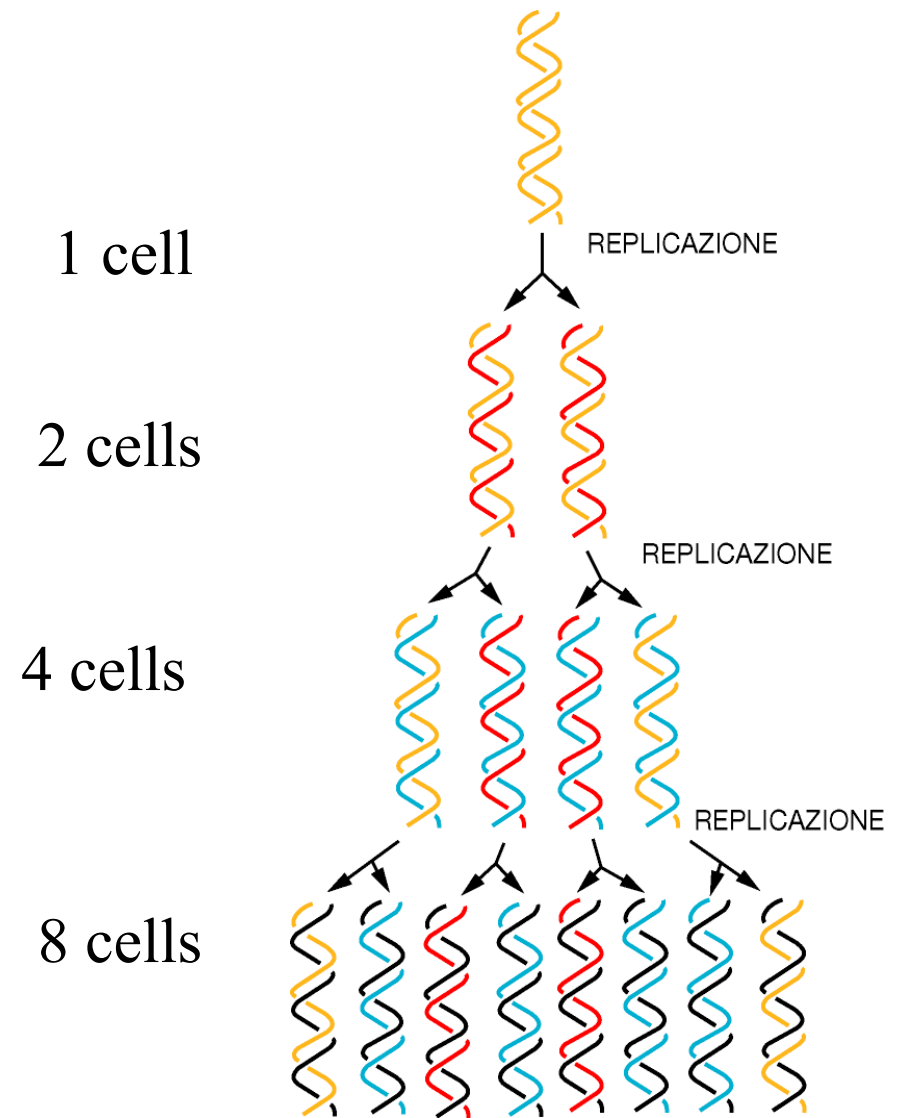
“C” si appaia con “G”

“G” si appaia con “C”

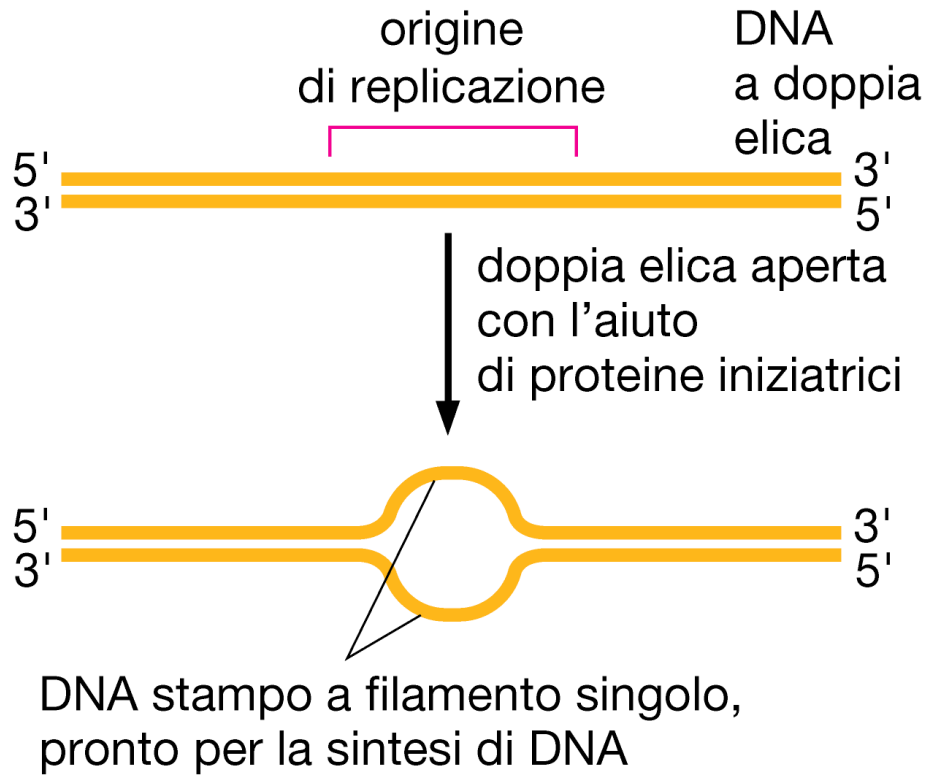




Ognuno dei due filamenti può fare da stampo per la sintesi di nuovo DNA ad ogni ciclo di replicazione



La divisione cellulare avviene di solito alla fine di ogni ciclo di replicazione



La replicazione del DNA inizia in siti specifici

Origine di replicazione: dove inizia la sintesi

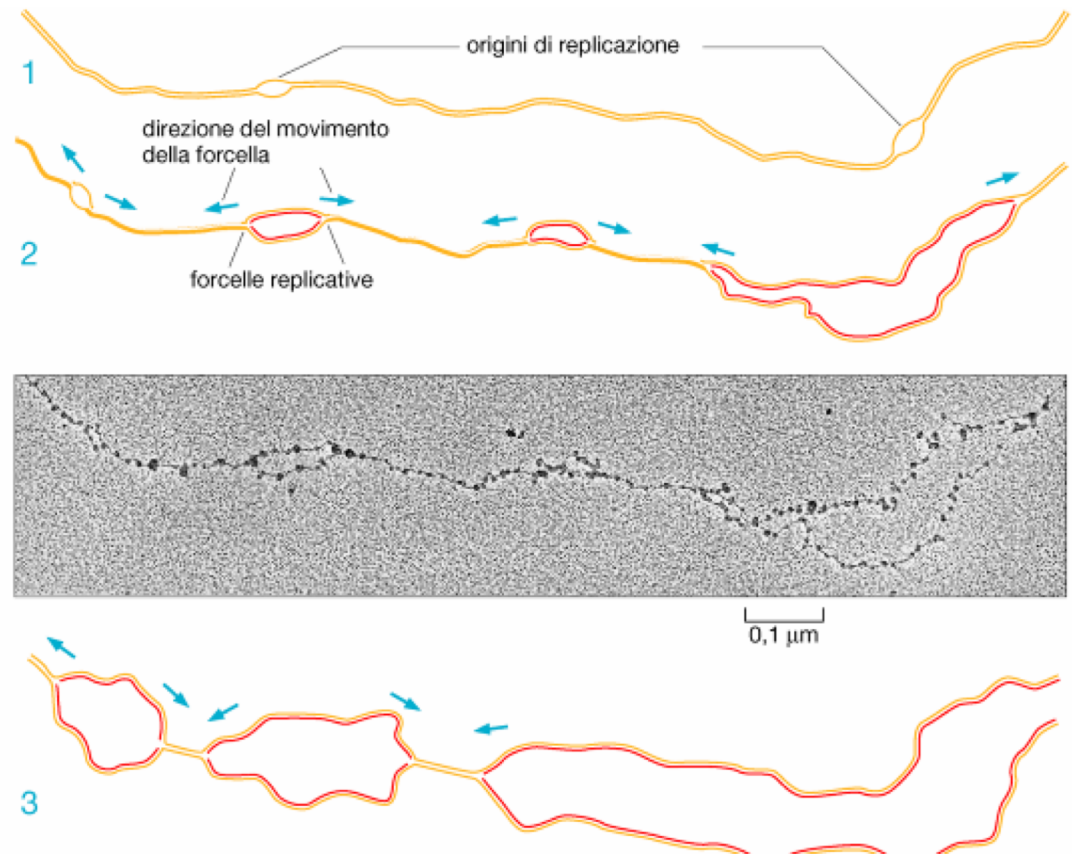
Proteine speciali separano le due eliche, di solito in regioni ad alto contenuto in A-T

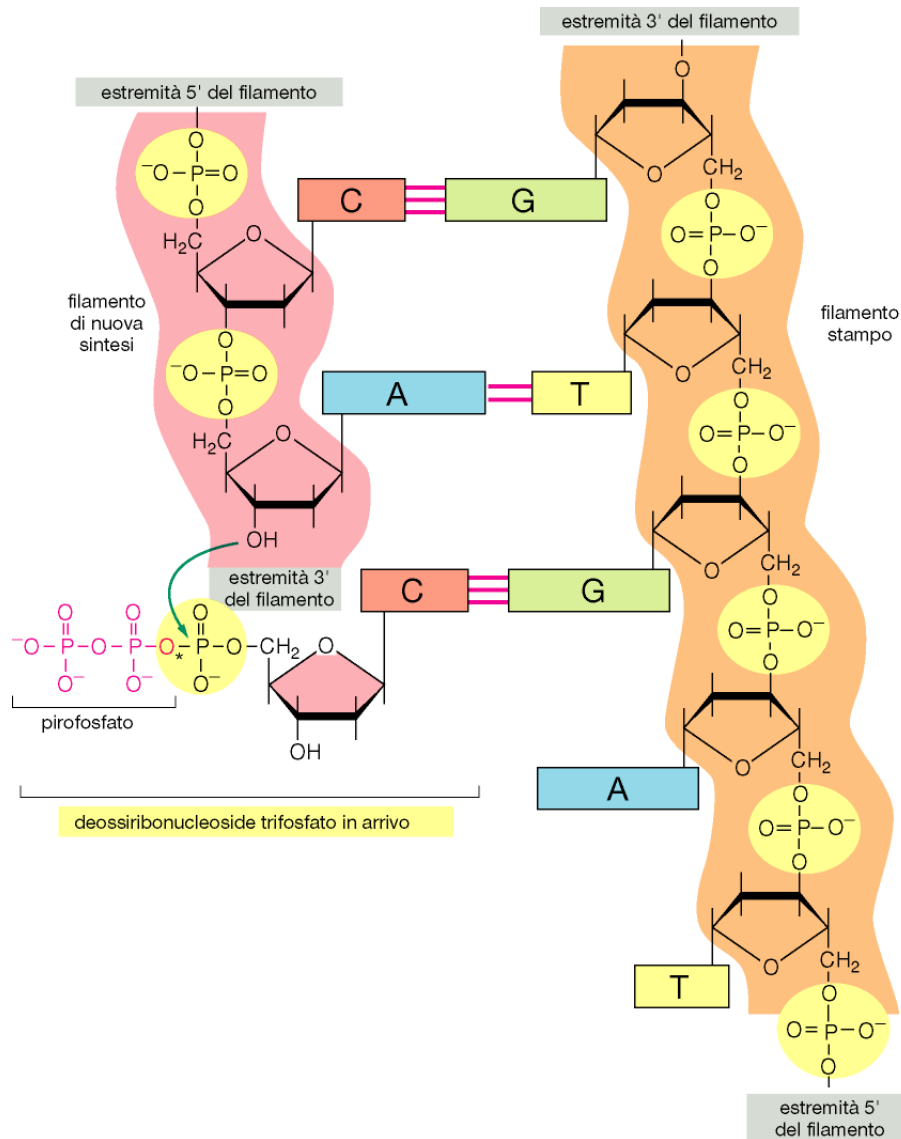
- I procarioti hanno di solito una singola origine di replicazione → cromosoma unico e circolare

- Gli eucarioti ne hanno + di 10000 → cromosomi multipli e molto lunghi

- DNA polimerasi: sintetizza nuovo DNA usando uno dei due filamenti come stampo si lega all'origine di replicazione.

- La sintesi del DNA è bidirezionale

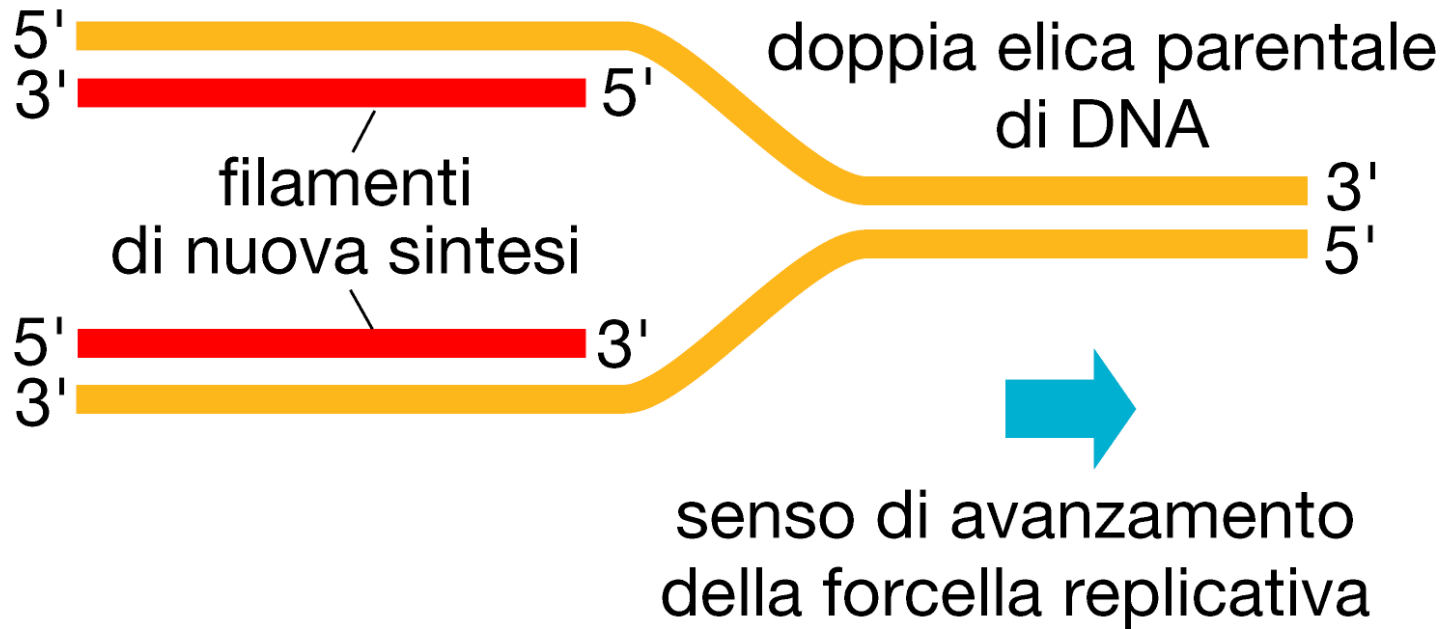




La sintesi del DNA avviene da 5' a 3'.

Un nuovo nucleotide è aggiunto all'estremità 3' della nuova catena di DNA

- L'idrolisi del legame del nucleotide trifosfato a dare PP<sub>i</sub> provvede l'energia necessaria alla sintesi di DNA

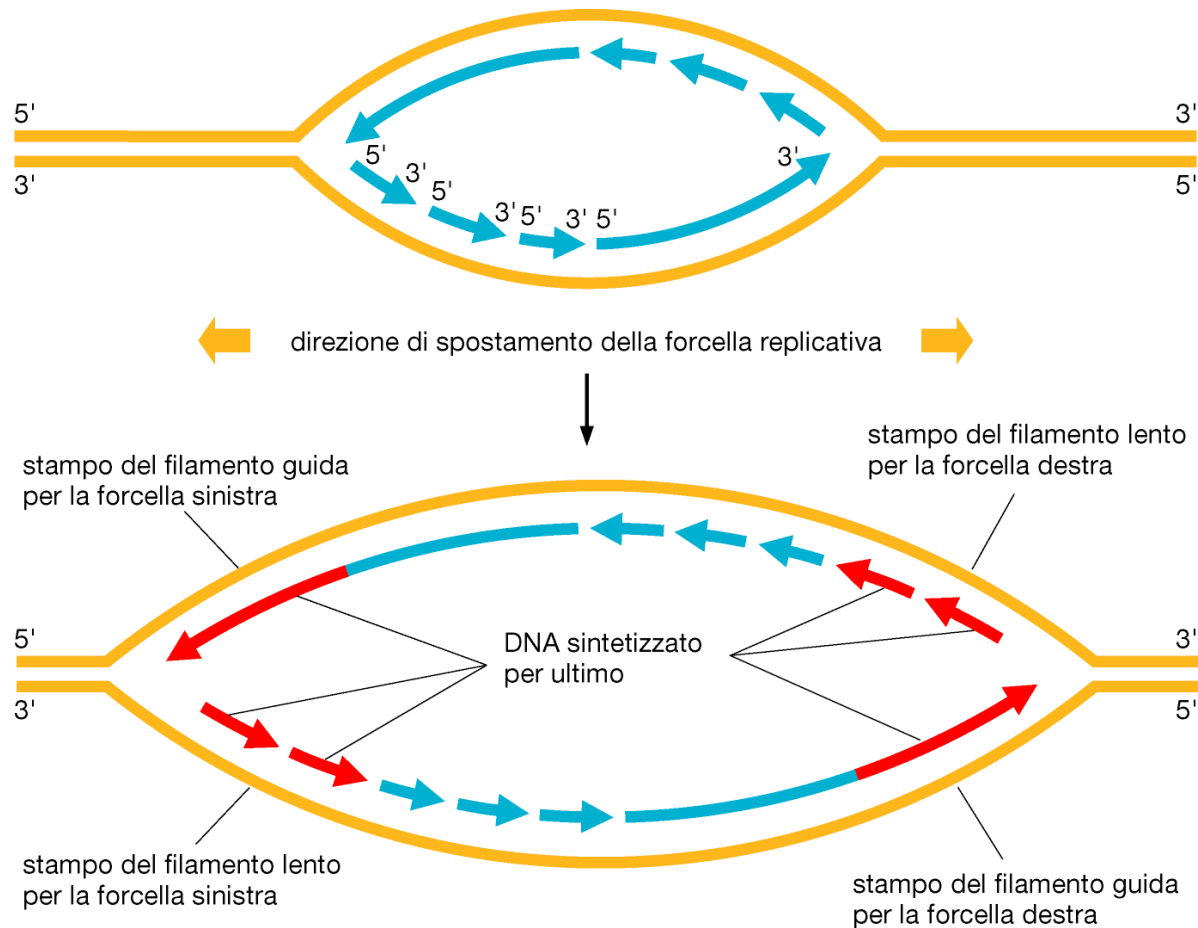


I due nuovi filamenti di DNA sono sintetizzati a partire dalla forcella replicativa

Il DNA è sintetizzato solo in direzione 5'---> 3'

La forcella di replicazione è asimmetrica

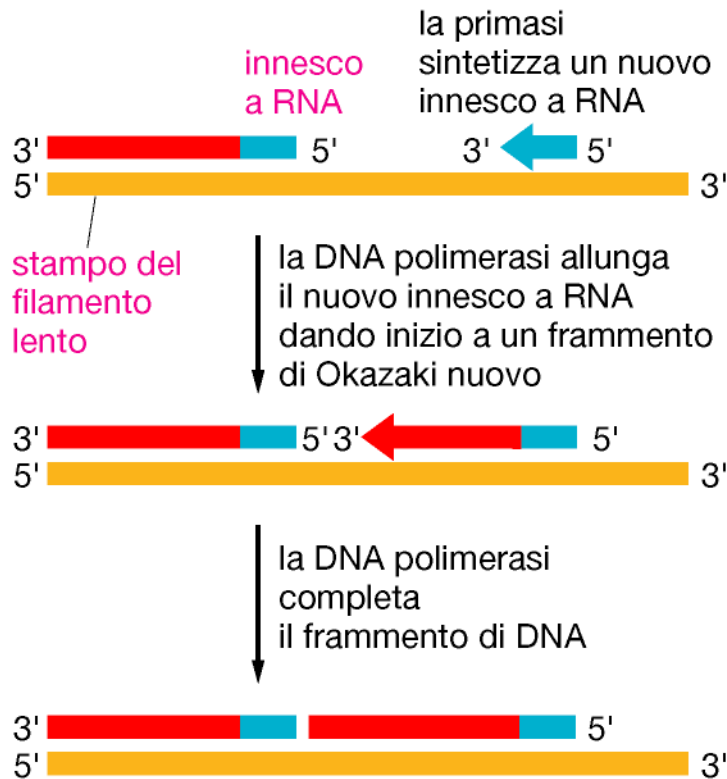
Come si risolve il problema?



Il filamento guida è sintetizzato in un unico pezzo

Il filamento lento è fatto in più frammenti

# Piccoli frammenti di RNA fungono da innesco per la sintesi di DNA



- L'inizio di un nuovo DNA necessita di un innesco a cui attaccarsi
- L'innesco è sintetizzato da un'enzima chiamato Primasi
- L'innesco è lungo circa 10 basi ed è complementare allo stampo
  - Sul filamento guida serve un solo innesco mentre molti nuovi inneschi vengono sintetizzati complementari al filamento lento e la sintesi a partire da questi inneschi genera i FRAMMENTI di OKAZAKI

la DNA polimerasi  
completa  
il frammento di DNA



il vecchio innesco  
a RNA viene eliminato  
e sostituito da DNA

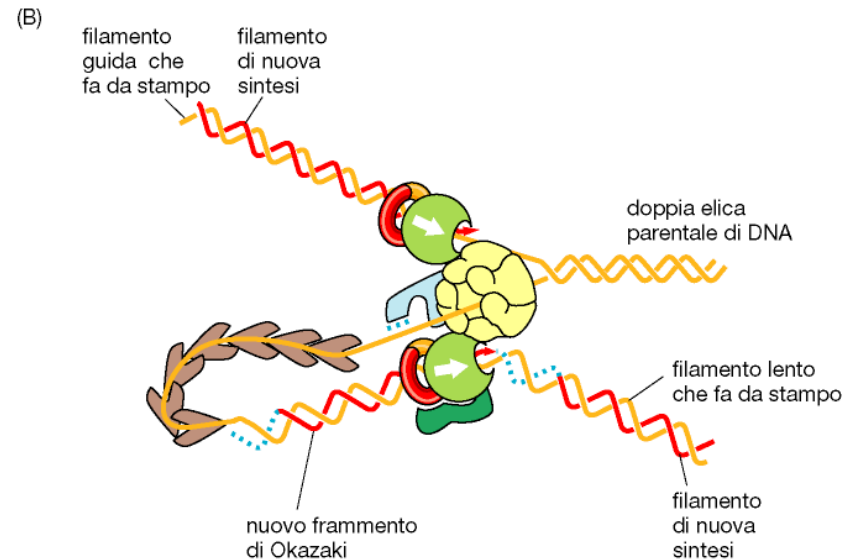
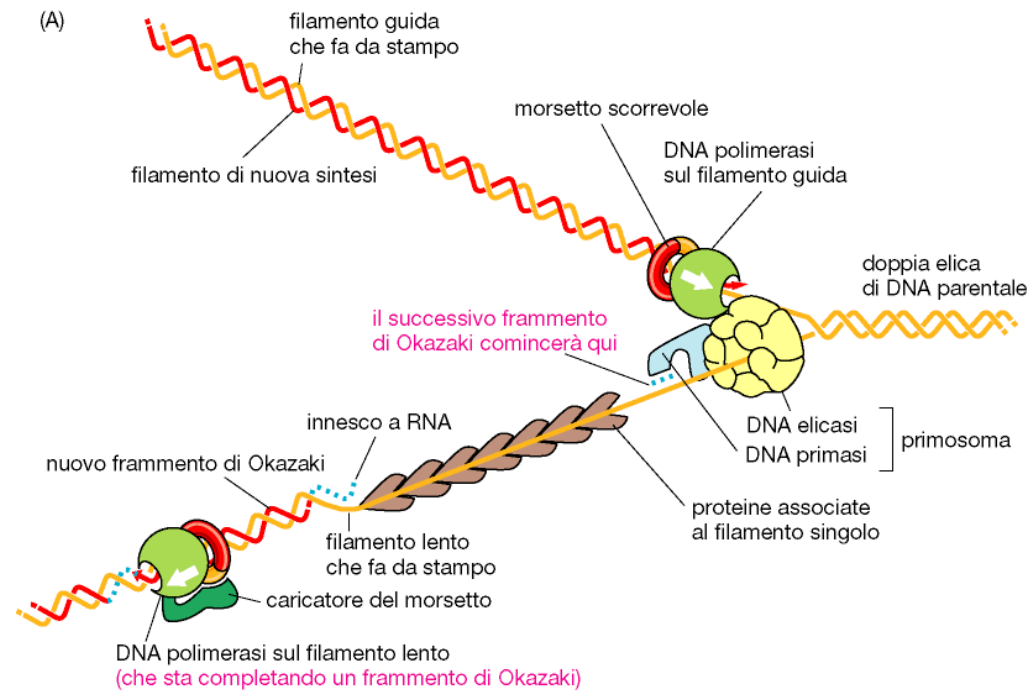


ricucendo i punti di taglio,  
la DNA ligasi unisce  
il frammento di Okazaki nuovo  
al resto della catena  
in formazione



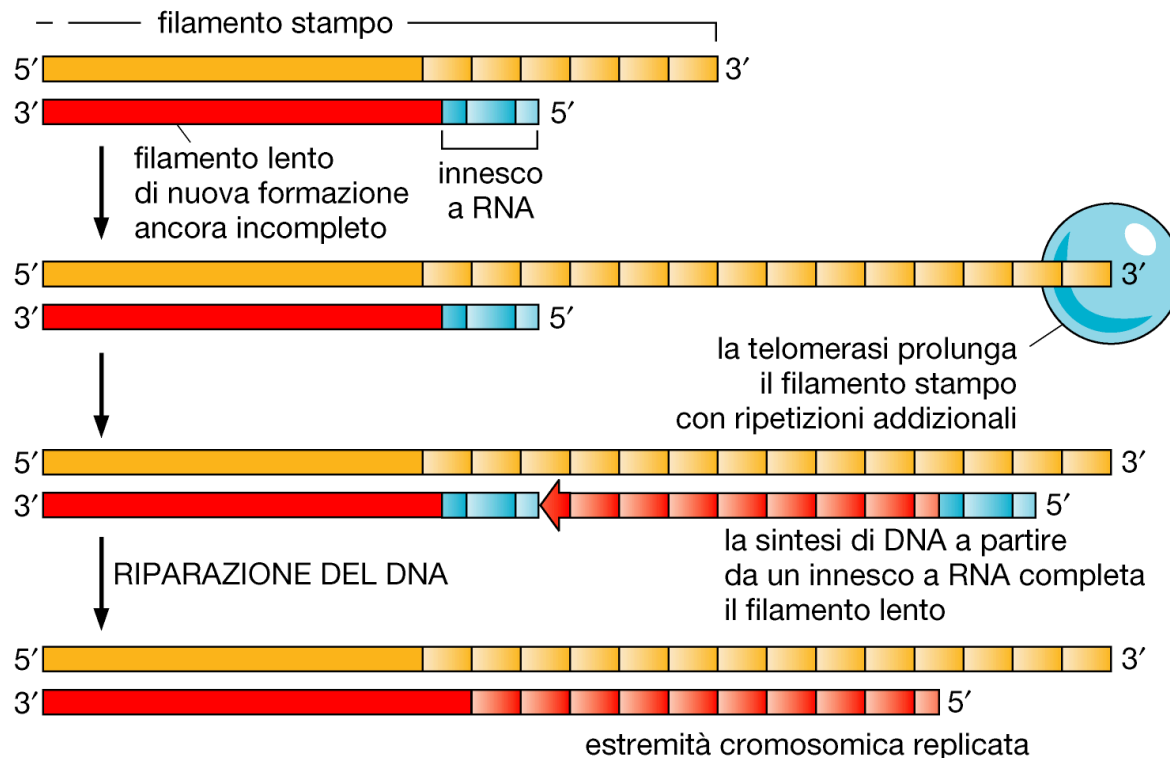
- una volta completata la sintesi gli inneschi sono rimossi da una nucleasi
- la polimerasi riparativa sostituisce l'RNA degli inneschi con DNA
- La ligasi unisce i frammenti

Alla forza  
replicativa  
agiscono molte  
proteine



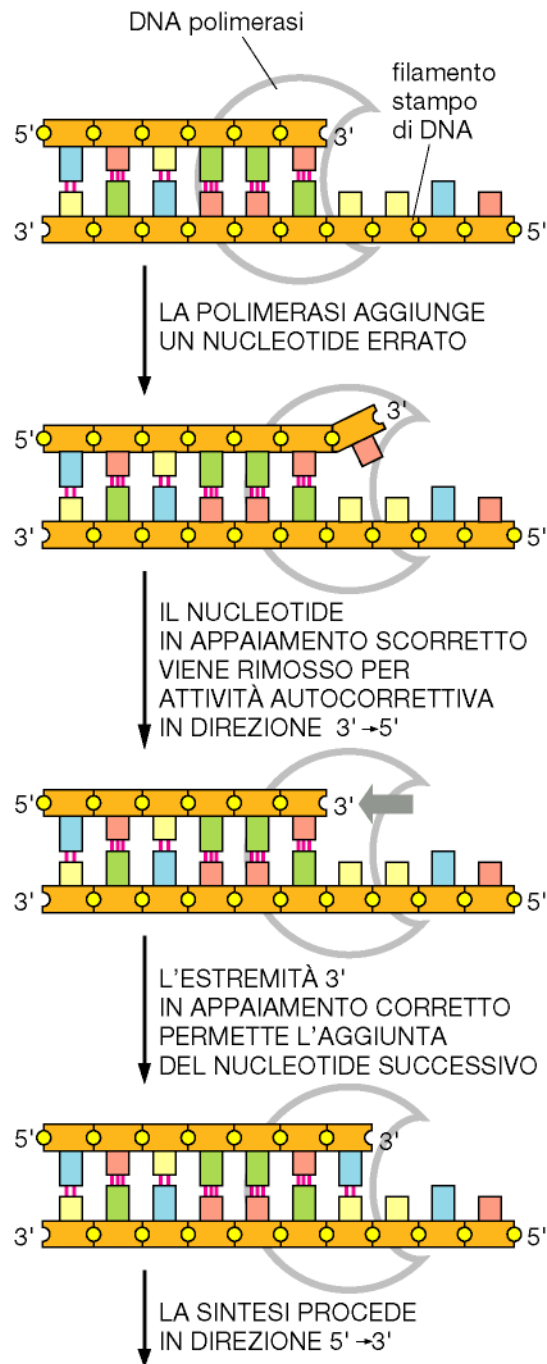
# Le DNA Telomerasi replicano la fine dei cromosomi

- La sintesi del DNA avviene  $5' \rightarrow 3'$
- Il filamento lento è generato in modo discontinuo da frammenti che richiedono inneschi a RNA
- Alla fine del cromosoma non ci sarebbe nulla per fare attaccare l'innesco e il cromosoma si accorcerebbe ad ogni ciclo di replicazione



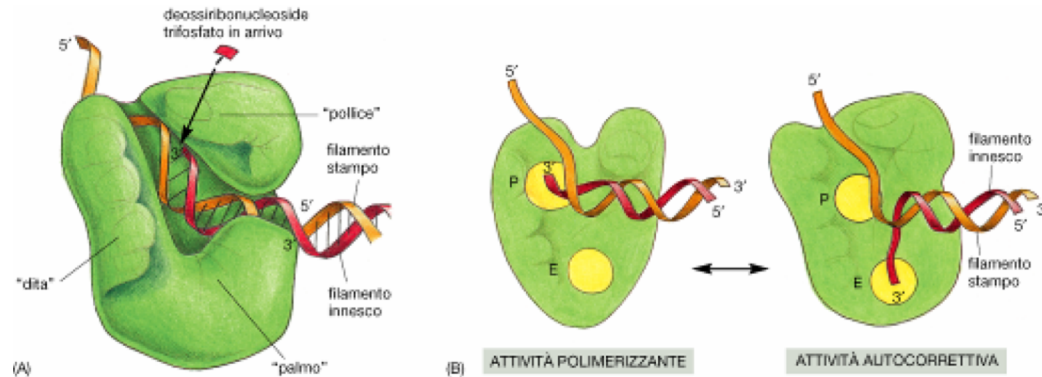
La DNA telomerasi aggiunge una serie di copie multiple di speciali sequenze nucleotidiche in modo indipendente

Queste sequenze fanno da stampo per gli inneschi del filamento lento



La DNA polimerasi commette circa 1 errore su 10 milioni di nucleotide copiati, ma possiede dei meccanismi che le permettono di correggere molti di questi errori

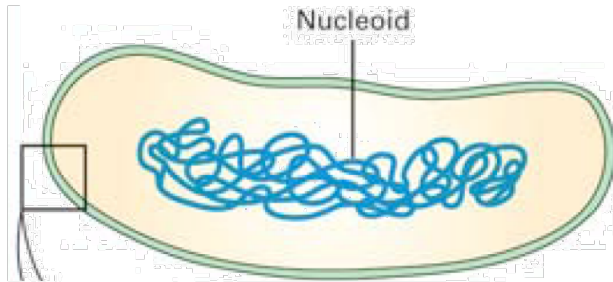
Quando c'è un errore il nucleotide sbagliato viene rimosso e rimpiazzato da uno giusto.



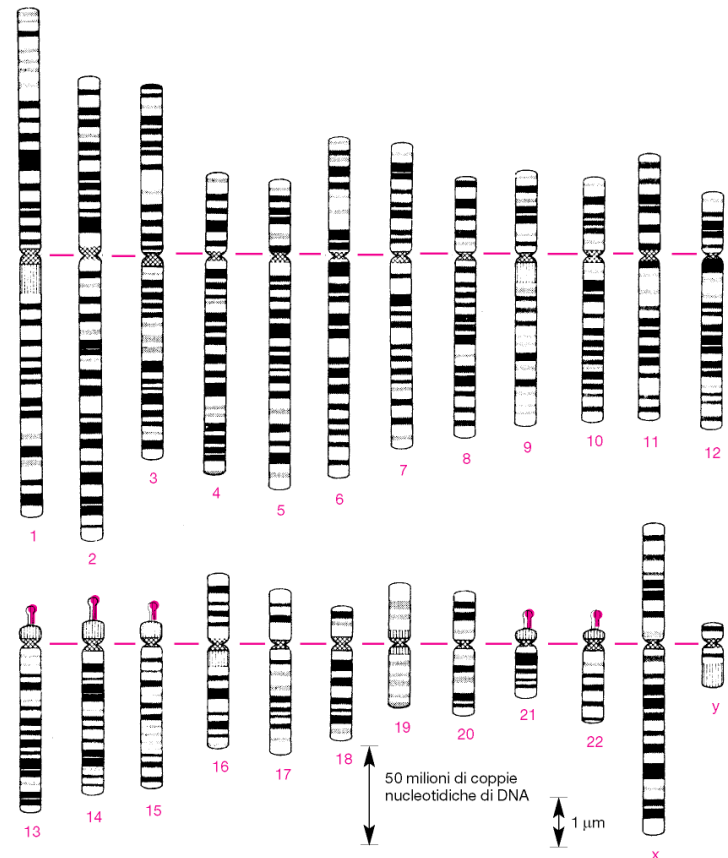
Le attività di sintesi e correzioni sono in due porzioni diverse della DNA polimerasi

# DNA è impaccato nella cromatina

procarioti: nucleoide



Eucarioti: cromosomi



Il DNA é altamente ripiegato su sè stesso

= superavvolgimento

# I cromosomi sono impaccati

Se fosse completamente svolto il DNA di una cellula di mammifero sarebbe lungo circa 1m.

Il DNA impaccato nella cellula = 5 milionesimi di metro ( $5 \mu\text{M}$ )

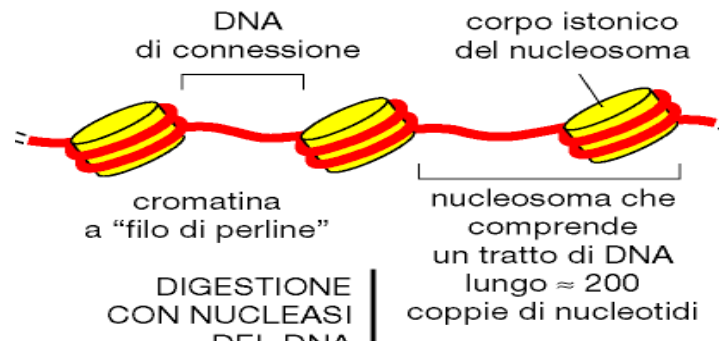
Come é possibile?

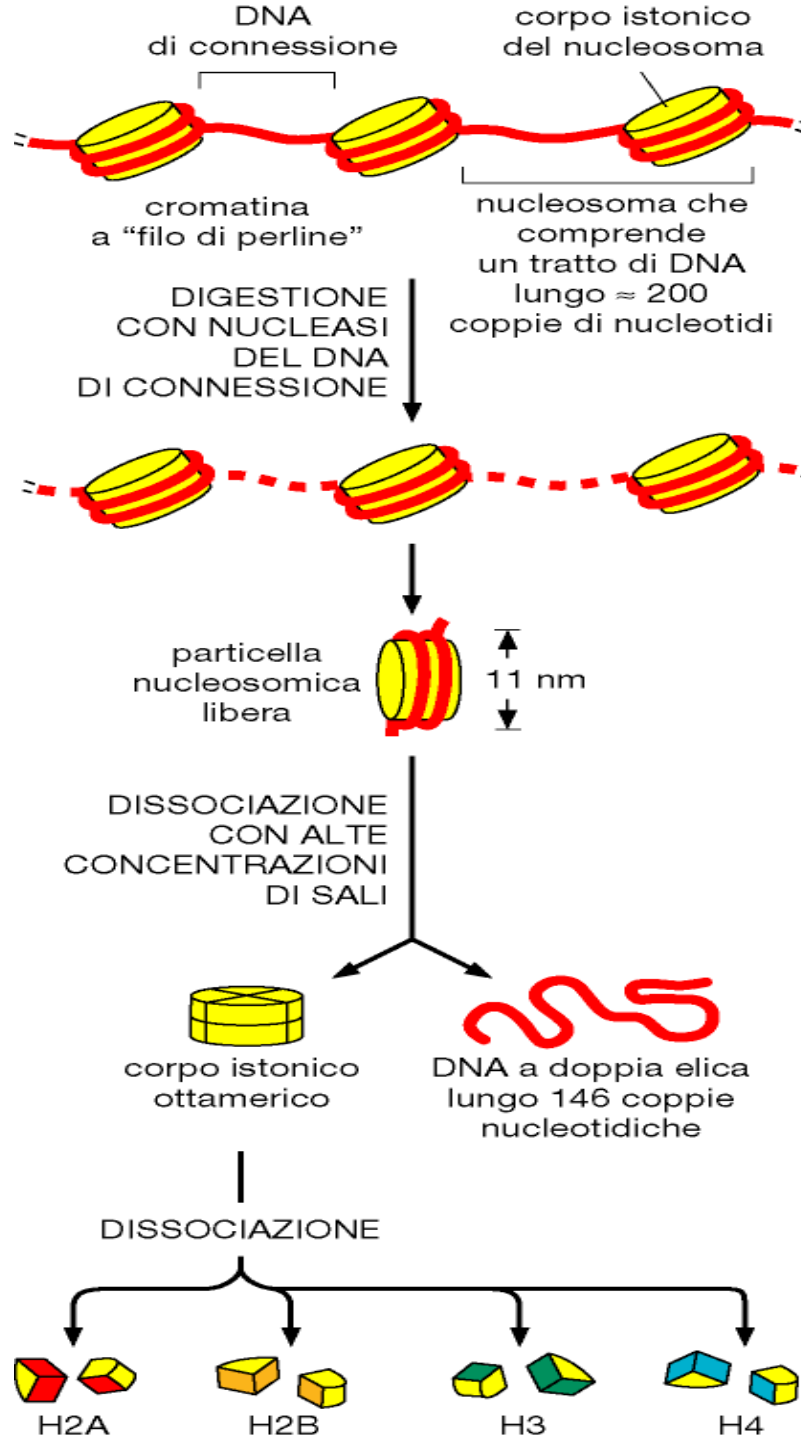
Ci sono proteine che girano e ripiegano il DNA in livelli di organizzazione superiori

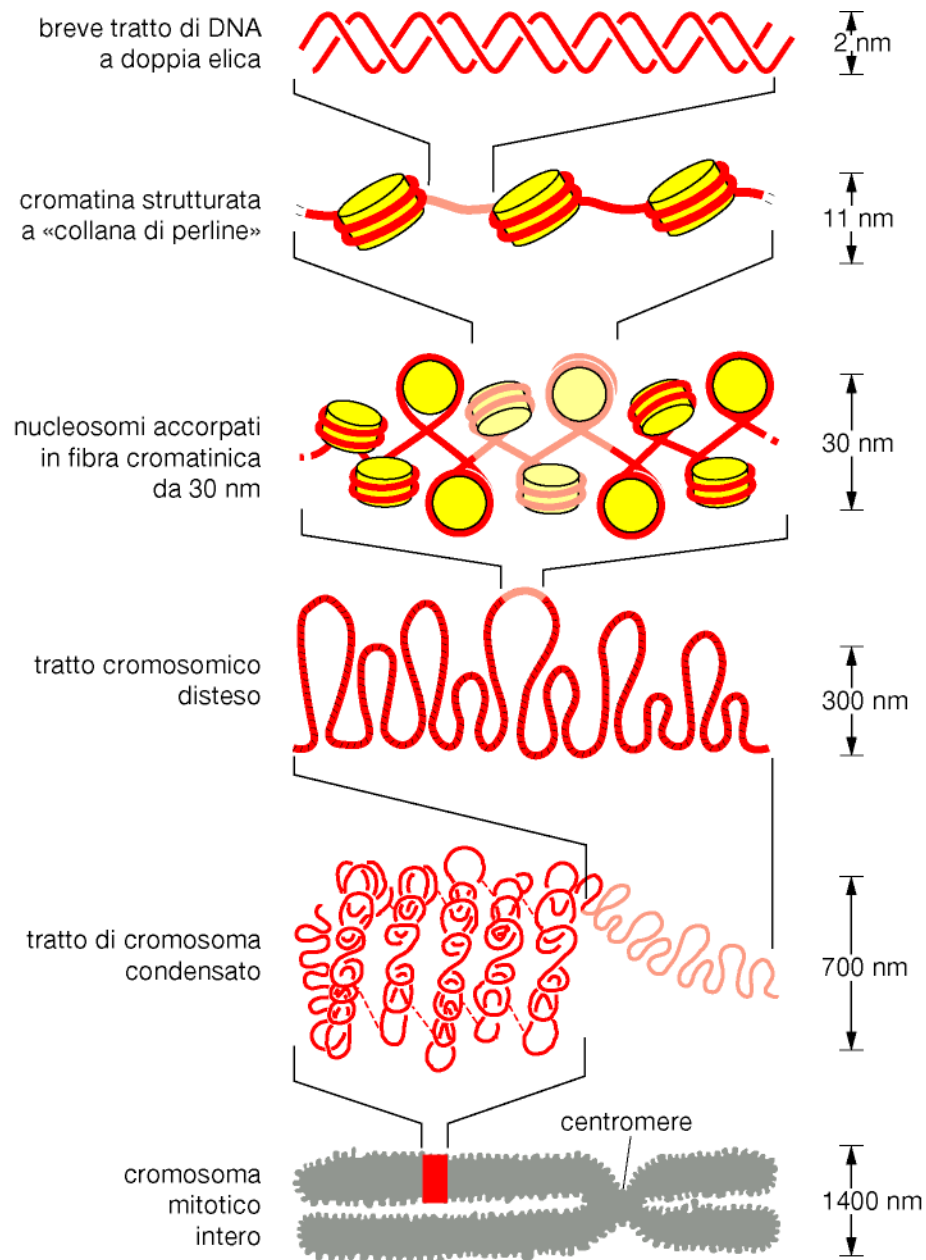


ISTONI: proteine responsabili della condensazione del DNA

NUCLEOSOMA: contiene DNA avvolto intorno ad un core di istoni

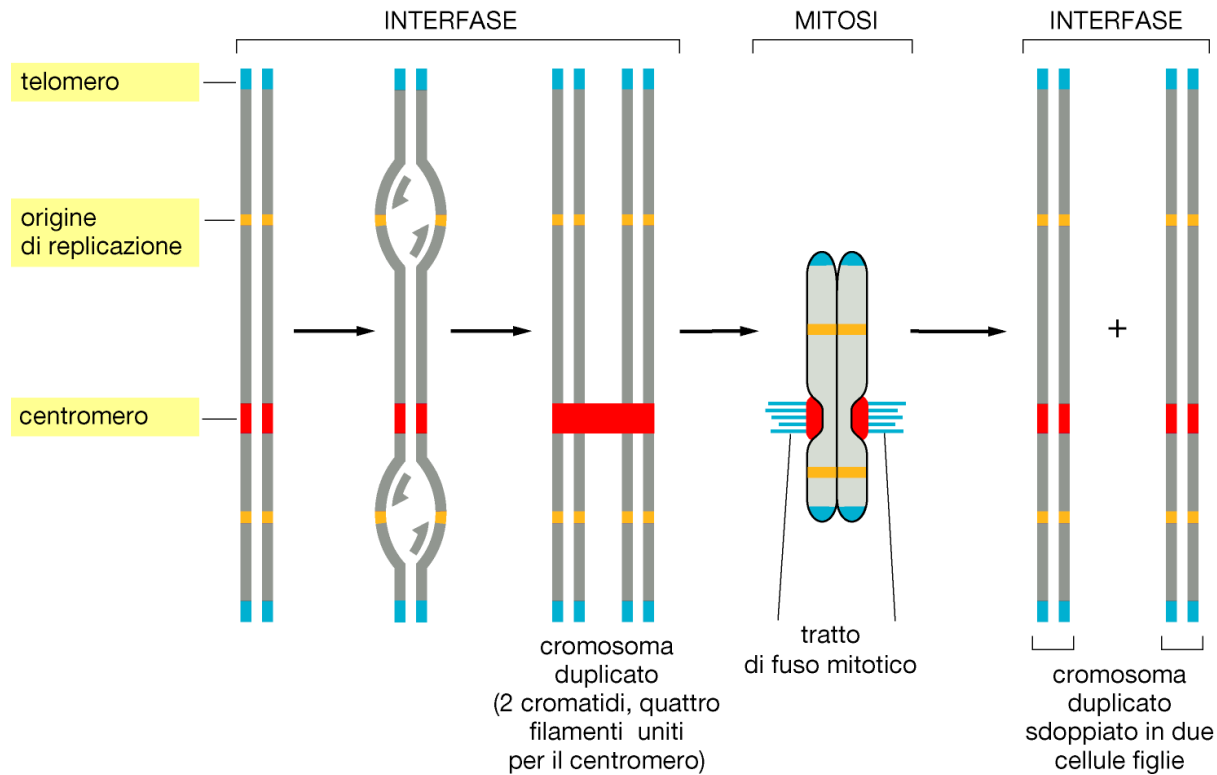






**RISULTATO NETTO: OGNI MOLECOLA DI DNA RISULTA STIPATA IN UN CROMOSOMA MITOTICO 10 000 VOLTE PIÙ CORTO DI QUANDO È DISTESO**

# I cromosomi esistono in diversi stati



Interfasici (cellula non in divisione)-----DNA è esteso

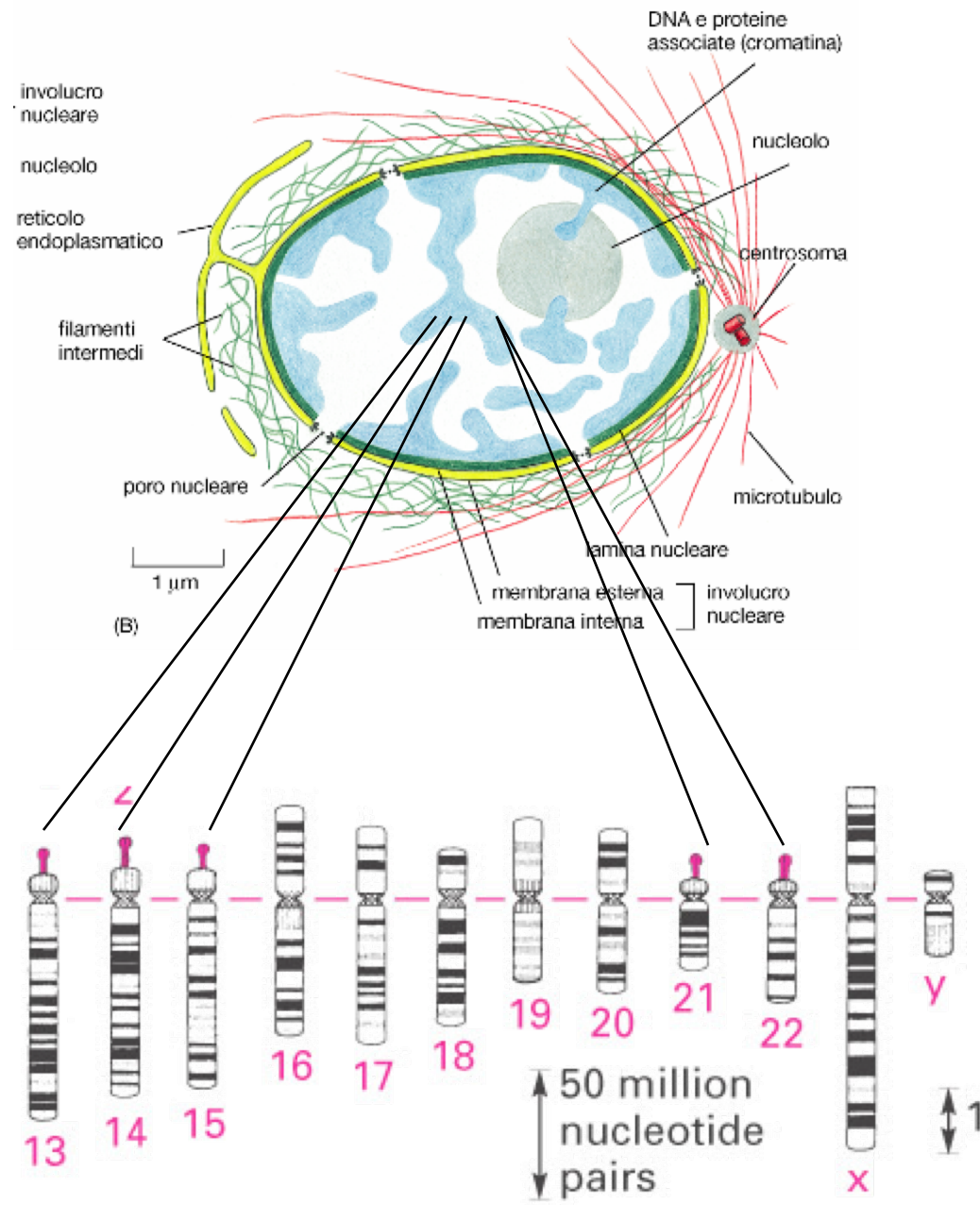
Mitotici (cellula in divisione)-----DNA é condensato

# I cromosomi interfasici sono organizzati nel nucleo

Ogni cromosoma occupa una particolare localizzazione

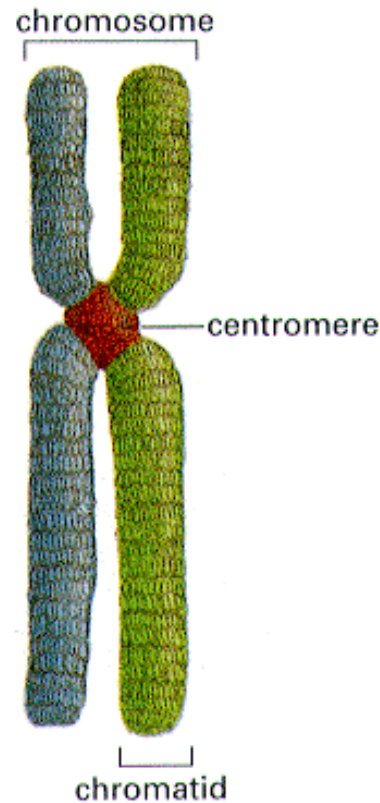
nucleolo

Parte addensata del nucleo dove avviene la sintesi dell'RNA



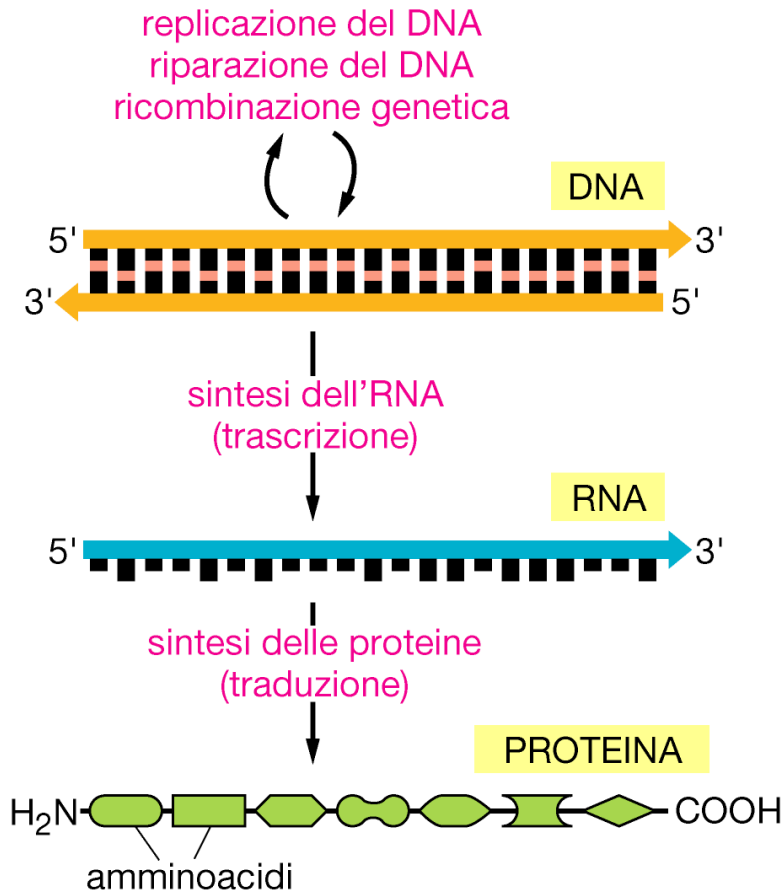
Durante la fase S ogni cromosoma (molecola di DNA) viene duplicato e ogni copia completa (cromatide) resta unita all'altra per la zona centrale del centromero sino alla fase M.

Ciascun cromatide  
contiene una delle due  
molecole di DNA generate  
nella fase S di replicazione  
del DNA

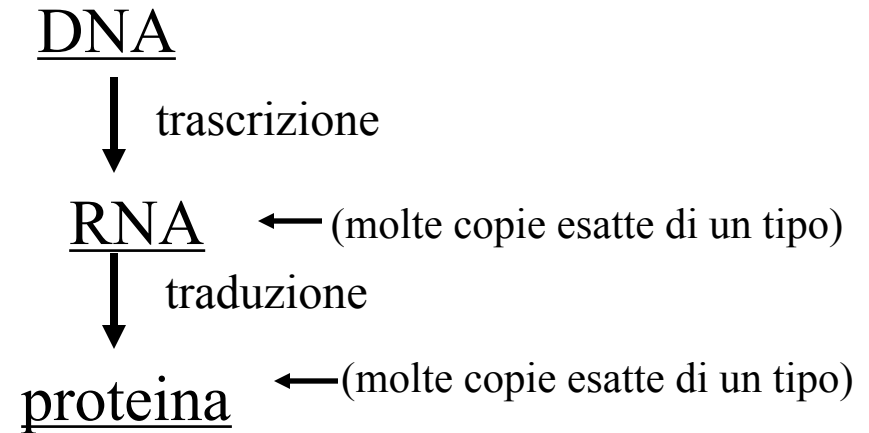


# Trascrizione e Traduzione

**Gene:** regione del DNA che controlla una discreta caratteristica ereditaria di un organismo, che corrisponde di solito a una singola proteina o a volte un RNA

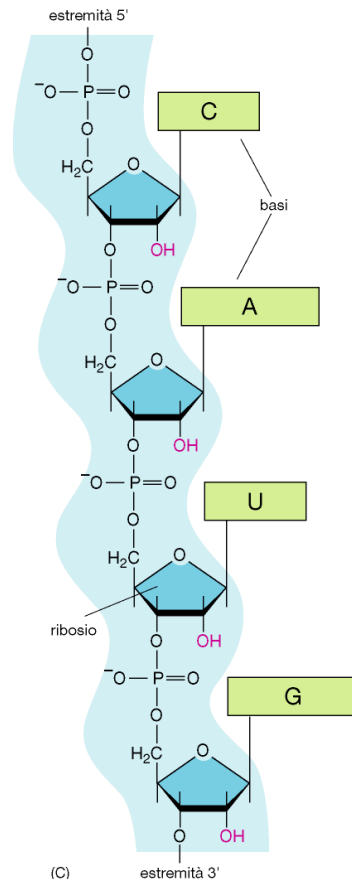
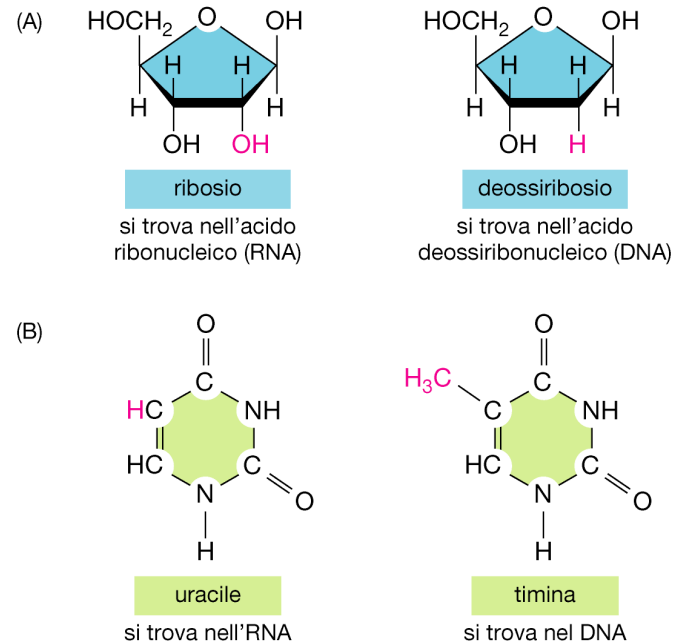


## In generale



# La trascrizione

chimicamente parlando RNA e DNA sono leggermente diversi

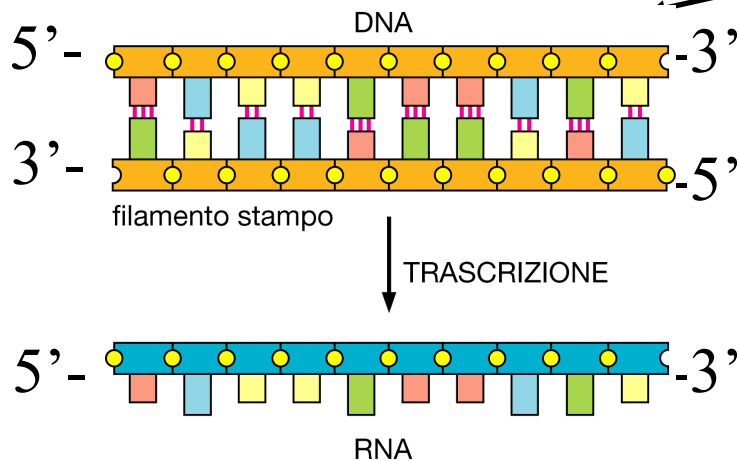


1) RNA contiene U, no T

2) RNA ha ribosio, no  
deossiribosio

3) RNA a singola elica;  
DNA è di solito a doppia elica

**LA TRASCRIZIONE** produce un RNA complementare ad un filamento di DNA che viene definito filamento codificante



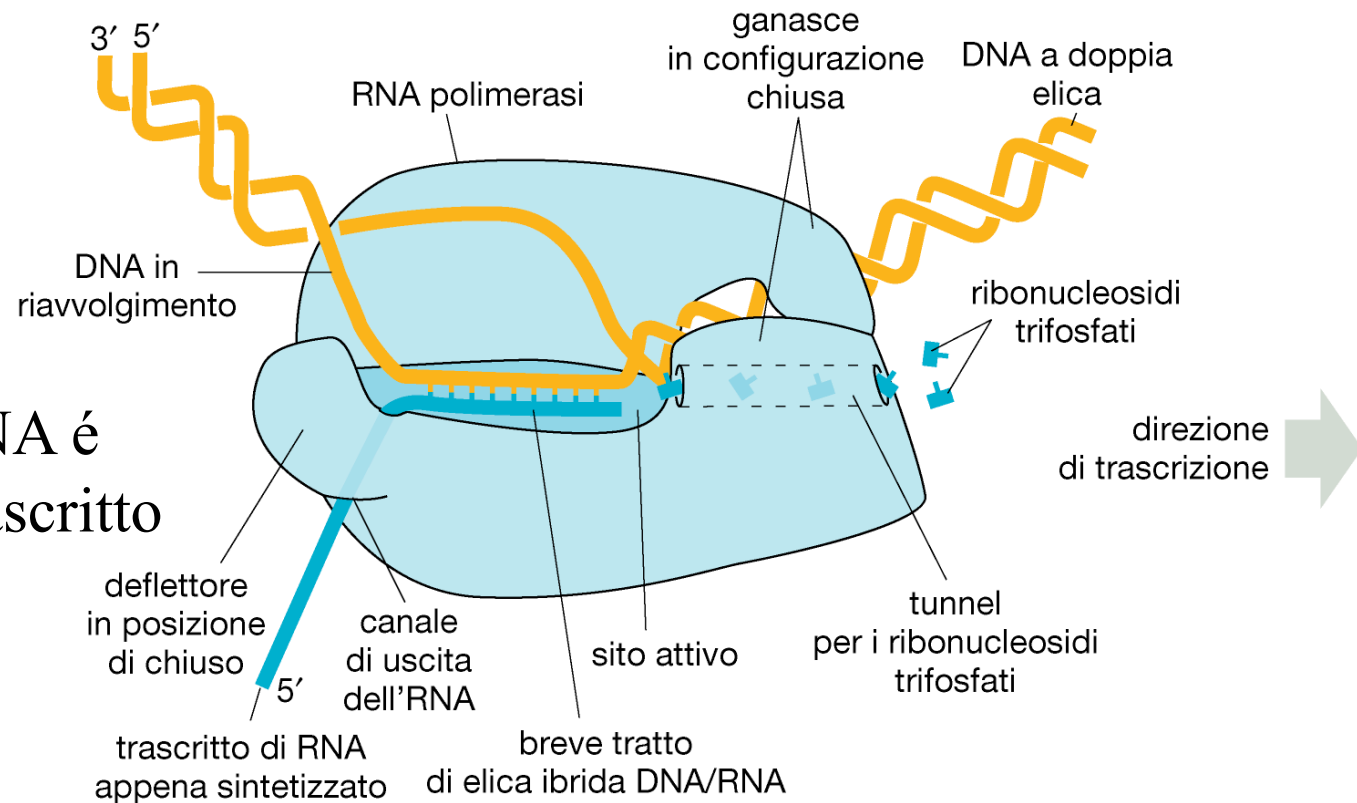
Questi due filamenti sono uguali, tranne che U sostituisce T

L'RNA è trascritto dall'enzima

RNA POLIMERASI

La sintesi avviene un  
nucleotide alla volta

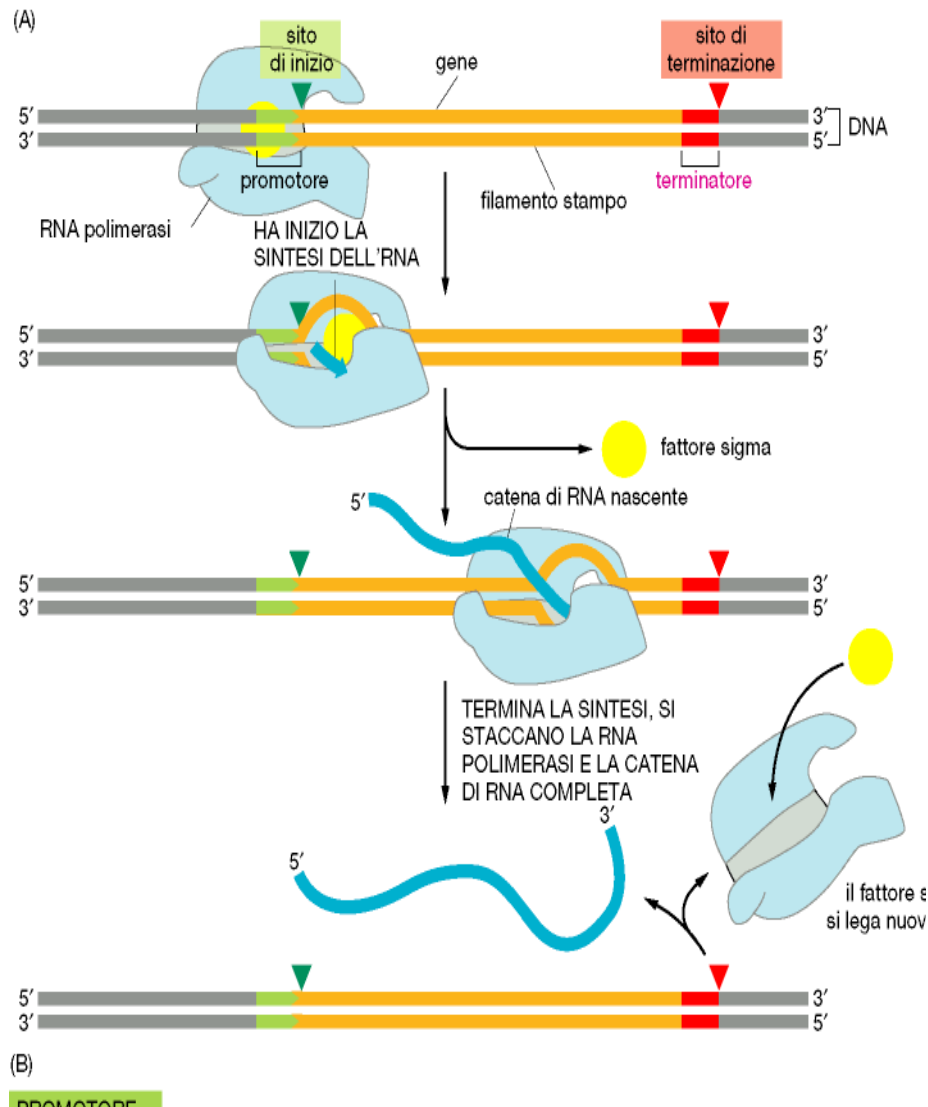
La molecola di RNA è  
anche chiamata trascritto



## 4 tipi principali di RNA

- 1) mRNA, messaggero -- specifica la sequenza di aminoacidi di una certa proteina (la maggior parte dei geni codifica per proteine)
- 2) rRNA, ribosomale-- forma il core del ribosoma (traduce l' mRNA in proteine)
- 3) tRNA, transfer-- adattatori che selezionano gli aminoacidi e li tengono al posto giusto nel ribosoma per essere incorporati nella proteina che viene sintetizzata
- 4) snRNA, piccolo RNA nucleare- usato nello splicing del pre-mRNA, nel trasporto di proteine nell'ER e altri processi cellulari

# 1. Segnali sul DNA dicono alla RNA polimerasi dove inizia e dove finisce il messaggio da copiare

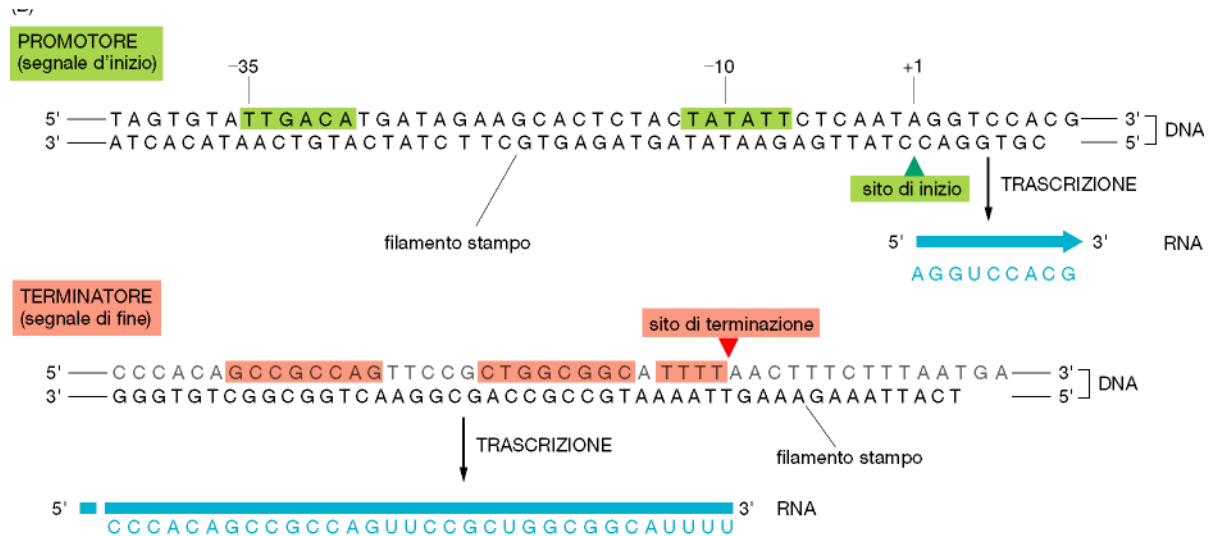


**promotore**: sequenza nucleotidica sul DNA a cui l'RNA polimerasi e altri fattori si legano per iniziare la trascrizione

**Fattori trascrizionali**: proteine che si legano al promotore e reclutano l'RNA polimerasi cosicché si leghi anch'essa

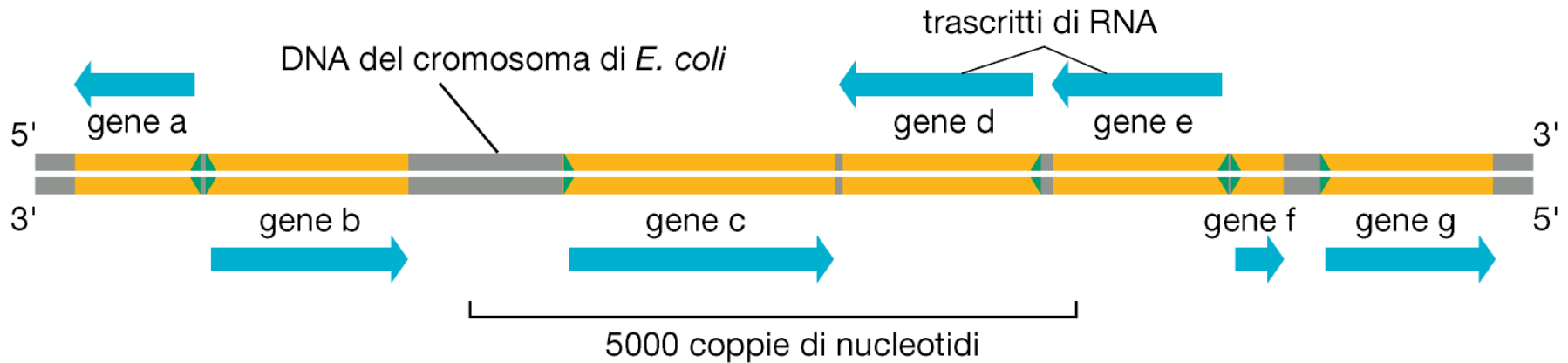
**terminatore**: sequenza nucleotidica sul DNA che dice all'RNA polimerasi di finire la trascrizione

## Promotore: ricco in sequenze TATA



## Terminatore: ricco in sequenza AAA

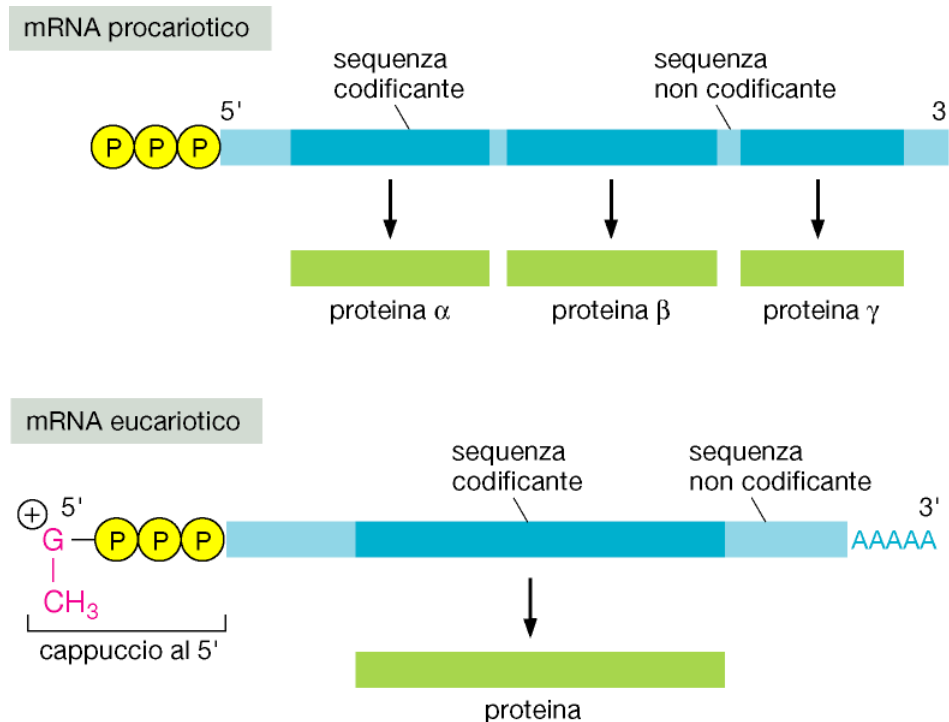
I geni possono trovarsi su uno o l'altro filamento di DNA



L'RNA finito esce dal nucleo (attraverso i pori nucleari) prima che la traduzione abbia luogo. Quello dei procarioti invece è già pronto (non c'è nucleo)

L'RNA degli eucarioti prima però subisce delle modificazioni:  
processamento

## Processamento dell' RNA



(A)

1) Aggiunta di un cappuccio di 7-metilguanosine all'estremità 5'

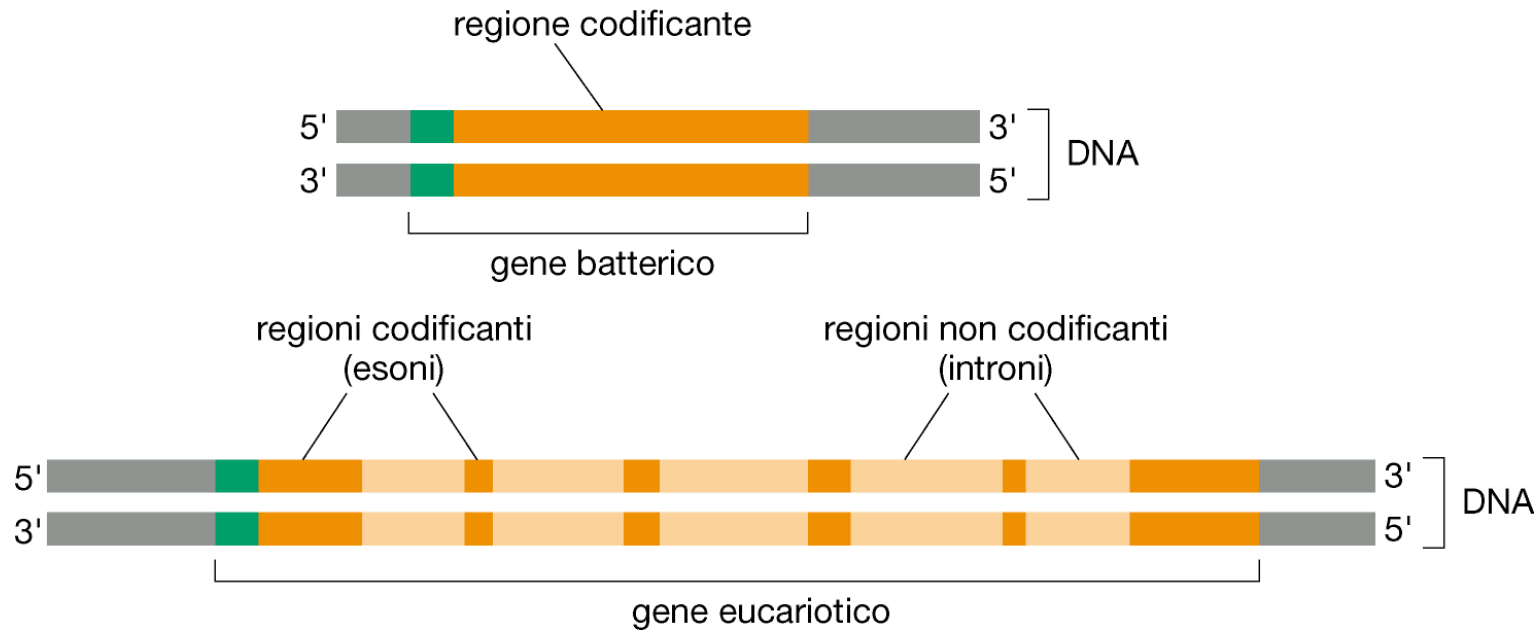
2) Aggiunta di una coda di A all'estremità 3'



Queste modificazioni stabilizzano l'RNA e aiutano il trasporto verso il citoplasma

3) splicing

I geni degli eucarioti possono essere interrotti da sequenze non codificanti: introni (i procarioti no)



**ESONE** : regione codificante di un gene eucariotico (porta l'informazione per la sequenza aminoacidica finale)

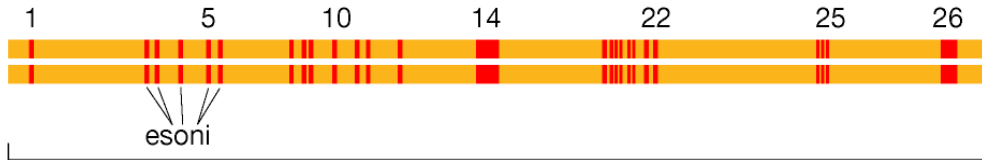
**INTRONE**: sequenza non codificante che si trova fra due esoni, non porta nessuna informazione proteica, gli introni possono essere lunghi da 80 a 10000 bp

gene per la globina  $\beta$  umana

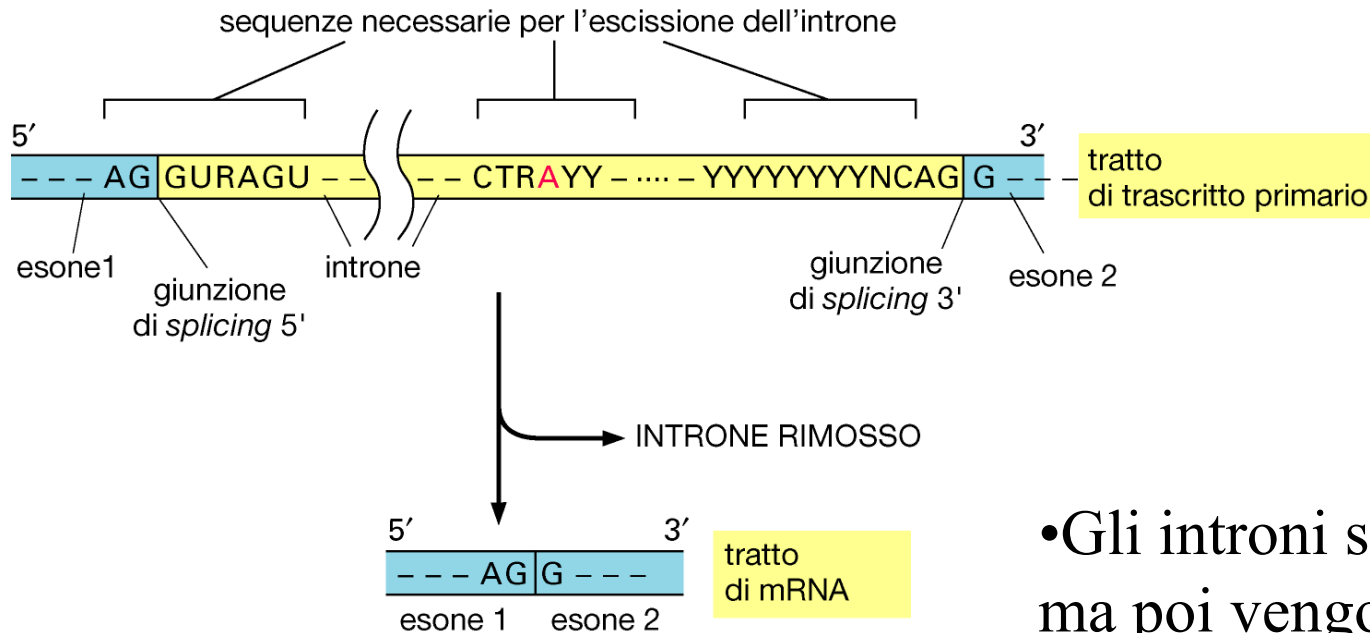


(A) 2000  
coppie di nucleotidi

gene per il Fattore VIII umano



(B) 200 000 coppie di nucleotidi

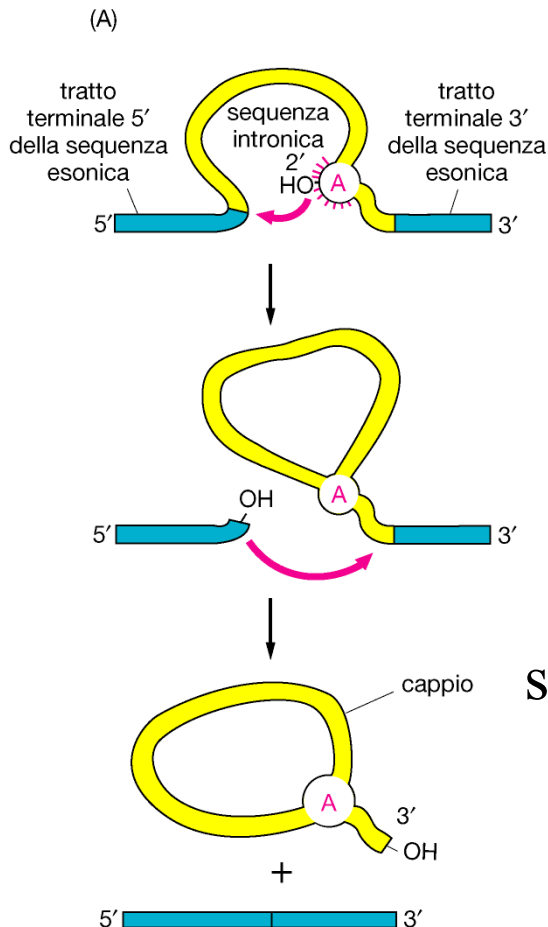


• Gli introni sono trascritti  
ma poi vengono rimossi  
dal meccanismo di splicing

SPLICING : processo mediante cui le sequenze introniche sono rimosse e gli esoni sono “ricuciti”insieme.

Gli introni contengono corte sequenze molto conservate che permettono la loro rimozione. Si trovano all’inizio e alla fine.

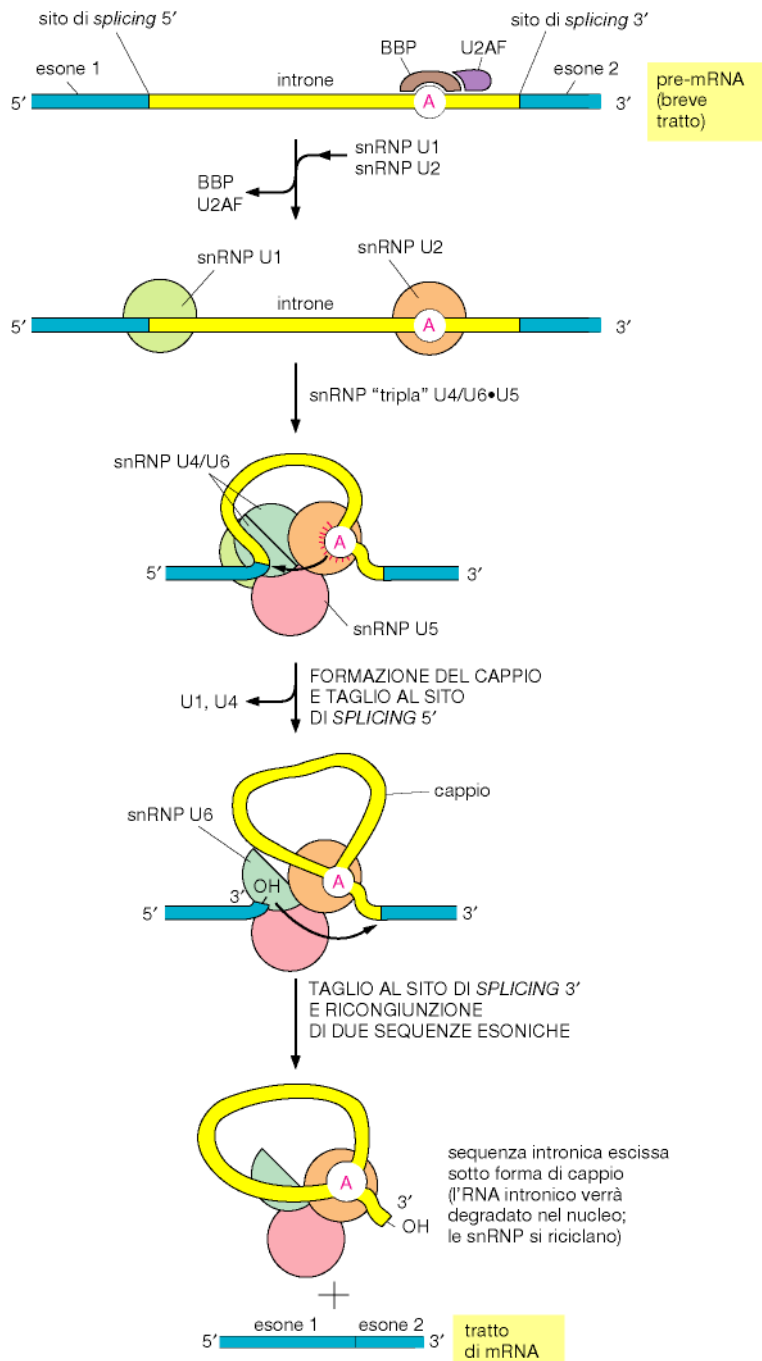
Si forma una struttura a cappio



Lo splicing è mediato da molecole di RNA e da proteine.

- Small nuclear RNA (snRNAs) si lega insieme a piccole proteine alle sequenze di splicing a formare un complesso di splicing

snRNP: small nuclear RibonucleoProtein complex



snRNPs si assemblano alla giunzione esone-introne  
snRNAs “riconoscono” le sequenze di splicing nell’introne (c’è complementarità di sequenza)

- si forma il cappio
- si taglia ai siti di splicing 3’ e 5’
- gli esoni si ricuciono

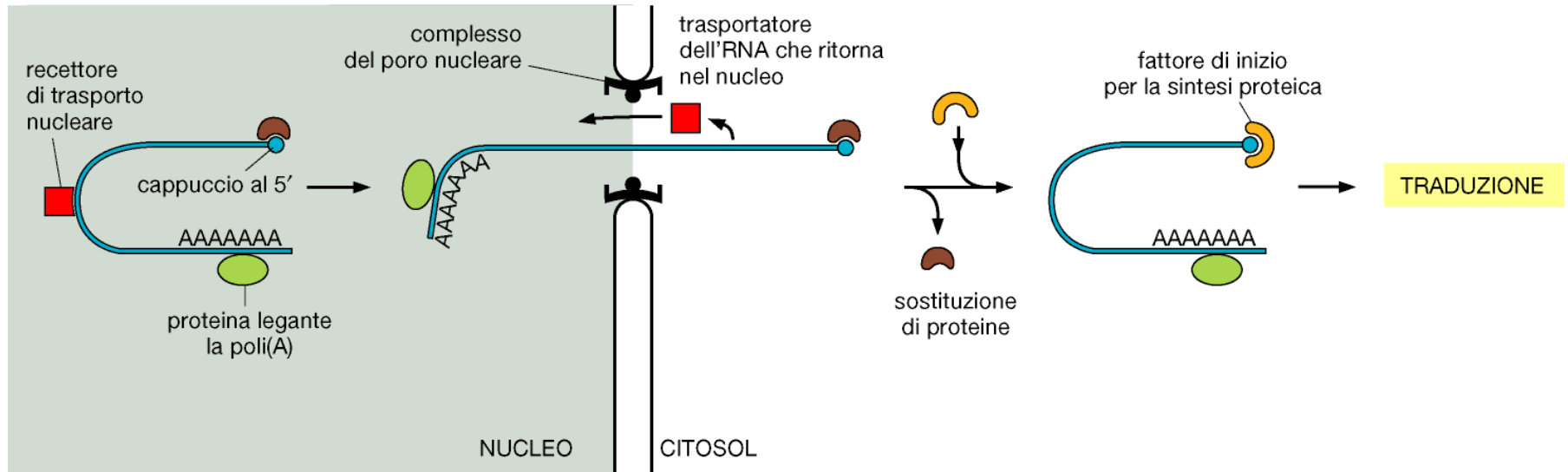
## Perche’ introni ed esoni?

1) Diversi geni evolvono dalla combinazione di diverse porzioni di genoma.

2) Permette l’avvenire dello **splicing alternativo**

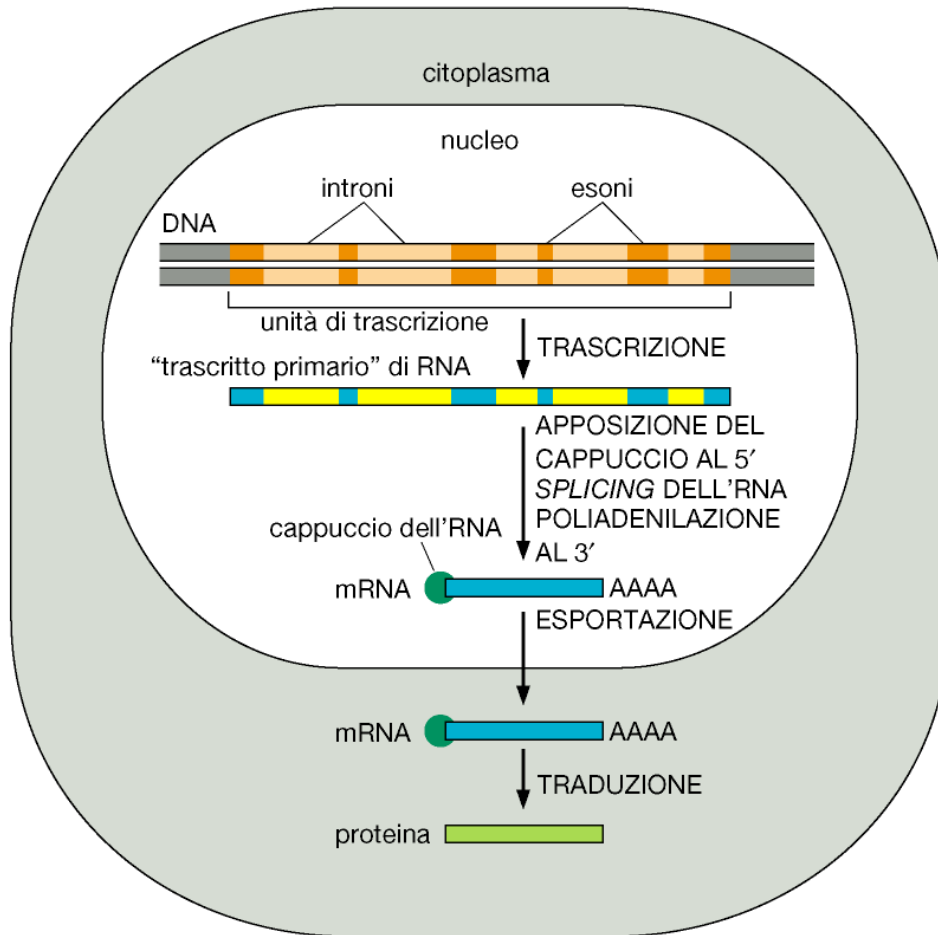
Non tutti gli mRNA maturano completamente → degradazione

Ci sono speciali RNA binding proteins che trasportano gli mRNA dal nucleo attraverso i pori nucleari

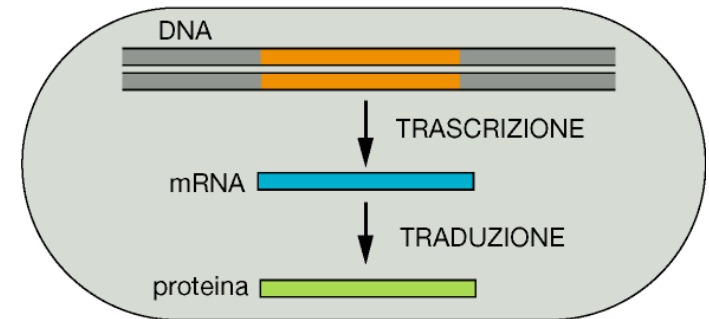


- Un singolo mRNA può essere tradotto più volte
- Segnali sull'mRNA mediano il legame a proteine trasportatrici e aiutano la stabilizzazione
- Un mRNA di batterio dura circa 3 min, quelli eucariotici di solito di più
- Ma alla fine sono tutti degradati dalle RNasi

(A) EUCARIOTI



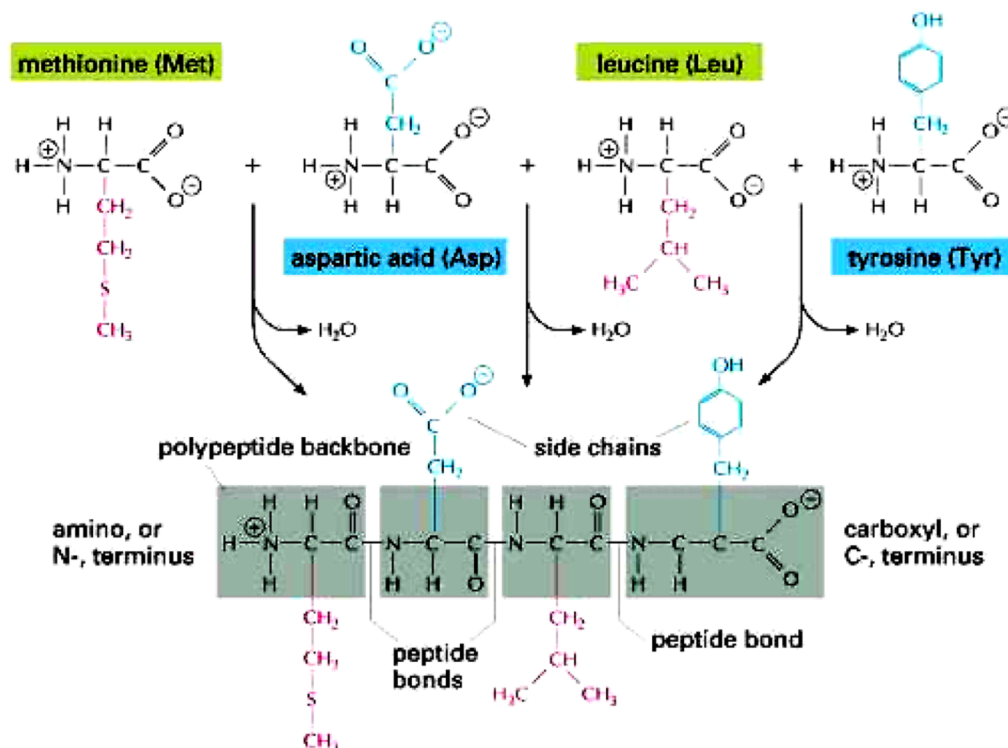
(B) PROCARIOTI



I procarioti non hanno  
Introni: processo più  
rapido  
Inoltre non avendo  
nucleo, la traduzione  
comincia subito dopo la  
trascrizione

# Aminoacidi e Proteine

- proteina: amino acidi legati tra loro mediante legami peptidici
- Ci sono 20 aminoacidi
- I geni determinano la sequenza aminoacidica delle proteine.
- La sequenza aminoacidica determina la struttura 3D della proteina (conformazione)
- A sua volta la struttura della proteina determina la sua funzione

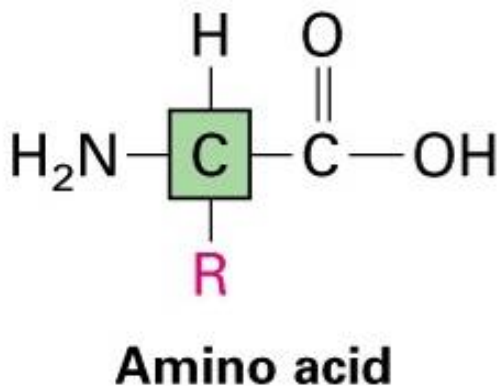


Gli aminoacidi sono classificati sulla base del loro gruppo Radicale (R), o catena laterale

acidi (2) < carichi, polari  
 basici (3)  
 Polari privi di carica (5)  
 Apolari (10)

- variano in:
- dimensione
- polarità
- Ph
- proprietà chimiche

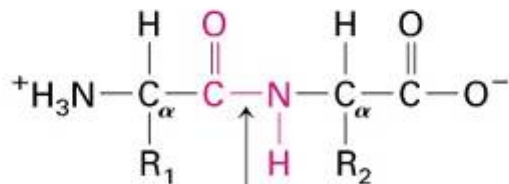
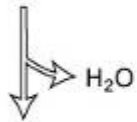
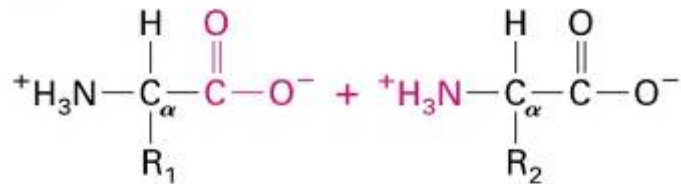
Gli aminoacidi hanno abbreviazioni a 3 o 1 lettera



| POLAR AMINO ACIDS |     |   |                 | NONPOLAR AMINO ACIDS |     |   |            |
|-------------------|-----|---|-----------------|----------------------|-----|---|------------|
| AMINO ACID        |     |   | SIDE CHAIN      | AMINO ACID           |     |   | SIDE CHAIN |
| Aspartic acid     | Asp | D | negative        | Alanine              | Ala | A | nonpolar   |
| Glutamic acid     | Glu | E | negative        | Glycine              | Gly | G | nonpolar   |
| Arginine          | Arg | R | positive        | Valine               | Val | V | nonpolar   |
| Lysine            | Lys | K | positive        | Leucine              | Leu | L | nonpolar   |
| Histidine         | His | H | positive        | Isoleucine           | Ile | I | nonpolar   |
| Asparagine        | Asn | N | uncharged polar | Proline              | Pro | P | nonpolar   |
| Glutamine         | Gln | Q | uncharged polar | Phenylalanine        | Phe | F | nonpolar   |
| Serine            | Ser | S | uncharged polar | Methionine           | Met | M | nonpolar   |
| Threonine         | Thr | T | uncharged polar | Tryptophan           | Trp | W | nonpolar   |
| Tyrosine          | Tyr | Y | uncharged polar | Cysteine             | Cys | C | nonpolar   |

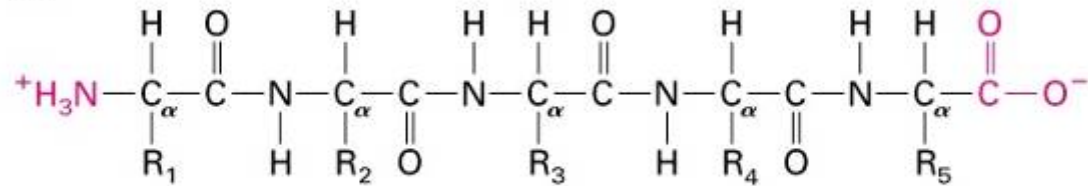
# Legame peptidico

(a)



Peptide  
bond

(b)



Amino end  
(N-terminus)

Carboxyl end  
(C-terminus)

# Come fa la sequenza lineare di nucleotidi ad essere tradotta in una proteina?

Ci sono solo 4 nucleotidi ma 20 aminoacidi, quindi il rapporto nucleotide-aa non è univoco

CODICE GENETICO: determina le regole mediante cui l'mRNA viene tradotto

- L'mRNA è decodificato in una serie di triplette di nucleotidi ed è letto in direzione 5'-->3'
- Ogni gruppo di tre nucleotidi consecutivi non sovrapposti si chiama CODONE, ogni CODON specifica un singolo aminoacido
- Ci sono  $4^3$ , cioè 64 possibili codoni, quindi un aminoacido può essere codificato da più di un codone. Ci sono anche 3 codoni detti di STOP, che non codificano per aa, ma dicono dove finisce la sequenza codificante
- Il codice genetico è quasi universale (solo i mitocondri differiscono leggermente)

# Il codice genetico

|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |      |
|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|------|
| GCA | AGA |     |     |     |     |     |     |     |     | UUA |     |     |     |     | AGC |     |     |     |     |      |
| GCC | AGG |     |     |     |     |     |     |     |     | UUG |     |     |     |     | AGU |     |     |     |     |      |
| GCG | CGA |     |     |     |     |     | GGA |     |     | CUA |     |     |     | CCA | UCA | ACA |     |     | GUA |      |
| GCU | CGC |     |     |     |     |     | GGC |     | AUA | CUC |     |     |     | CCC | UCC | ACC |     |     | GUC | UAA  |
|     | CGG | GAC | AAC | UGC | GAA | CAA | GGG | CAC | AUC | CUG | AAA |     | UUC | CCG | UCG | ACG |     |     | GUG |      |
|     | CGU | GAU | AAU | UGU | GAG | CAG | GGU | CAU | AUU | CUU | AAG | AUG | UUU | CCU | UCU | ACU | UGG | UAC | GUU | UAG  |
|     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     |     | UAU |     | UGA  |
| Ala | Arg | Asp | Asn | Cys | Glu | Gln | Gly | His | Ile | Leu | Lys | Met | Phe | Pro | Ser | Thr | Trp | Tyr | Val | stop |
| A   | R   | D   | N   | C   | E   | Q   | G   | H   | I   | L   | K   | M   | F   | P   | S   | T   | W   | Y   | V   |      |

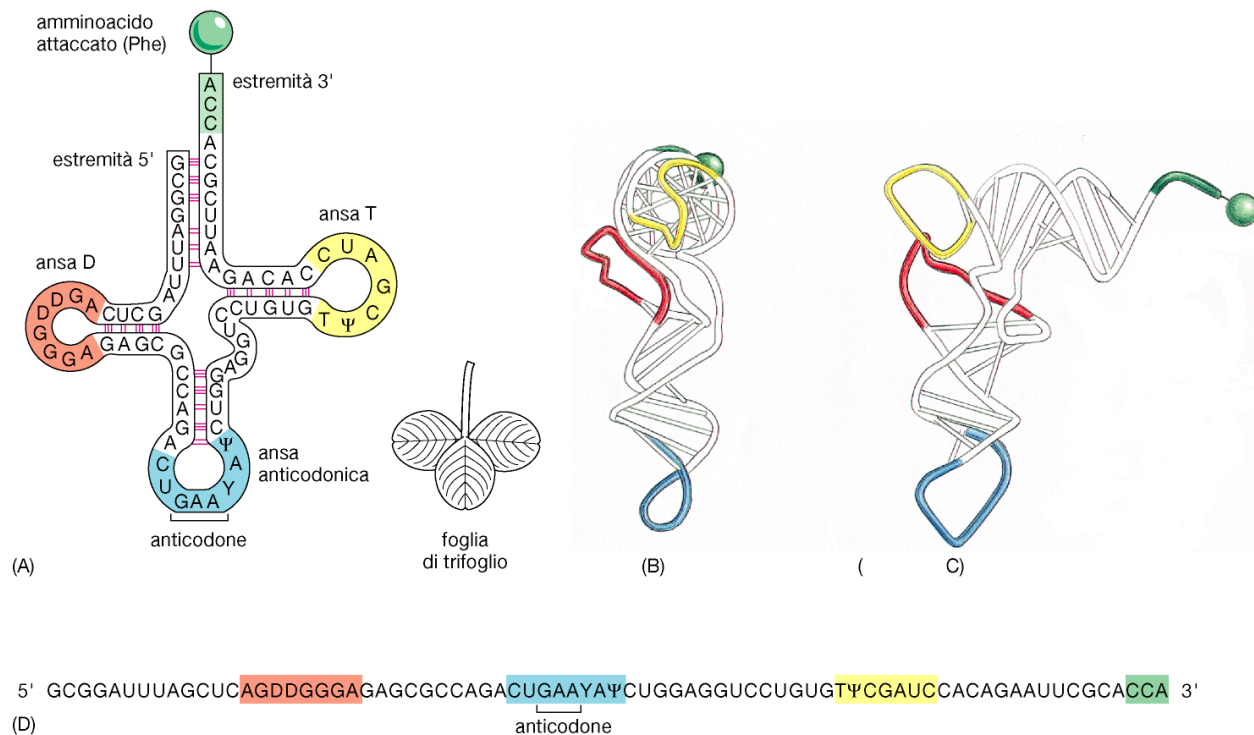
In principio l'RNA potrebbe essere tradotto in ciascun modulo di lettura

Solo uno di questi è però usato.



Come sono riconosciuti i codoni





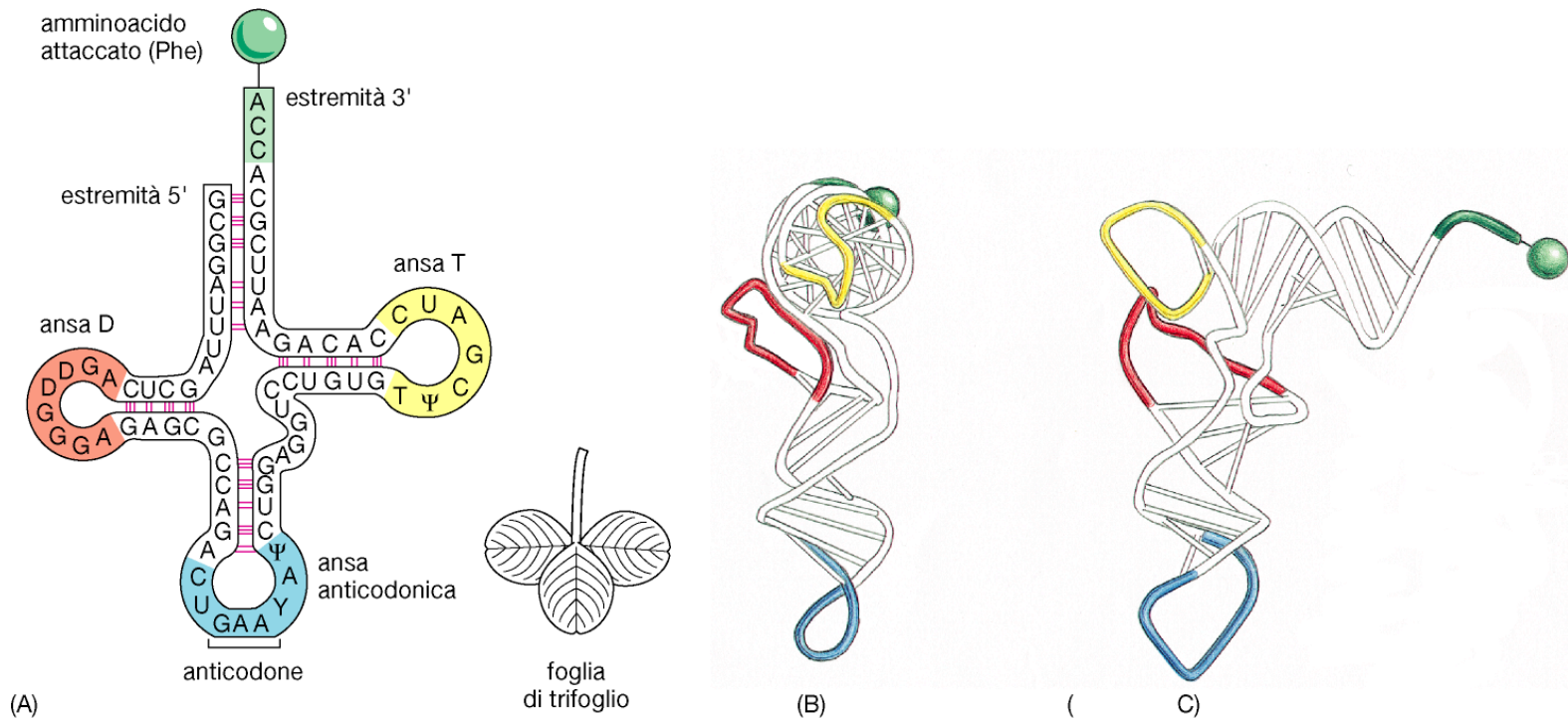
• Il tRNA (RNA transfer)  
combina gli aminoacidi con il  
codone corrispondente  
nell'mRNA

• tRNAs sono lunghi circa 80 nucleotidi

• Possono ripiegarsi in strutture 3D mediante appaiamenti interni di basi, sempre G-C e U-A

## Parti importanti del tRNA:

- 1) Tutti i tRNAs finiscono con una A all'estremità 3'. Qui è dove si attacca l'aminoacido (aa) corrispondente.
- 2) La parte centrale ANTICODONE riconosce il codone per appaiamento
- 3) L'ansa D : importante per il caricamento dell'aa



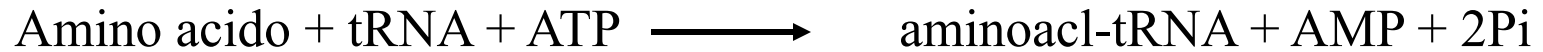
(D) 5' GCGGAUUUAGCUC **AGDDGGGA** GAGCGCCAGA **CUGAAYA** Ψ CUGGAGGUCCUGUG **TΨCGAUC** CACAGAAUUCGCACCA 3'

anticodone

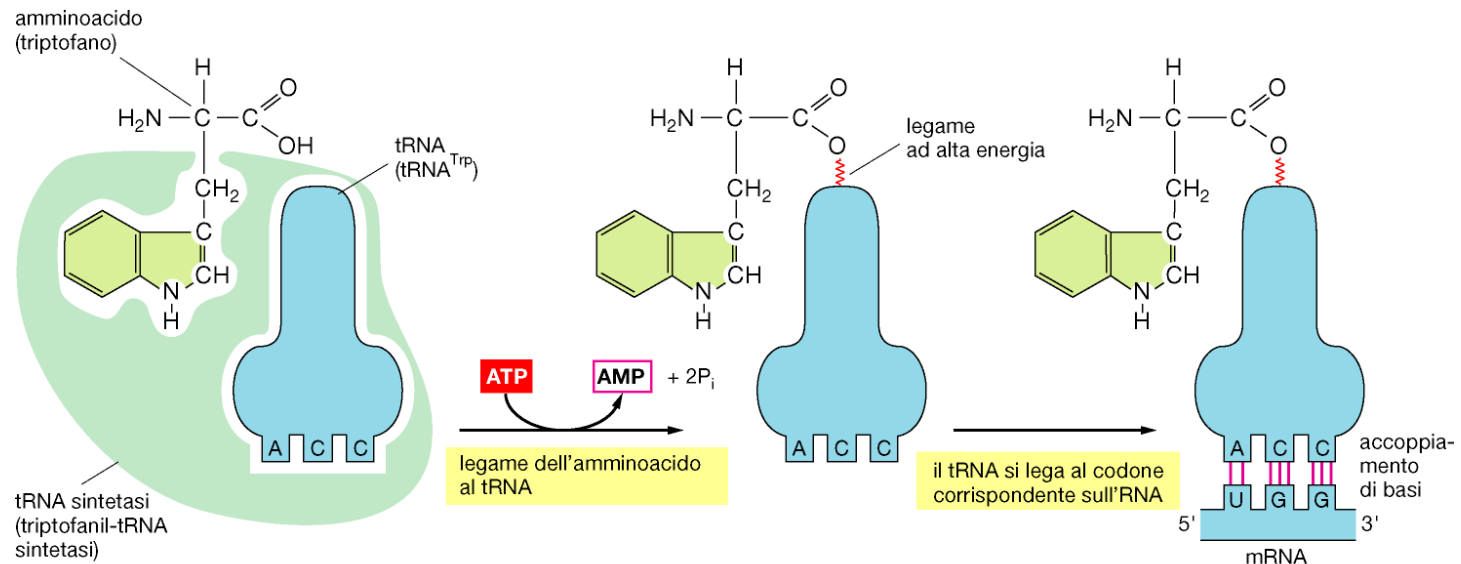
Gli aminoacidi sono attaccati al t-Rna dall'enzima **aminoacil-tRNA<sub>sintasi</sub>**

La reazione richiede energia (ATP)

Reazione chimica:



L'amino acido è legato mediante il suo gruppo COOH all'A al 3' terminale

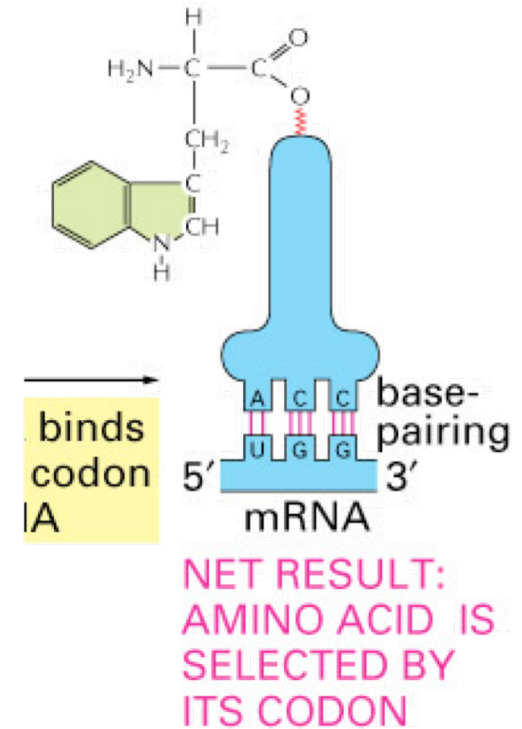


RISULTATO NETTO: IL CODONE SELEZIONA IL SUO AMMINOACIDO CORRISPONDENTE

# Interazioni Codone-anticodone

tRNA 3'... U A C...5' ← Anticodone  
 mRNA 5'... A U G...3' ← Codone

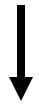
Il codice genetico é ridondante  
 (più di un codone per aa). Molti tRNAs  
 riconoscono 2 o 3 codoni



|                   |   | 2nd base in codon        |                          |                            |                           |                   |
|-------------------|---|--------------------------|--------------------------|----------------------------|---------------------------|-------------------|
|                   |   | U                        | C                        | A                          | G                         |                   |
| 1st base in codon | U | Phe<br>Phe<br>Leu<br>Leu | Ser<br>Ser<br>Ser<br>Ser | Tyr<br>Tyr<br>STOP<br>STOP | Cys<br>Cys<br>STOP<br>Trp | U<br>C<br>A<br>G  |
|                   | C | Leu<br>Leu<br>Leu<br>Leu | Pro<br>Pro<br>Pro<br>Pro | His<br>His<br>Gln<br>Gln   | Arg<br>Arg<br>Arg<br>Arg  | U<br>C<br>A<br>G  |
|                   | A | Ile<br>Ile<br>Ile<br>Met | Thr<br>Thr<br>Thr<br>Thr | Asn<br>Asn<br>Lys<br>Lys   | Ser<br>Ser<br>Arg<br>Arg  | U<br>C<br>A<br>G  |
|                   | G | Val<br>Val<br>Val<br>Val | Ala<br>Ala<br>Ala<br>Ala | Asp<br>Asp<br>Glu<br>Glu   | Gly<br>Gly<br>Gly<br>Gly  | U<br>C<br>A<br>G  |
|                   |   |                          |                          |                            |                           | 3rd base in codon |

I codoni per l' alanina sono GCU, GCC and GCA

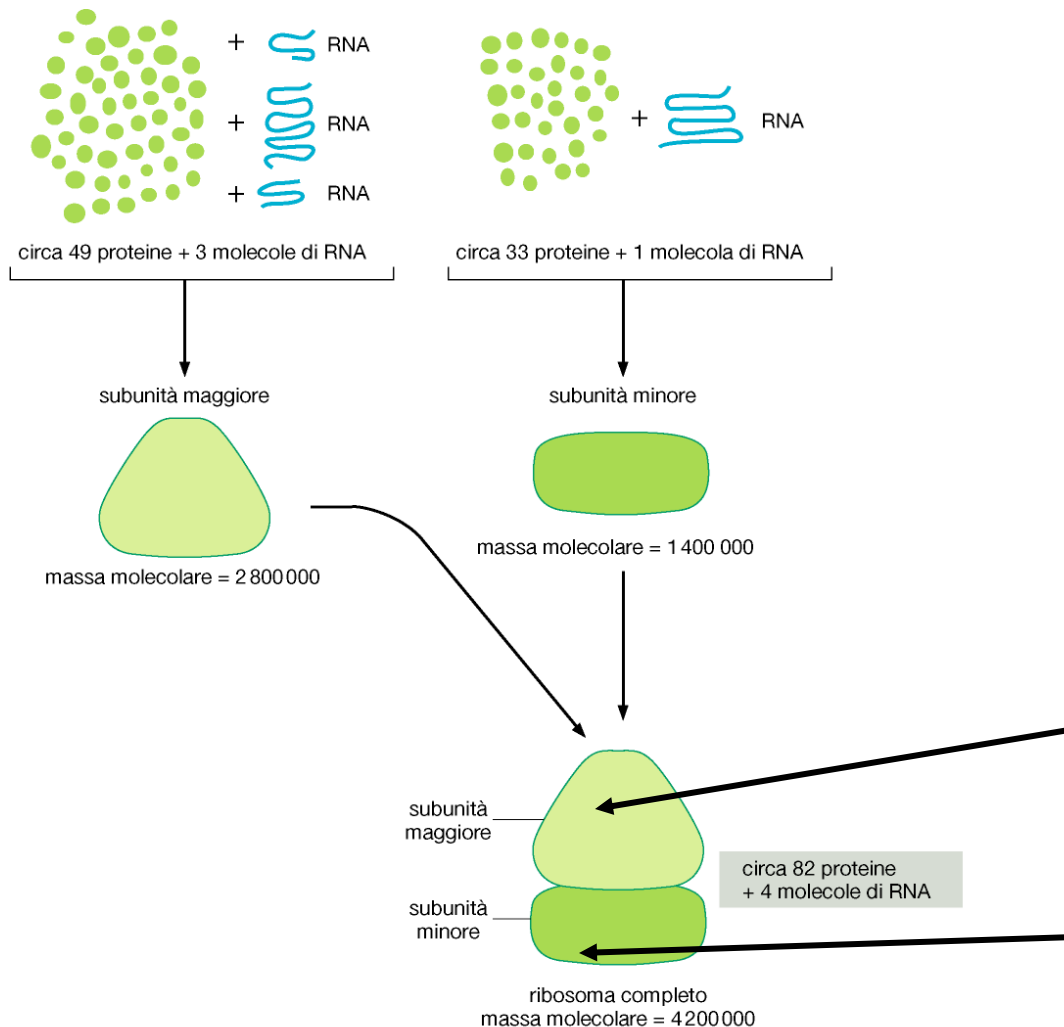
- Ogni codone differisce per la base in terza posizione



# I ribosomi sono il sito della sintesi proteica

Contengono più di 50 proteine e RNA ribosomale (rRNA)

Una tipica cellula contiene milioni di ribosomi (assemblati nel nucleolo)

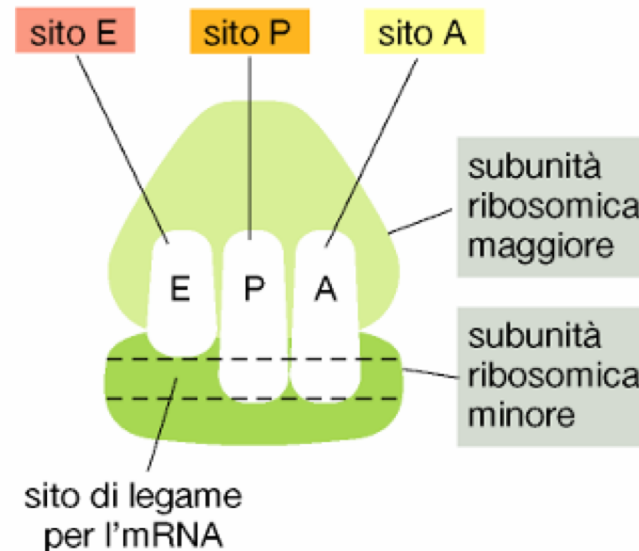


Catalizza la formazione del legame peptidico

Sito di legame per mRNA; appaia codone-anticodone

# I ribosomi hanno 3 siti di legame per il tRNA

- 1) **A-site** (**A**mino-acyl tRNA): dove il tRNA prima si lega al ribosoma mediante appaiamento codone-anticodone
- 2) **P-site** (**P**eptidyl-tRNA): sito in cui il tRNA e il peptide in crescita scivolano dopo che il legame peptidico si forma in A
- 3) tRNA **E**sce al sito E



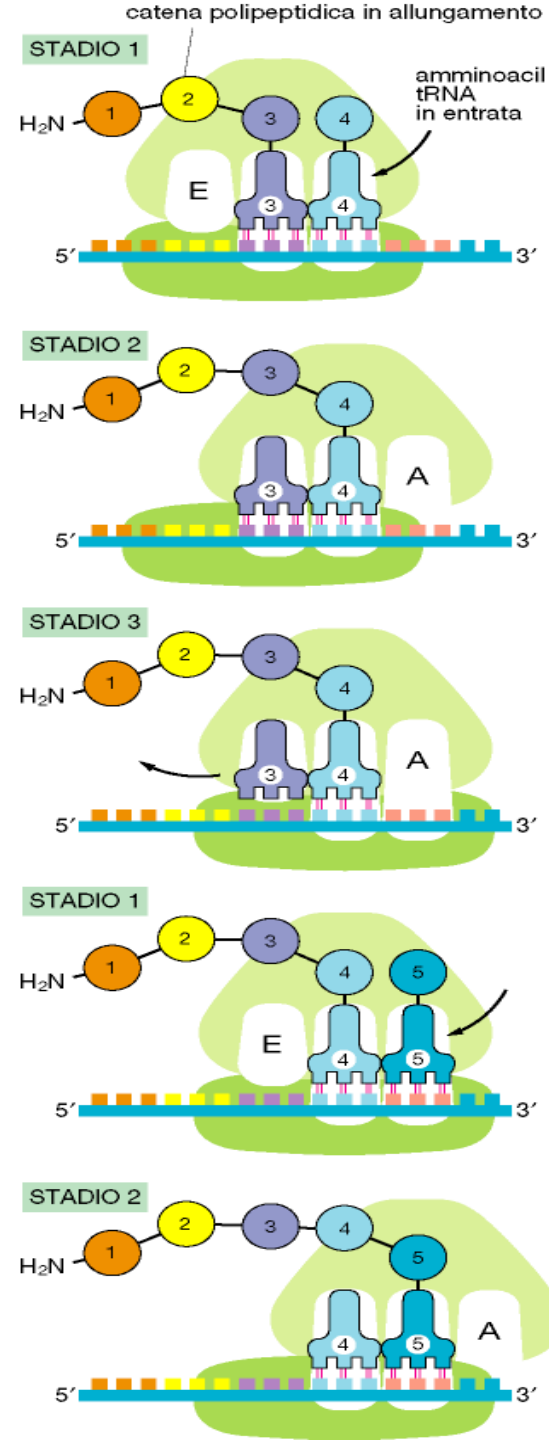
# Passaggi della sintesi proteica

1) aa-tRNA si lega al sito A libero

2) Si forma il legame con l'aa precedente

3) Il tRNA e l'mRNA si spostano (di tre nt), il vecchio tRNA esce

4) Il processo si ripete...

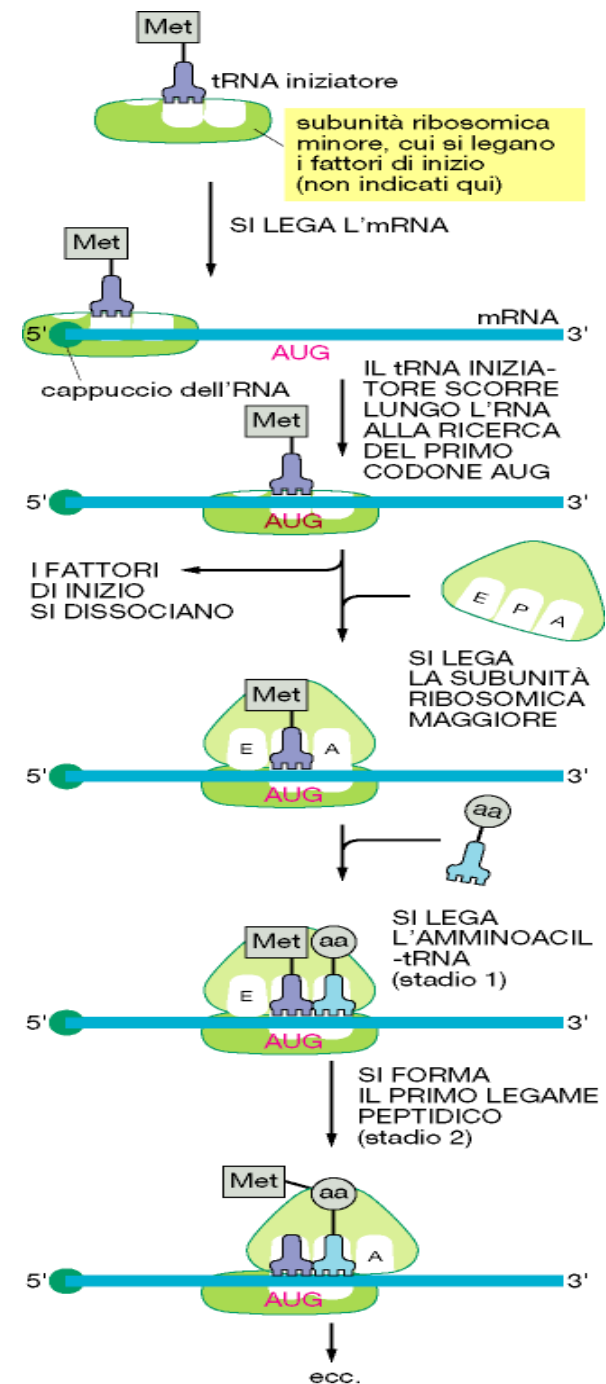


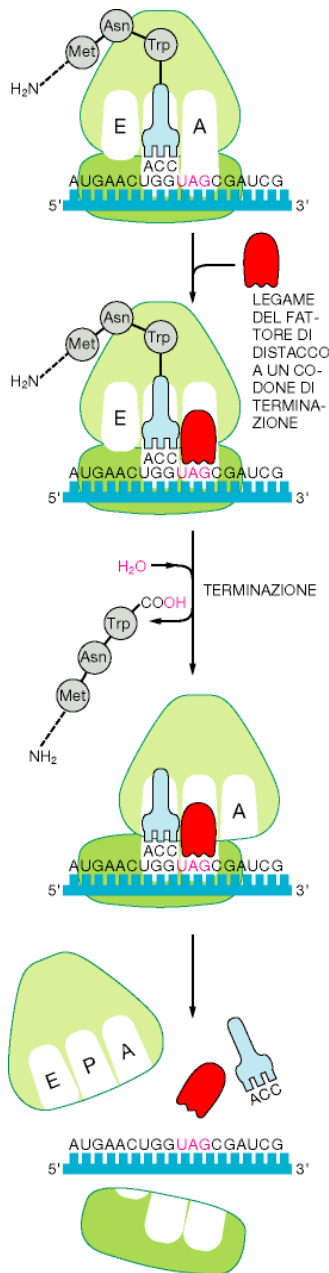
Questo vale per un polipeptide già cominciato

**Come si parte?**

Il tRNA iniziatore trasporta sempre una metionina, e scandaglia l'RNA per trovare il primo codone di inizio ATG -

Il tRNA iniziatore si posiziona direttamente nel sito P



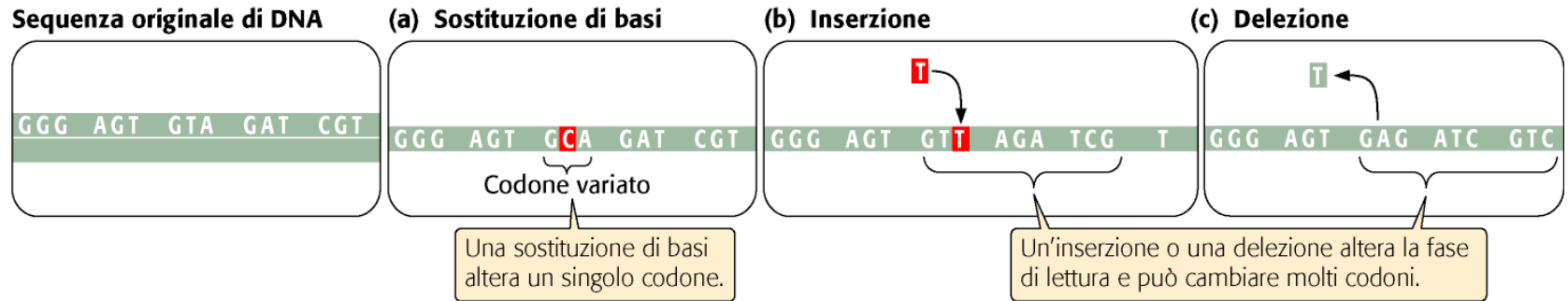


I codoni di stop dicono  
al ribosoma quando  
terminare la sintesi  
proteica

UAG, UAA, UGA -->  
non codificano per aa

Quando i codoni di stop  
arrivano al sito A, la  
sintesi termina e i  
ribosomi di disassemblano

# MUTAZIONI



Mutazioni nelle regioni codificanti del DNA possono riflettersi sulla struttura e funzione proteina

**Mutazioni silenti-** la mutazione non cambia l'aminoacido

es. GCA-->GCC

Ala --> Ala

Cambia la sequenza nucleotidica ma non quella aminoacidica

DNA  
TCA  
AGT

**Assenza di mutazioni**

DNA  
TCA  
AGT

mRNA  
UCA

Proteina  
Ser

È prodotta una proteina di tipo selvatico.

**(a) Mutazione missenso**

DNA  
TTA  
AAT

mRNA  
UUA

Leu

Il nuovo codone specifica un amminoacido differente: vi è un cambiamento nella sequenza amminoacidica.

**(b) Mutazione nonsense**

DNA  
TAA  
ATT

mRNA  
UAA

Codone di stop

Il nuovo codone è un codone di interruzione; si verifica una terminazione prematura della traduzione.

**(c) Mutazione silente**

DNA  
TCG  
AGC

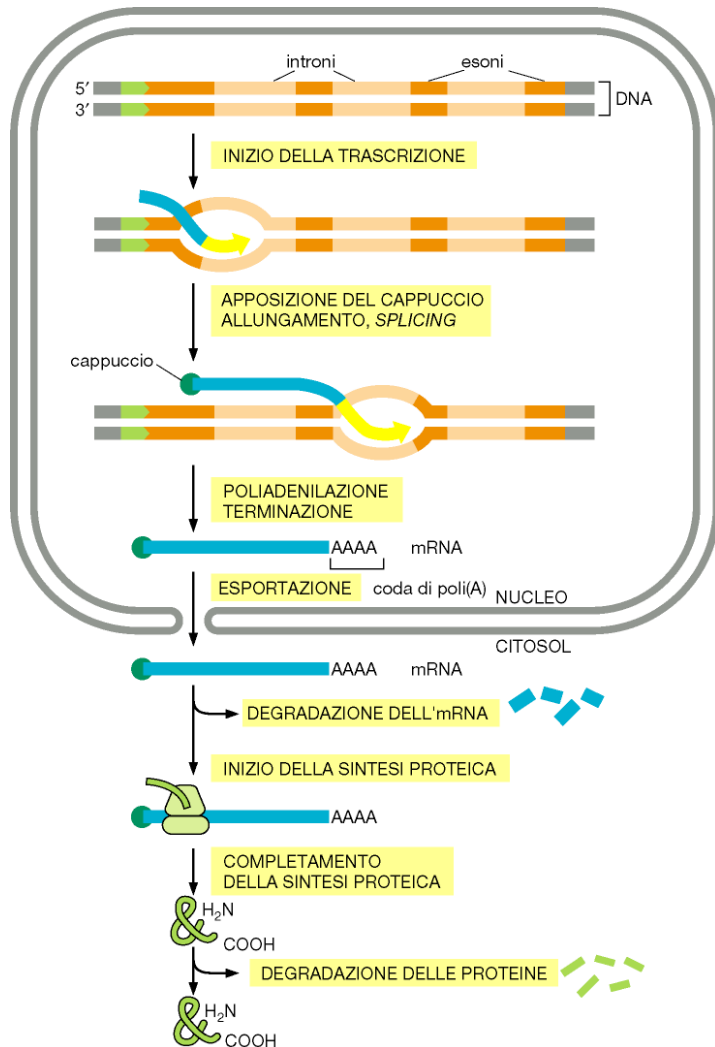
mRNA  
UCG

Ser

Il nuovo codone codifica lo stesso amminoacido: non vi è alterazione nella sequenza amminoacidica.

# La produzione di proteine: molti passaggi

Ogni passaggio é controllato



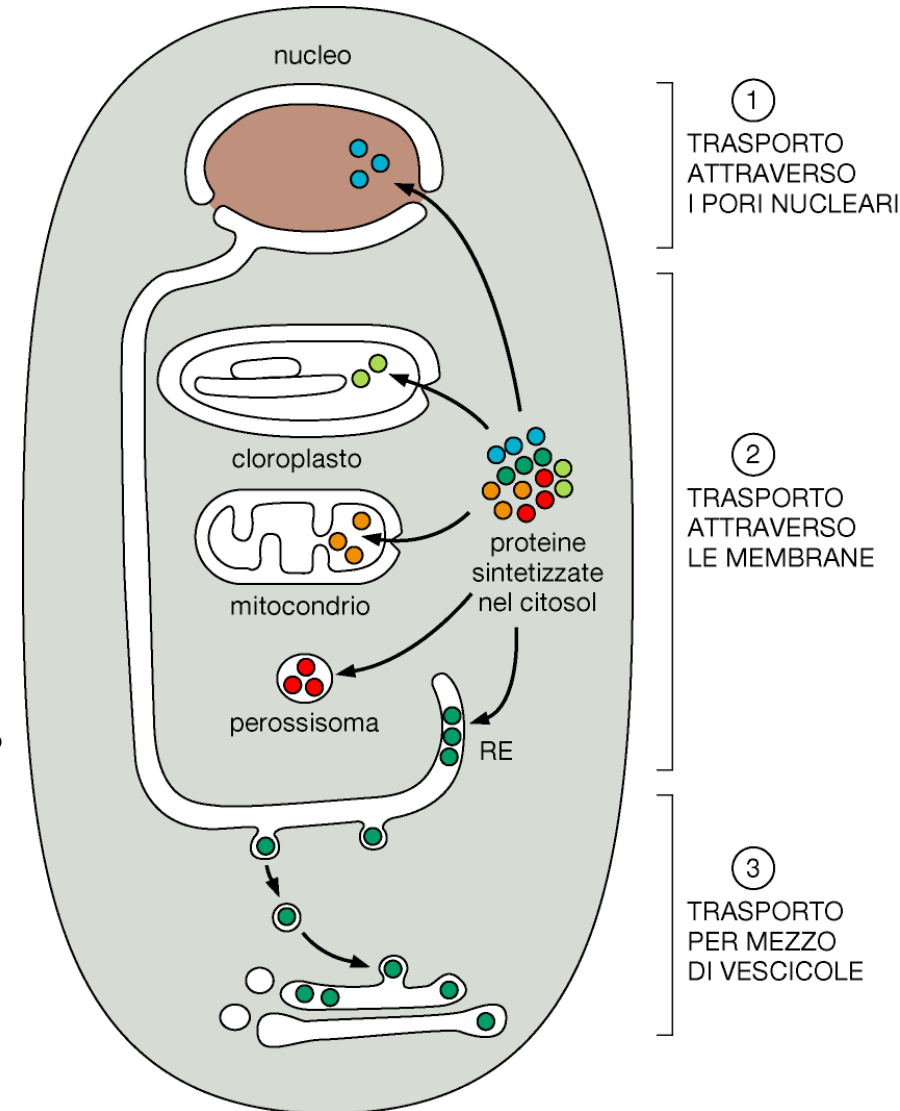
- 1) Controllo della trascrizione  
(quando e quale RNA trascrivere)  
(e.g. quando e quale RNA trascrivere)
- 2) Controllo del processamento dell'RNA (es. quando degradare l'RNA)
- 3) Controllo della traduzione
- 4) Controllo della degradazione proteica

# Lo smistamento delle proteine

Come fanno le proteine neosintetizzate a raggiungere la loro localizzazione nella membrana o nei vari organelli

## *3 modi principali*

- 1) Le proteine sintetizzate nel citoplasma entrano nel nucleo attraverso i pori nucleari (molto selettivo)
- 2) Le proteine sono trasportate attraverso le membrane mediante proteine trasportatrici (per cloroplasti, mitocondri, perossisomi, e ER)
- 3) Le proteine traslocate nell'ER sono ridistribuite in altri organelli mediante vescicole



# Che segnali dirigono le proteine nei vari organelli?

Le proteine contengono sequenze segnale: sequenze di aa specifici

Se si scambiano i segnali di localizzazione tra due proteine, queste vanno negli organelli sbagliati

