

Il codice genetico

Gli amminoacidi sono codificati da gruppi di 3 basi

3 nucleotidi codificano un amminoacido

Alfabeto di **4 base** per codificare per **20 amminoacidi**

Sono necessarie almeno **3 basi** per codificare i 20 **amminoacidi**

Le **3 basi** che codificano per un amminoacido costituiscono un **codone**

Il codice genetico non è sovrapposto

Il codice non ha punteggiatura

Il codice genetico è degenerato

Esistono **64 (4³)** possibili **triplette**, **61** codificano per **amminoacidi** e **3** sono **codoni di stop**

2° BASE

Codice Genetico

1° BASE

	U			C			A			G	
U	UUU	F		UCU	S		UAU	Y		UGU	C
	<u>UUC</u>	<u>F</u>		UCC	S		<u>UAC</u>	<u>Y</u>		<u>UGC</u>	<u>C</u>
	UUA	L		UCA	S		UAA	*		<u>UGA</u>	*
	UUG	L		UCG	S		UAG	*		UGG	W
C											
	CUU	L		CCU	P		CAU	H		CGU	R
	CUC	L		CCC	P		<u>CAC</u>	<u>H</u>		CGC	R
	CUA	L		CCA	P		CAA	Q		CGA	R
	CUG	L		CCG	P		CAG	Q		CGG	R
A											
	AUU	I		ACU	T		AAU	N		AGU	S
	AUC	I		ACC	T		<u>AAC</u>	<u>N</u>		<u>AGC</u>	<u>S</u>
	<u>AUA</u>	<u>I</u>		ACA	T		AAA	K		AGA	R
	AUG	M		ACG	T		AAG	K		AGG	R
G											
	GUU	V		GCU	A		GAU	D		GGU	G
	GUC	V		GCC	A		<u>GAC</u>	<u>D</u>		GGC	G
	GUA	V		GCA	A		GAA	E		GGA	G
	GUG	V		GCG	A		GAG	E		GGG	G

successione di 3 basi
= 1 aa

3° BASE

Degenerato:

diverse triplette per
ogni amminoacido
codoni sinonimi

Il **numero di codoni** è
collegato alla **frequenza**
di ogni amminoacido

* = STOP

AUG = M = START

Il codice genetico è praticamente universale

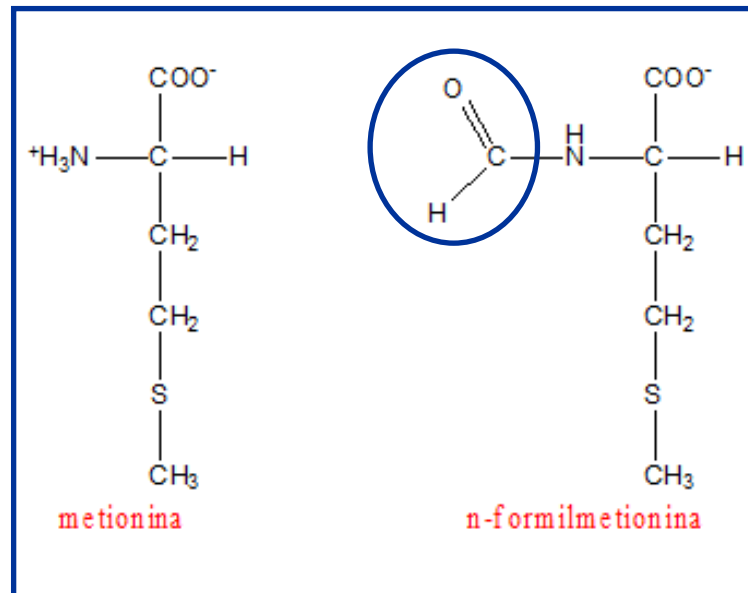
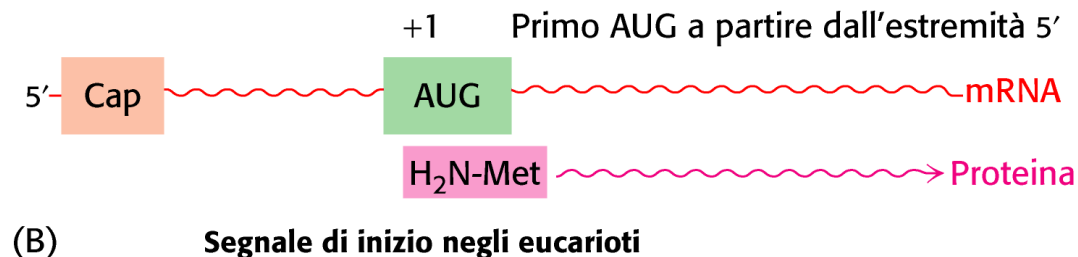
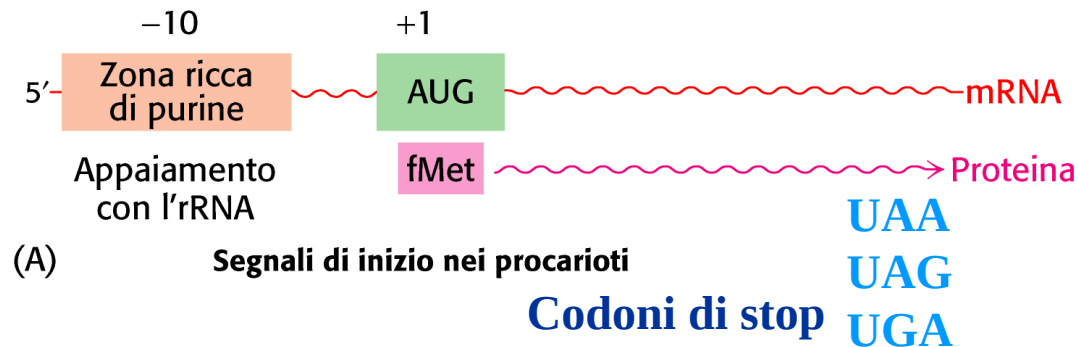
mRNA contiene segnali di inizio e di stop della traduzione

Procarioti: il segnale di inizio della traduzione è la tripletta **AUG** più vicina alla **Shine-Dalgarno** definita anche **ribosome binding site (RBS)** perché rappresenta il sito di legame dell'mRNA al ribosoma (*terminale 3' dell'rRNA 16S della subunità ribosomale minore 30S*)

Eucarioti: il segnale di inizio della traduzione è la tripletta **AUG** più vicina alla **estremità 5'**

Shine-Dalgarno

sequenza **AGGAGG**, sita fra i 3 e i 10 nucleotidi a monte del **codone** di inizio della traduzione



DNA

filamento senso

5' ..**ATG**TTTACTGATGGTGGTAAA.....AAACAT**TGA**..3'
3' ..TACAAATGACTACCACCATT.....TTTGTAAC..5'
filamento antisense

DNA

5' ..**ATG**TTTACTGATGGTGGTAAA.....AAACAT**TGA**..3'

RNA

5' ..**AUG**UUUACUGAUGGUGGUAAA.....AAACAU**UGA**..3'

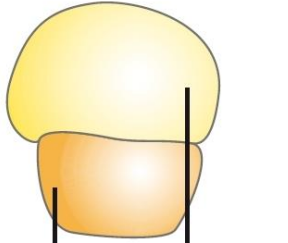
Nter M F T D G G K..... K H *Cter*
proteina

La sintesi proteica

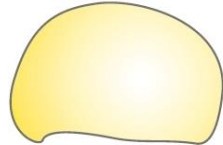
Ribosoma batterico

70S

$M_r 2,7 \times 10^6$



50S



$M_r 1,8 \times 10^6$

rRNA 5S
(120 nucleotidi)
rRNA 23S
(3200 nucleotidi)
36 proteine



30S

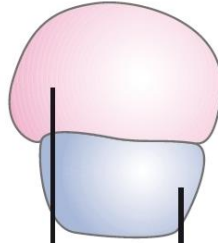
$M_r 0,9 \times 10^6$

rRNA 16S
(1540 nucleotidi)
21 proteine

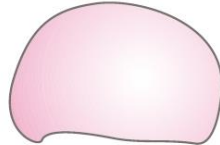
Ribosoma eucariotico

80S

$M_r 4,2 \times 10^6$



60S



$M_r 2,8 \times 10^6$

rRNA 5S
(120 nucleotidi)
rRNA 28S
(4700 nucleotidi)
rRNA 5,8S
(160 nucleotidi)
47 proteine



40S

$M_r 1,4 \times 10^6$

rRNA 18S
(1900 nucleotidi)
33 proteine

**La sintesi proteica
avviene sui
RIBOSOMI**

Complessi rRNA-Proteine

Sono costituiti da
2 subunità

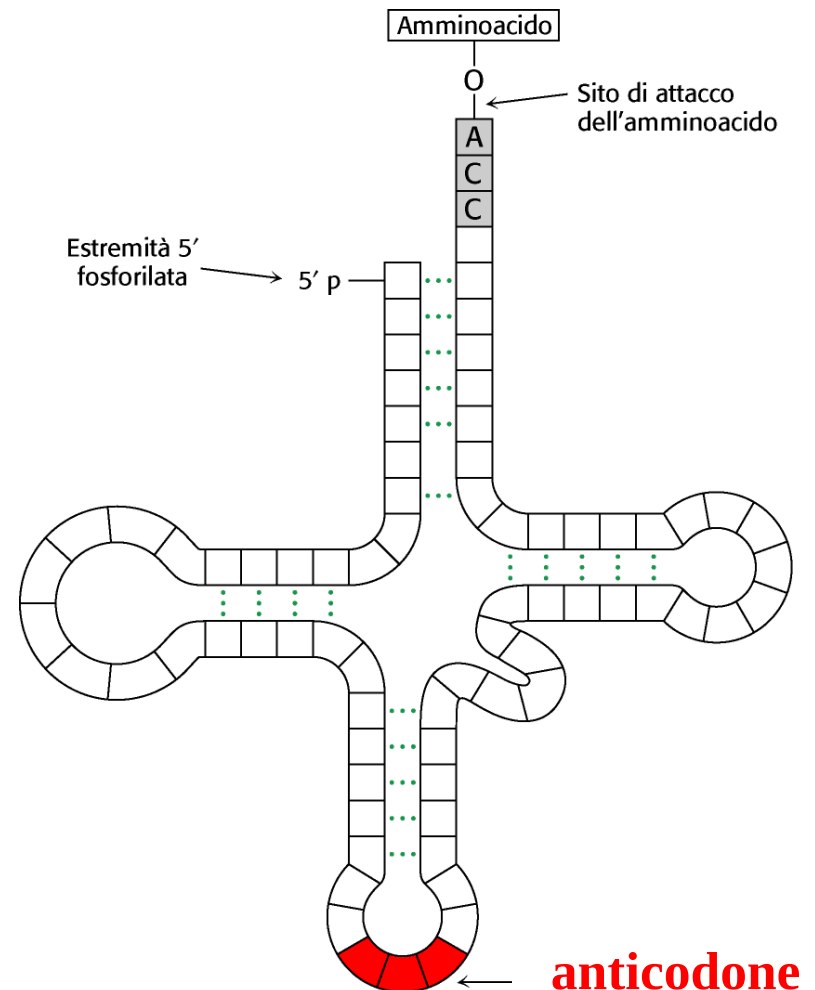
Gli *tRNA* fungono da molecole adattatrici nella sintesi proteica

Un **messaggio in acidi nucleici** deve essere tradotto in una proteina fatta di **amminoacidi**

I ***tRNA*** contengono un sito di **legame per l'amminoacido** ed un **sito di riconoscimento** per lo stampo di ***mRNA***

Ogni molecola di ***tRNA*** **trasporta un amminoacido specifico** in forma attivata sul sito della biosintesi proteica (**RIBOSOMI**)

Il sito di riconoscimento dello stampo sul *tRNA* è una sequenza di **3 basi** e si chiama **anticodone**



Caratteristiche strutturali del tRNA

I tRNA sono lunghi da **73** a **93** nucleotidi

I residui in **rosa** sono comuni a tutti i tRNA

Sono presenti **nucleotidi inusuali**

Ansa D

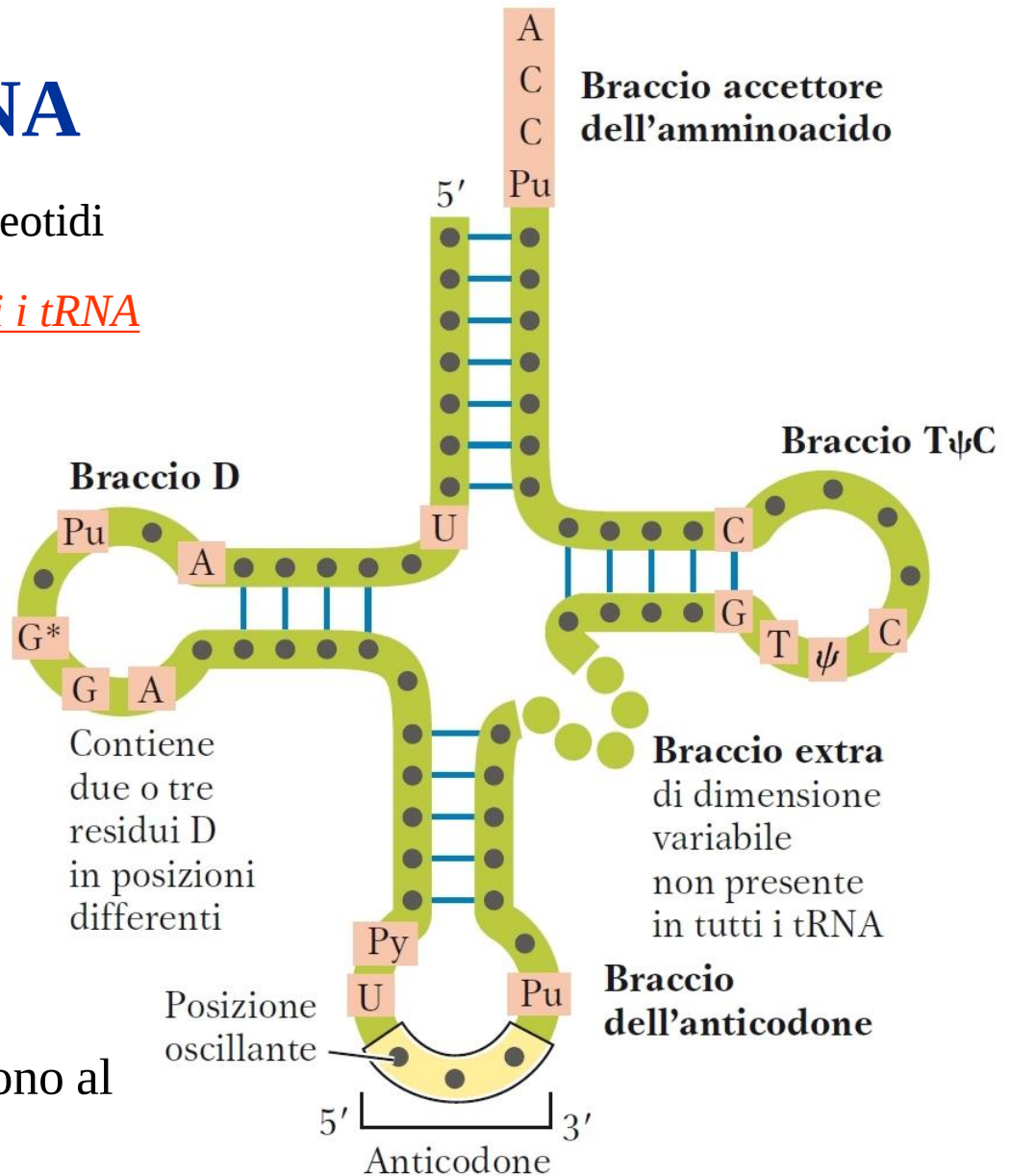
D: diidrouridina

Ansa T ψ C

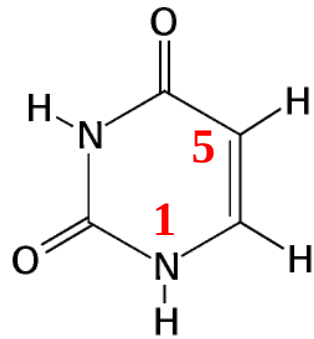
T: ribotimidina

ψ : pseudouridina

Le anse **D** e **T ψ C** contribuiscono al ripiegamento del tRNA



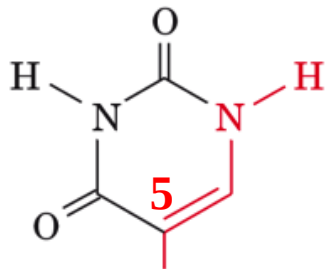
Nucleotidi inusuali



un legame
 β -N-glicosidico

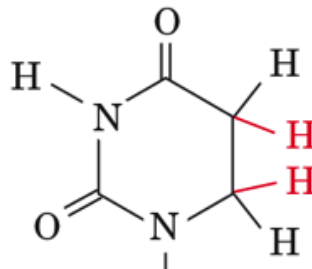
Uracile

Derivati dell'uracile



Ribosio

legame C-glicosidico con C5



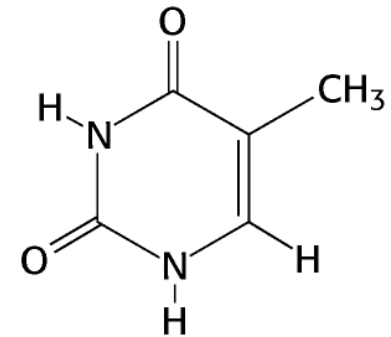
Ribosio

ψ : pseudouridina

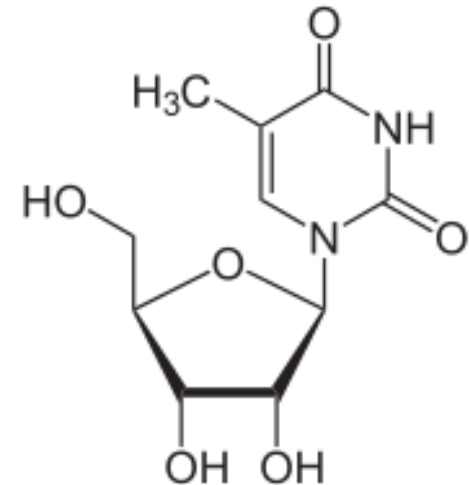
Diverso punto di
attacco del ribosio

D: diidrouridina

Non planare

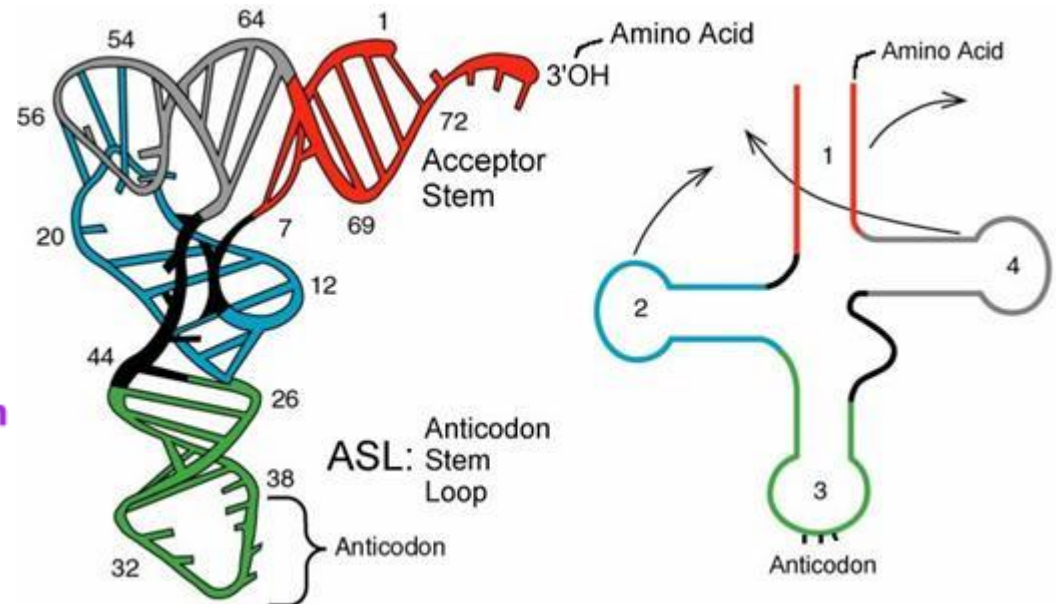
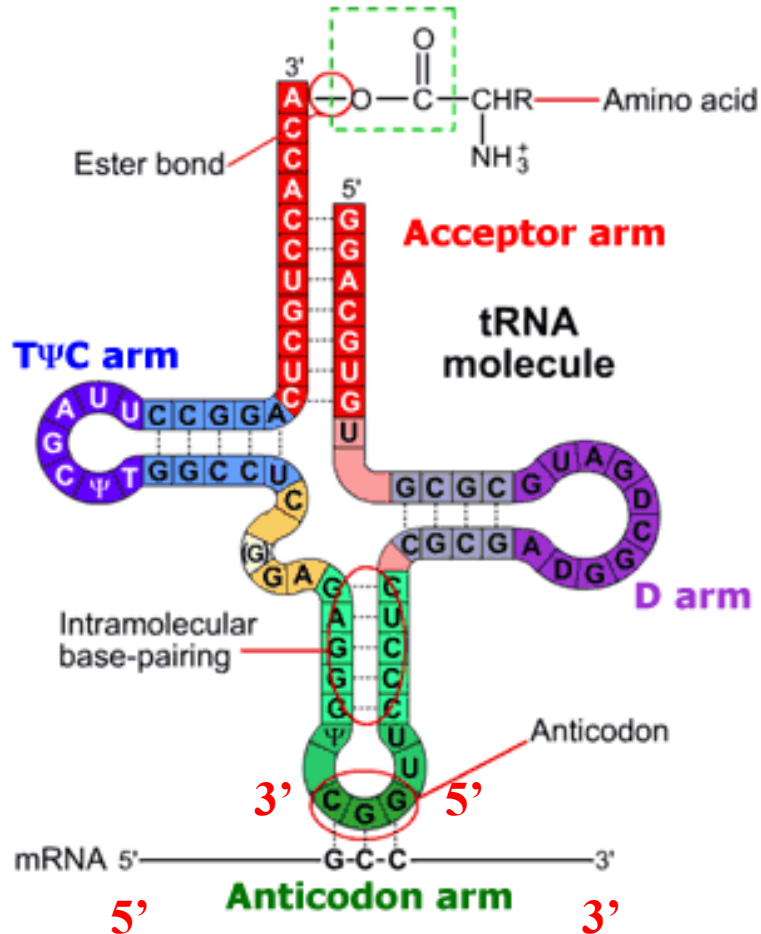


Timina

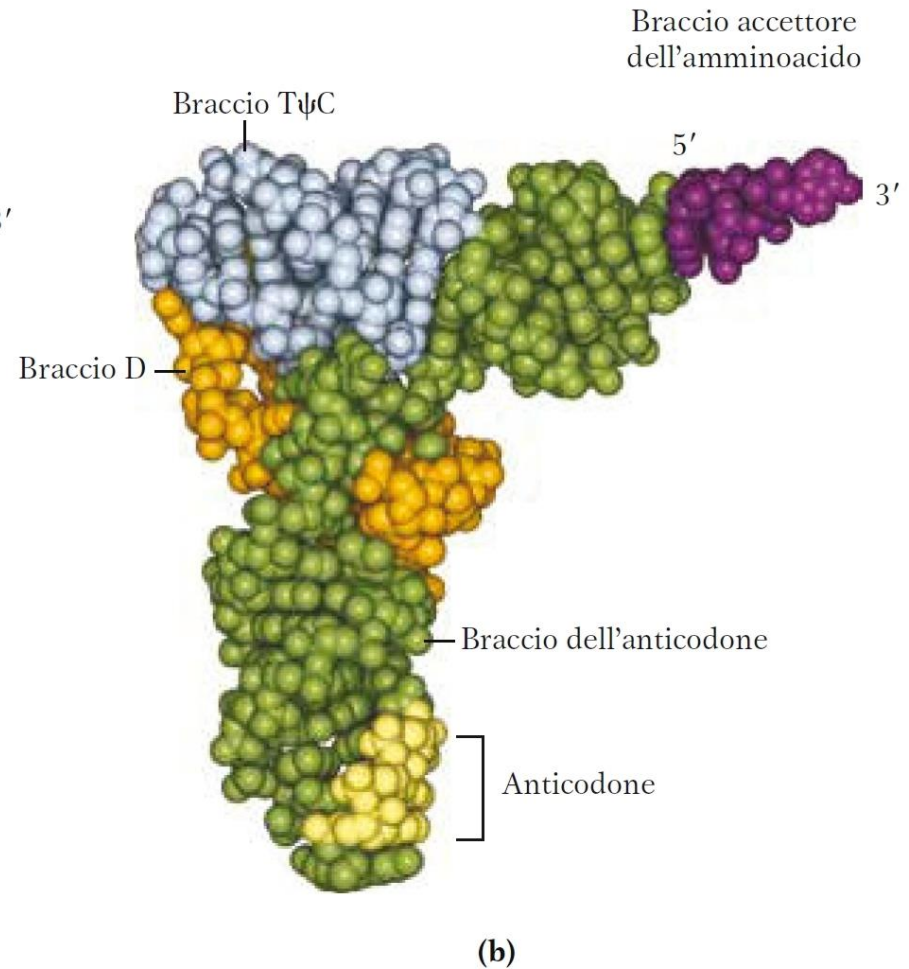
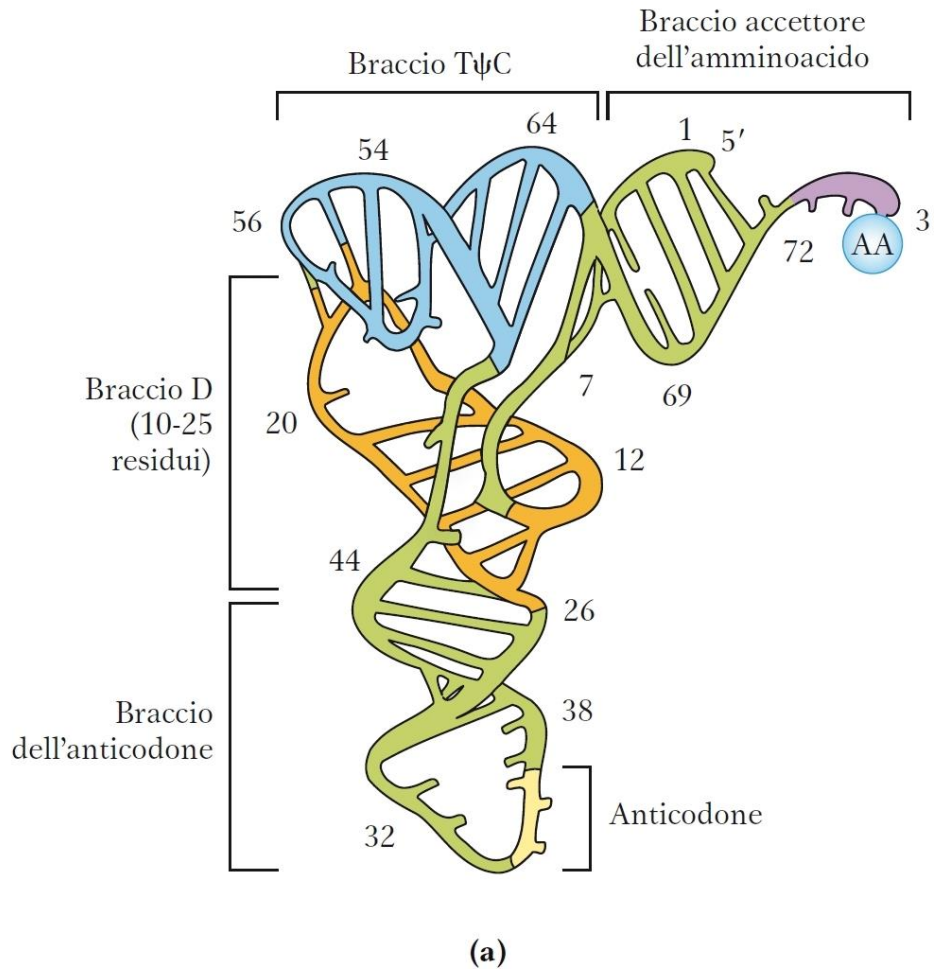


T: ribotimidina

Struttura tridimensionale del tRNA

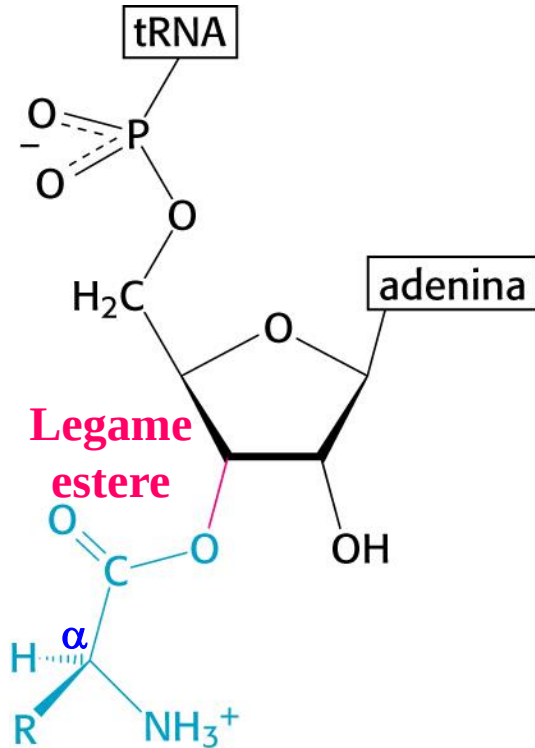


Struttura tridimensionale del tRNA

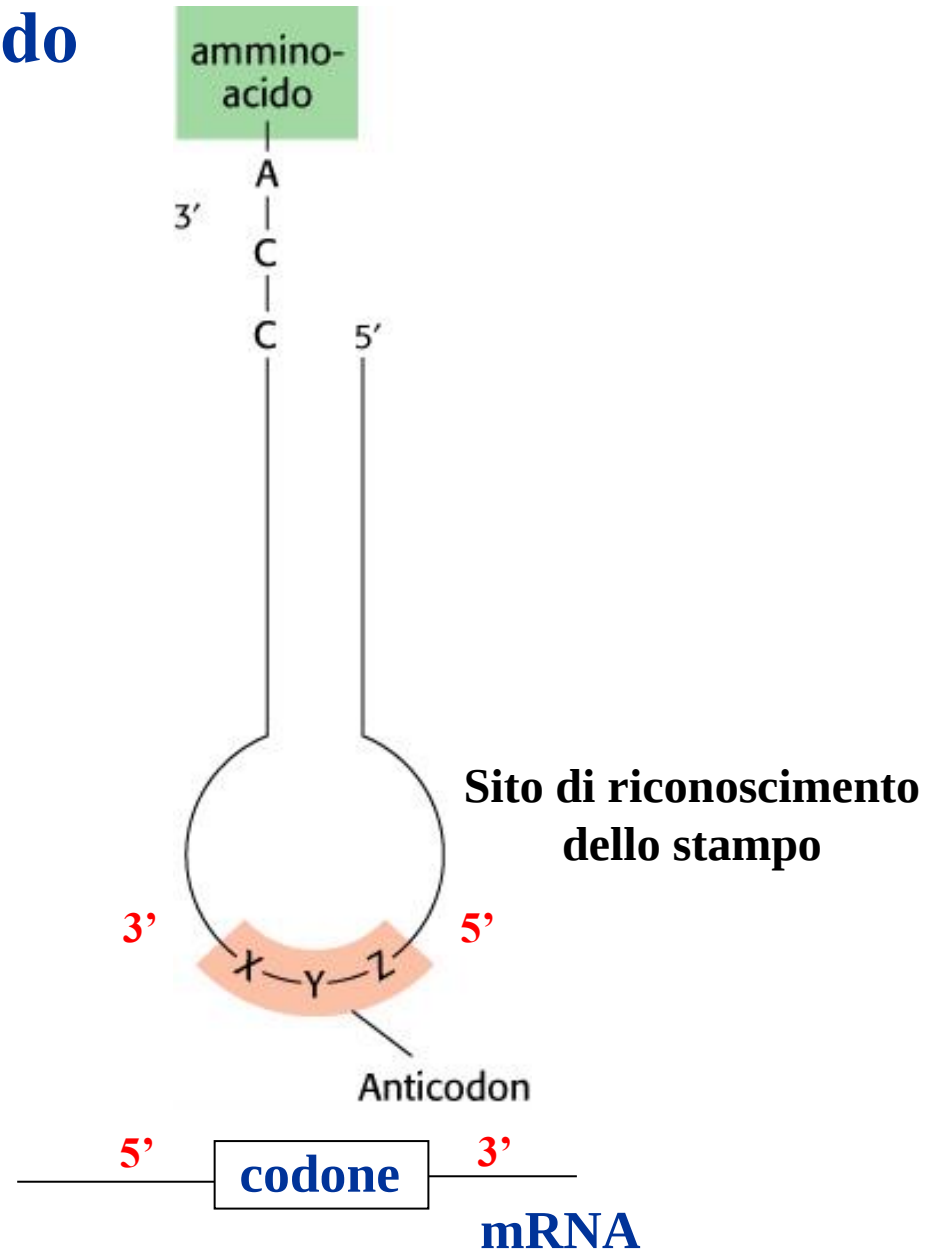


Attivazione dell'amminoacido

Amminoacil-tRNA



Amminoacil-tRNA



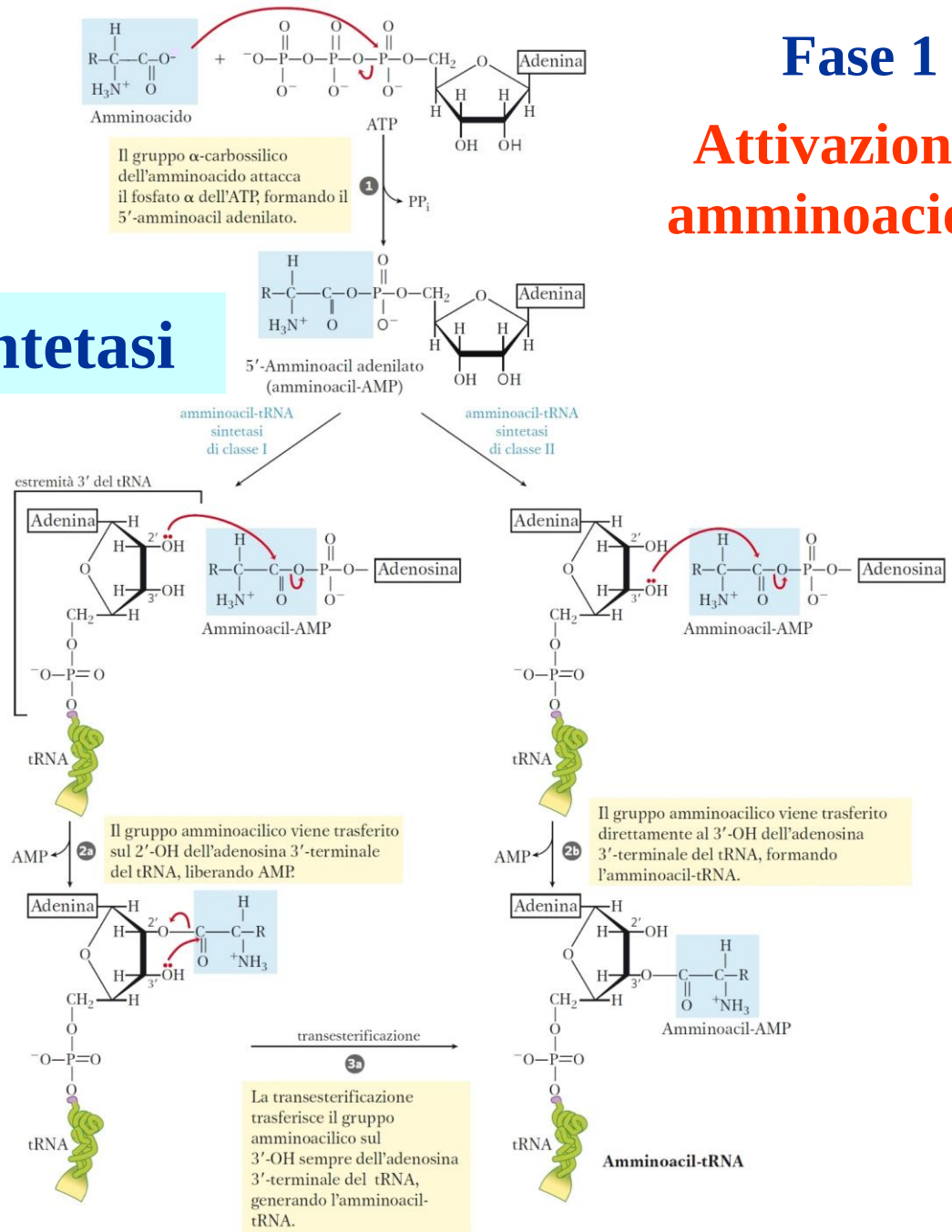
Attivazione dell'amminoacido

Amminoacil-tRNA Sintetasi

Fase 2 Legame al tRNA

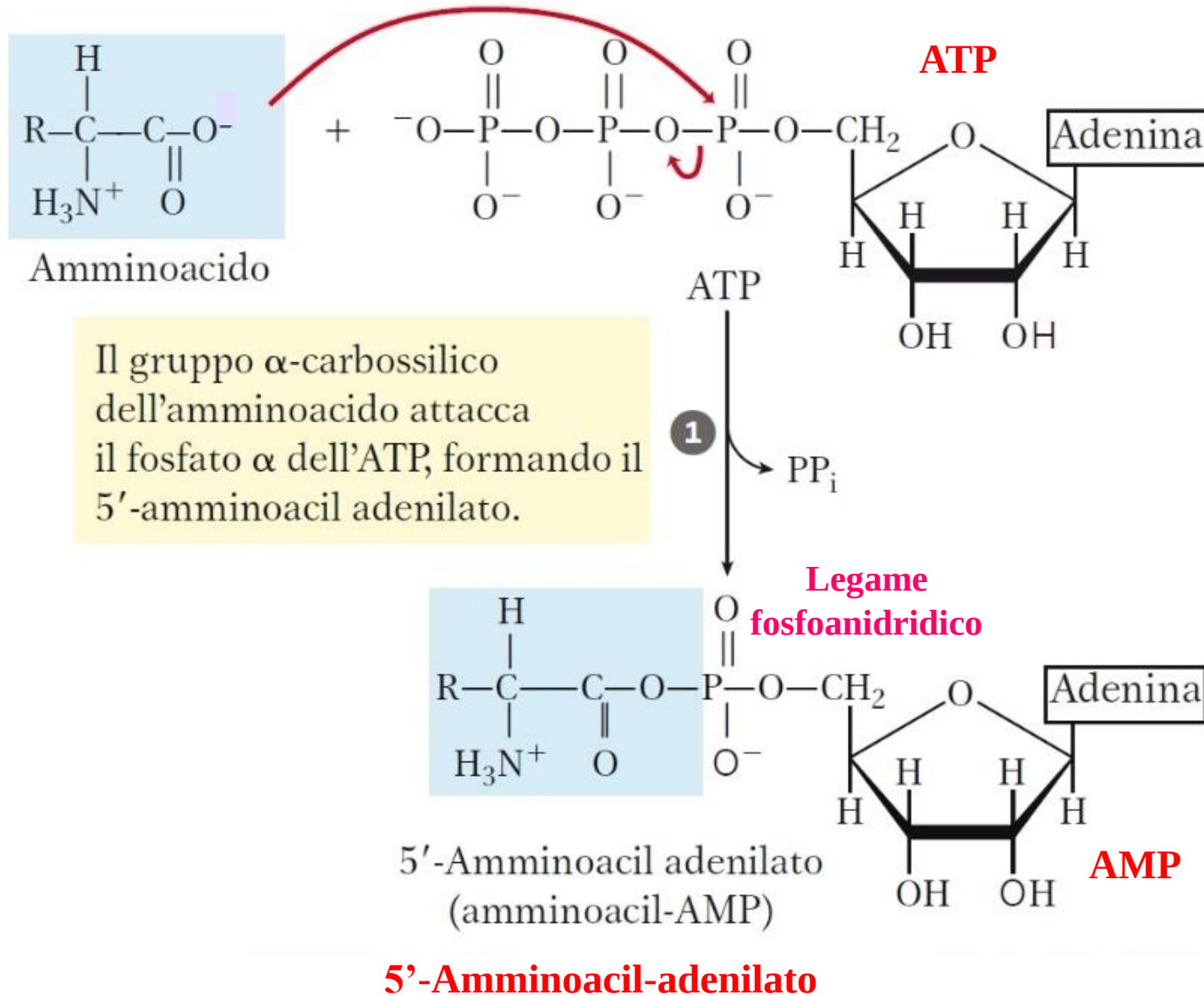
Fase 1

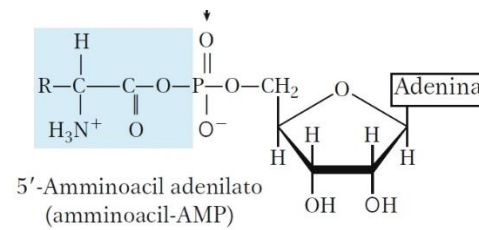
Attivazione amminoacido



Fase 1

Attivazione amminoacido

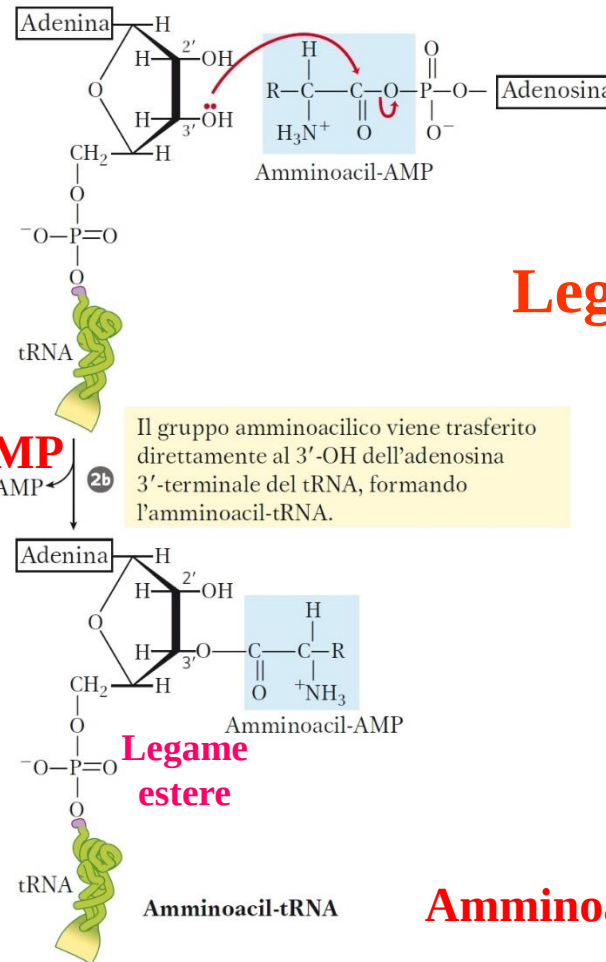
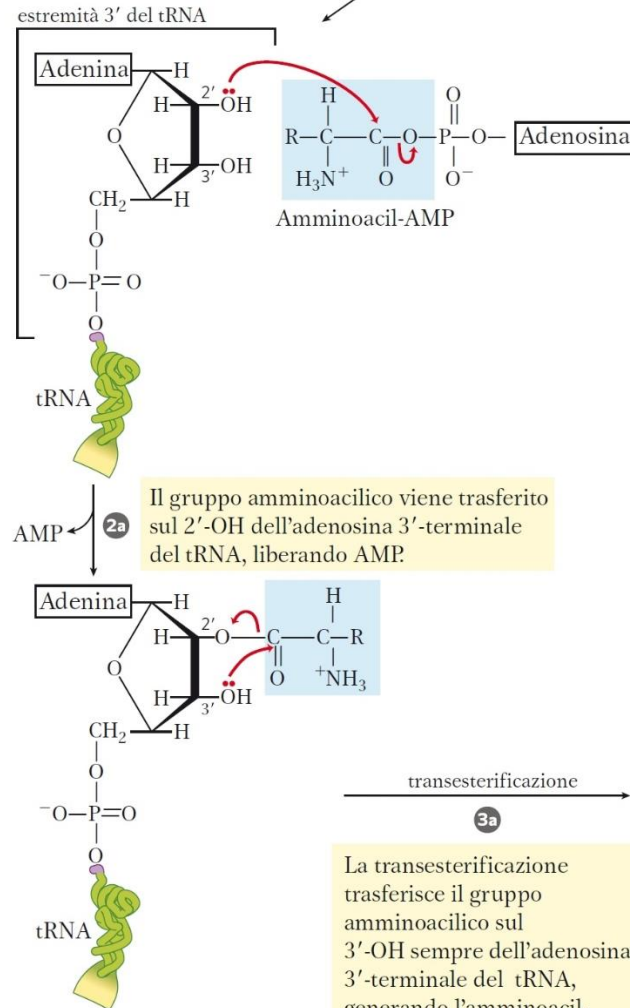




5'-Amminoacil-adenilato

amminoacil-tRNA
sintetasi
di classe I

amminoacil-tRNA
sintetasi
di classe II



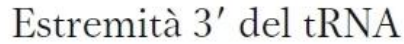
Fase 2

Legame al tRNA

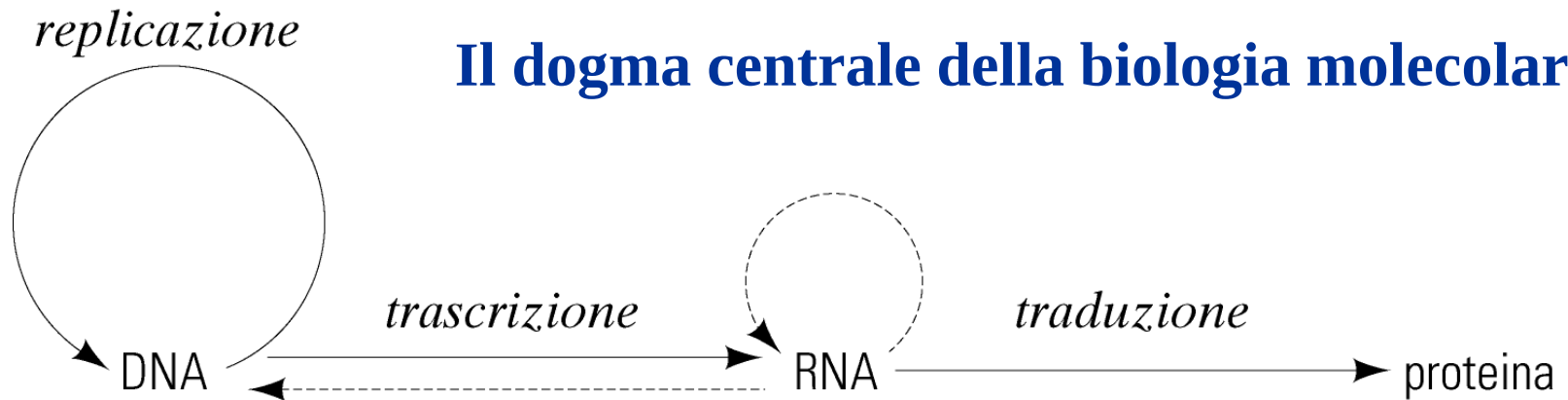
**Legame
estere**

Amminoacil-tRNA

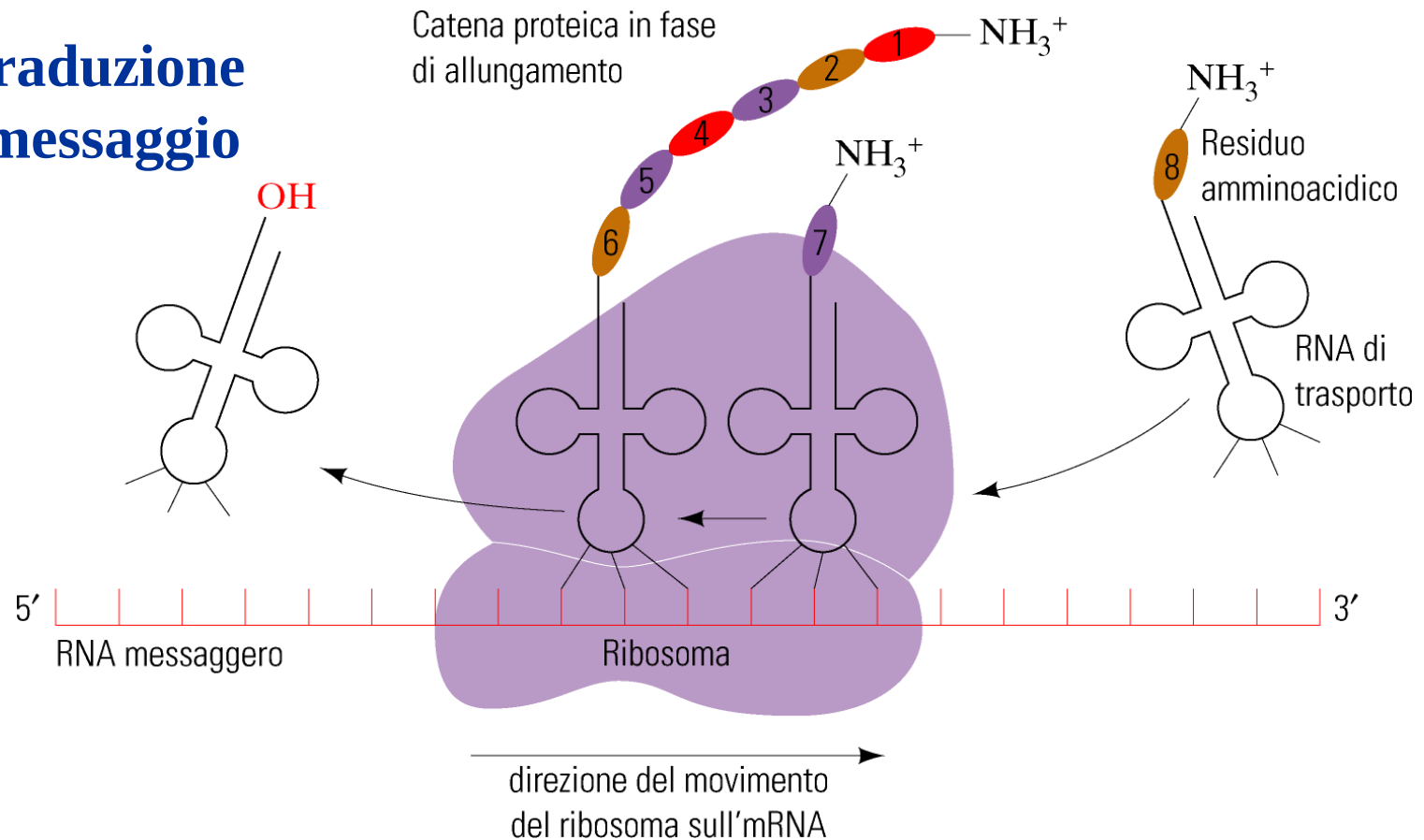
Amminoacil-tRNA



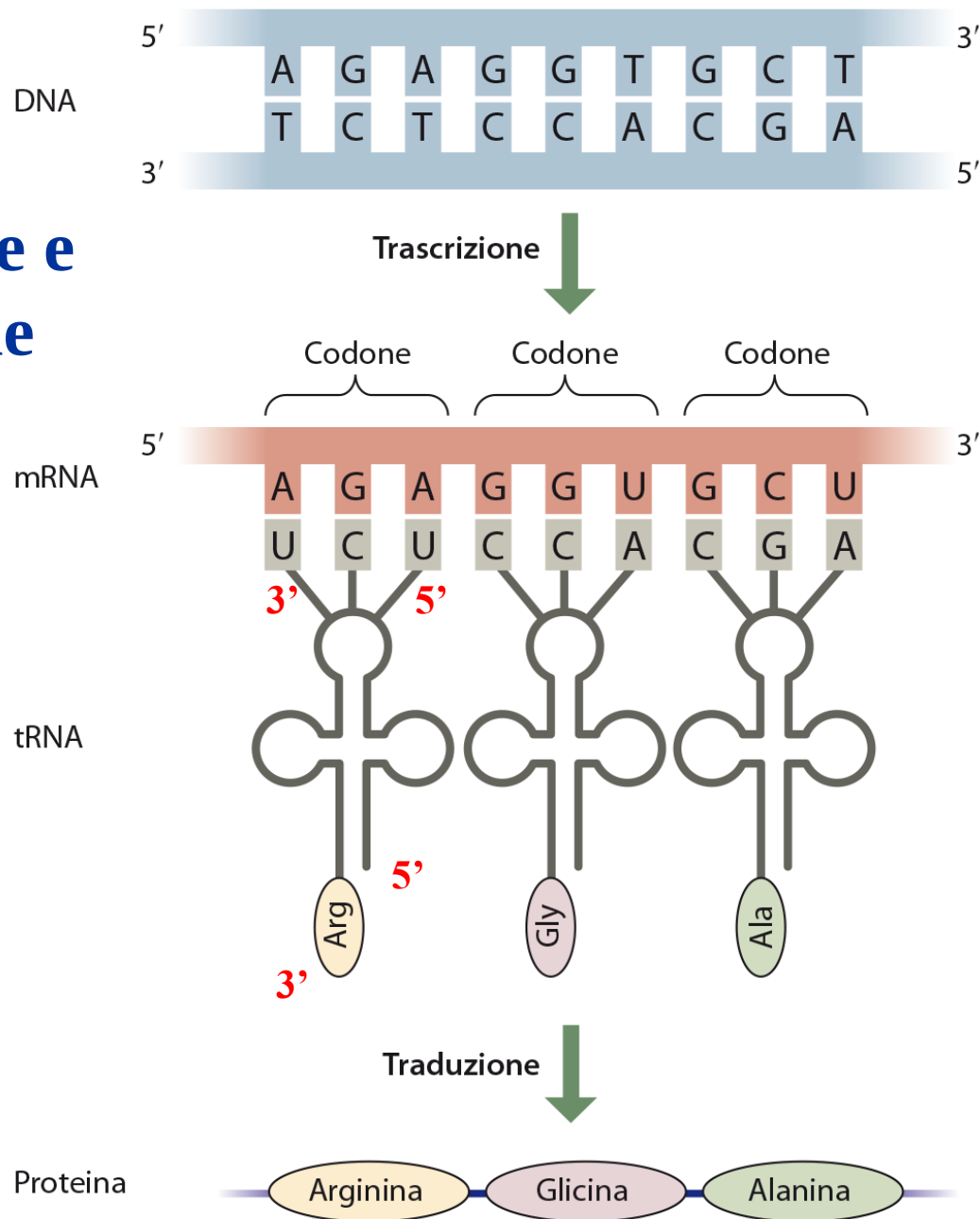
Il dogma centrale della biologia molecolare



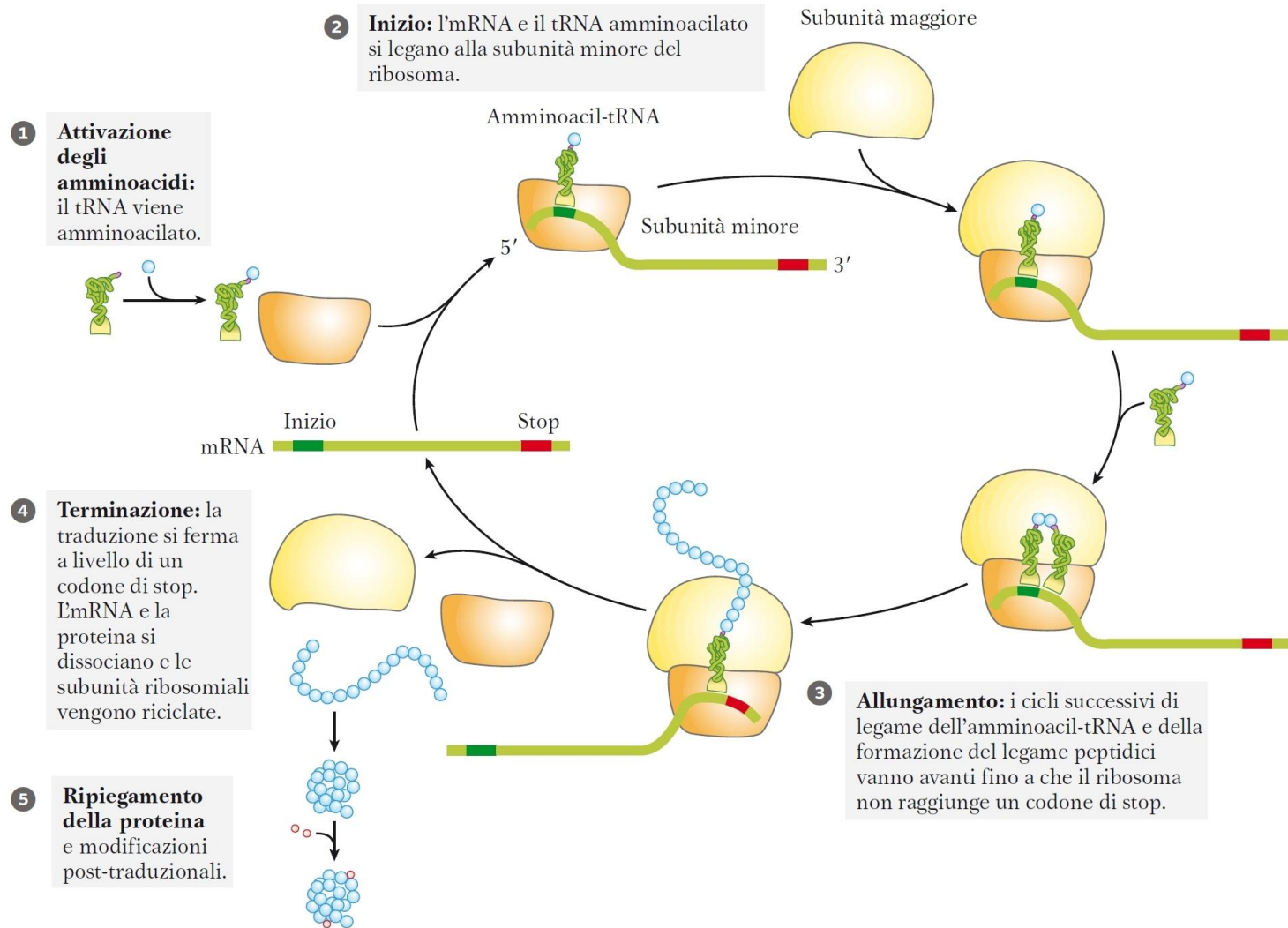
La traduzione del messaggio



Trascrizione e Traduzione

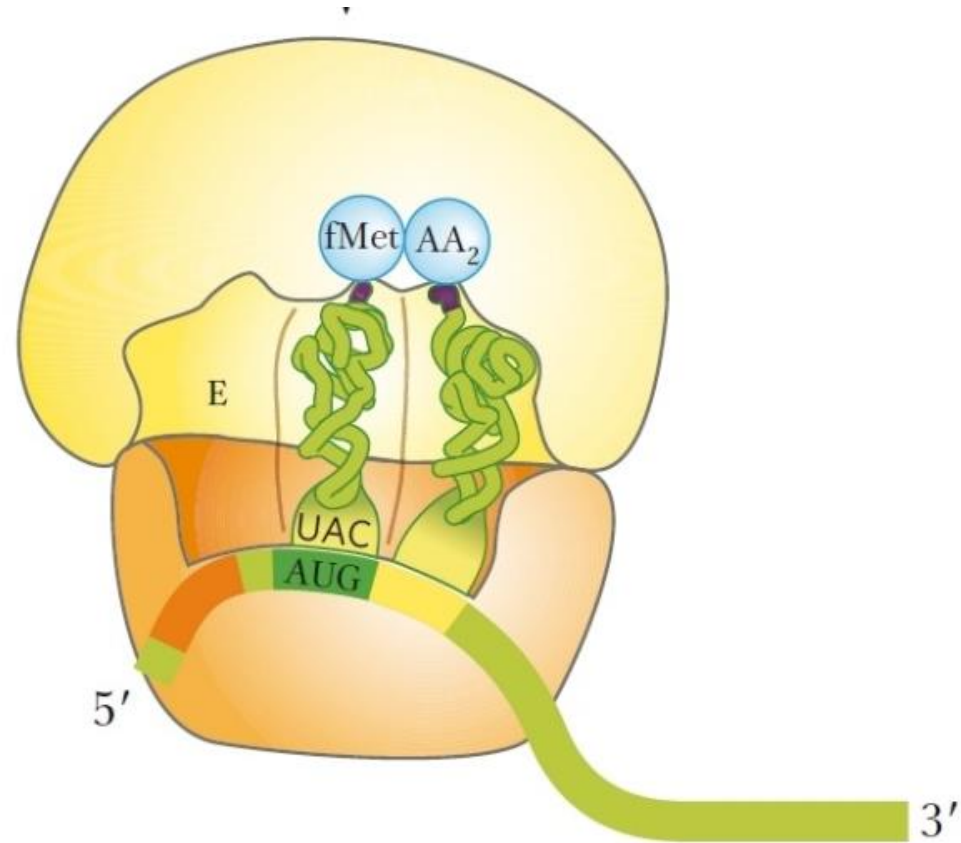


Le 5 fasi della sintesi proteica

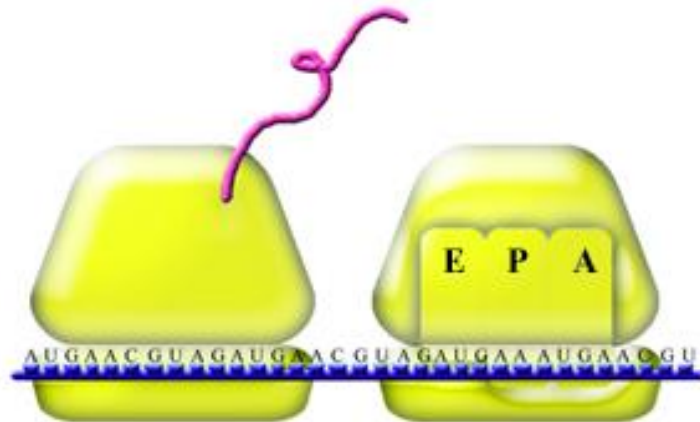


Prima fase dell'allungamento nei batteri

Sono presenti 3 siti in
cui vengono alloggiati
gli amminoacil-tRNA



Sito A
Sito P
Sito E

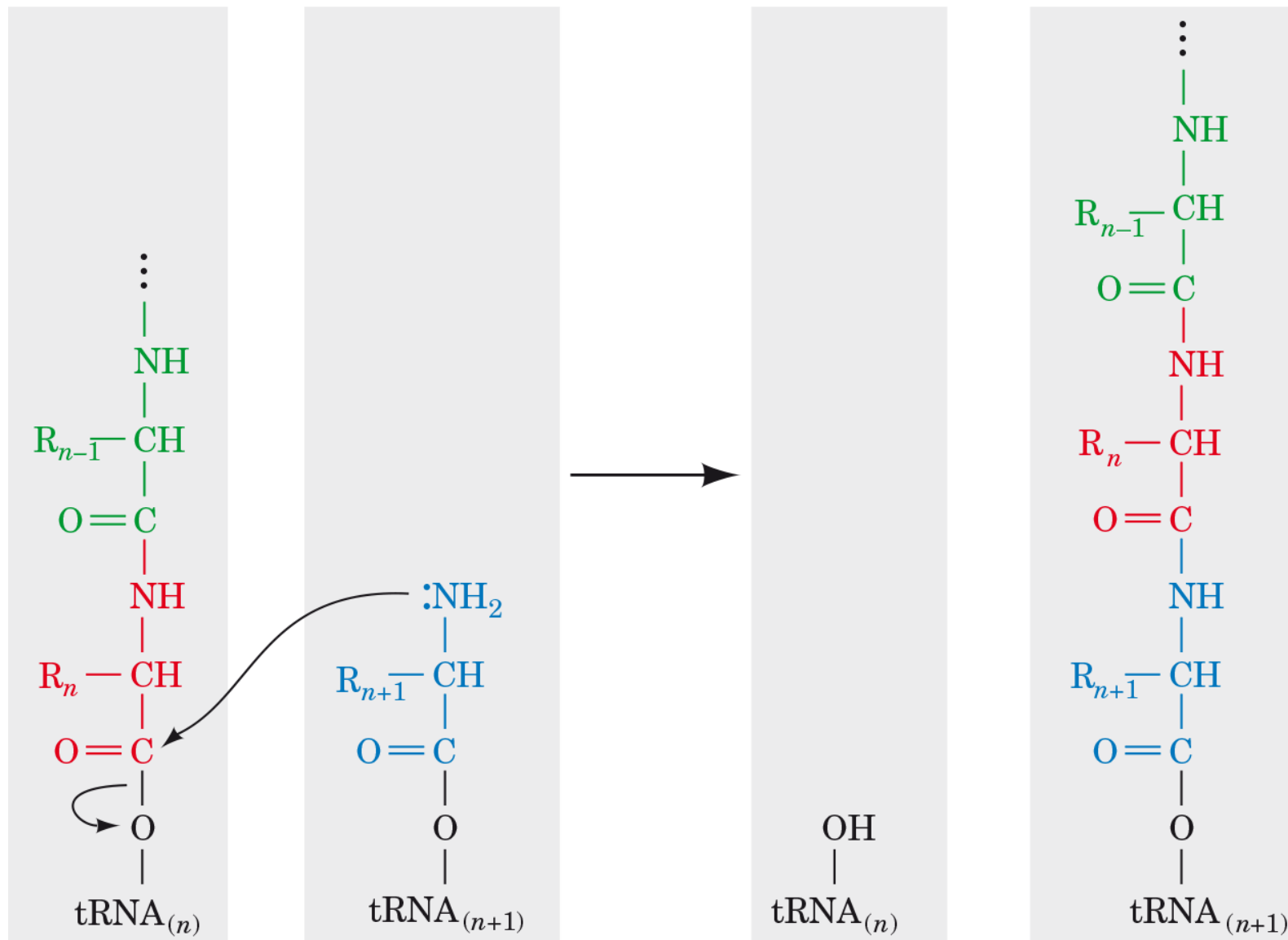


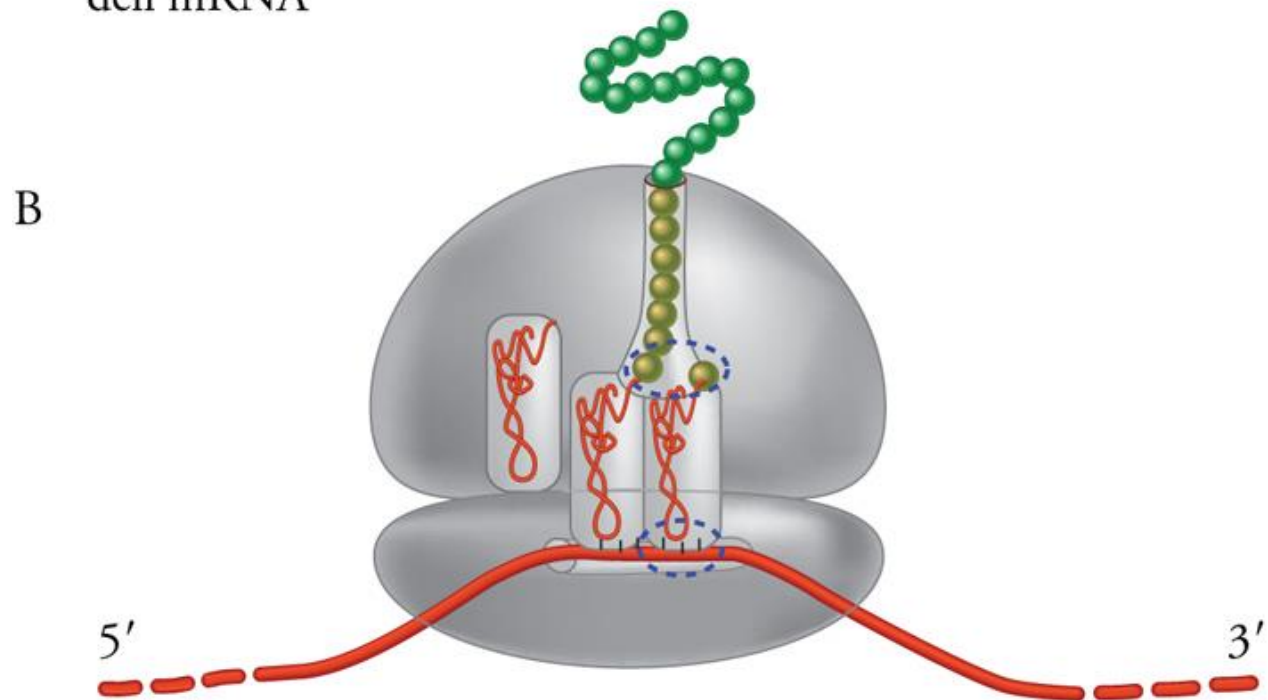
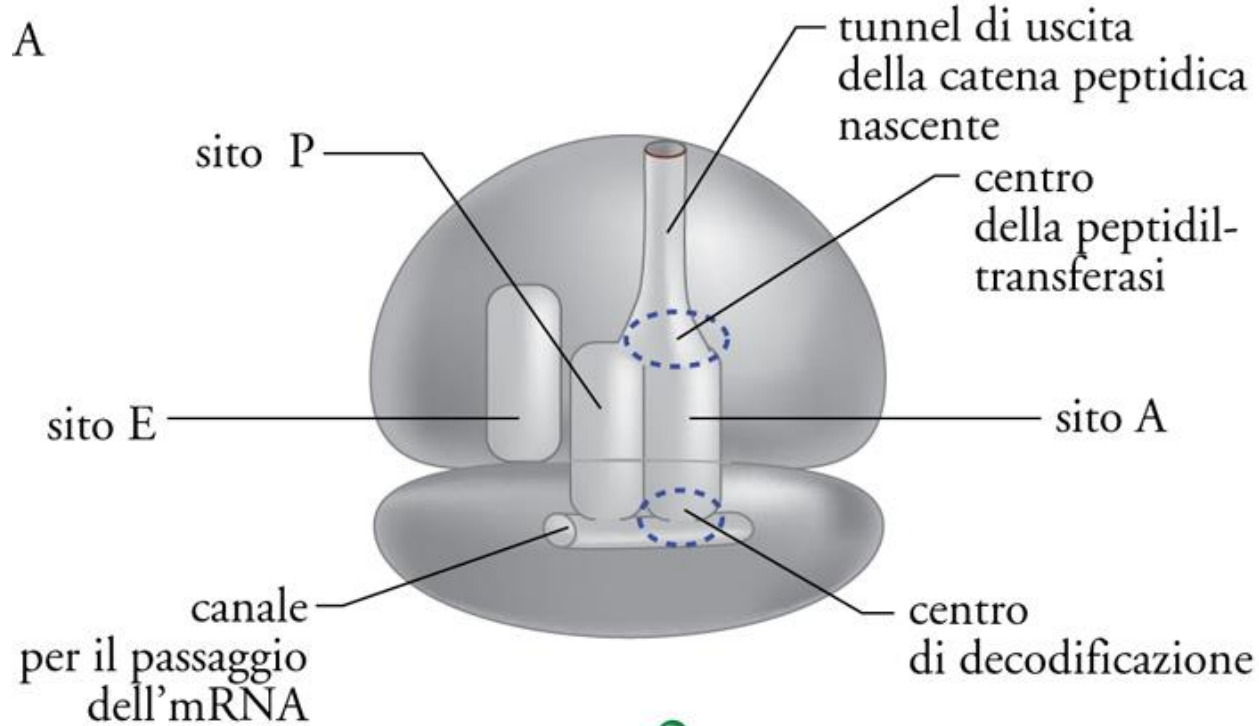
Sito P

Sito A

Sito P

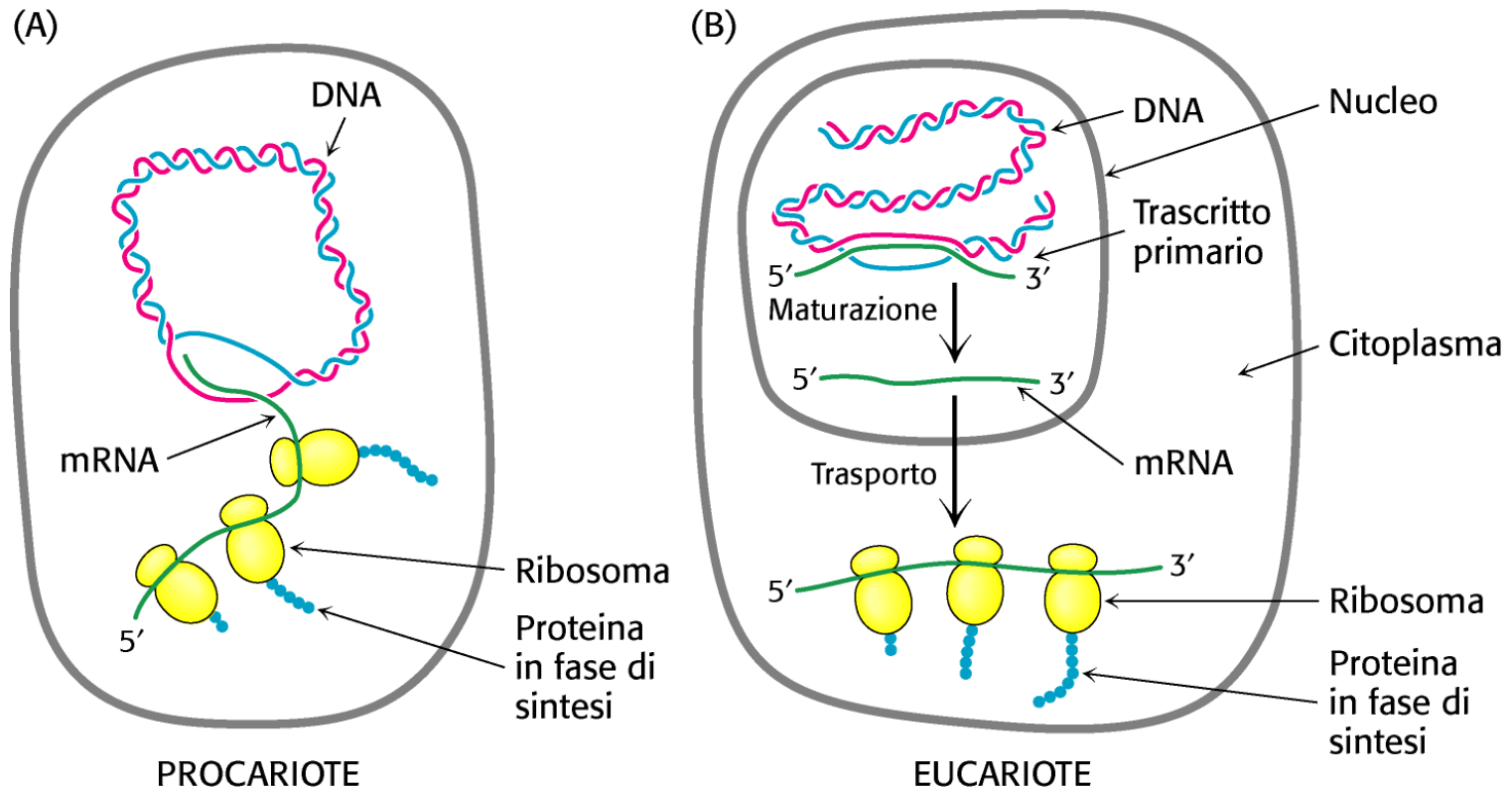
Sito A





Trascrizione e traduzione

I due processi sono strettamente **associati** nei **procarioti**, mentre sono **separati spazialmente** e **temporalmente** negli **eucarioti**.



Video

8 La sintesi proteica - YouTube

Zanichelli