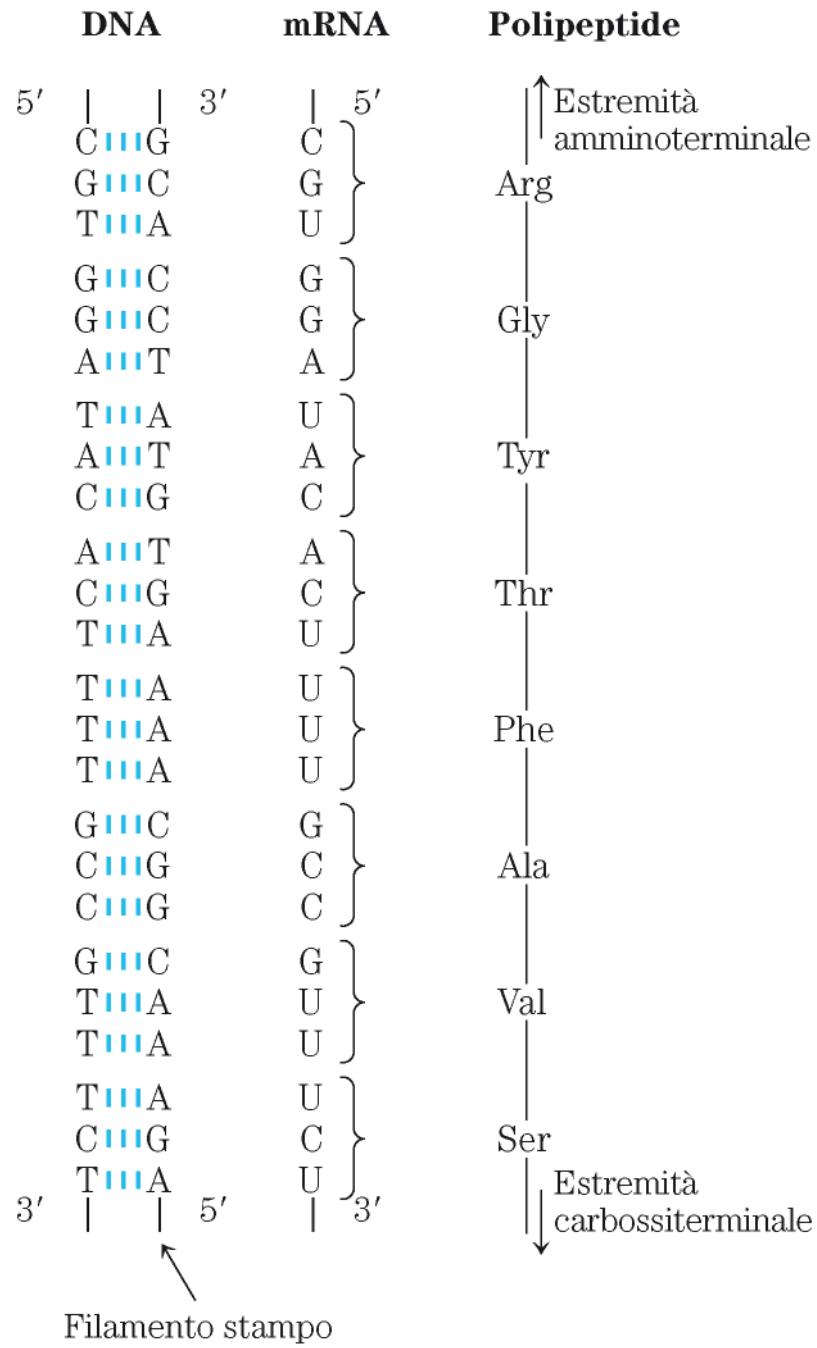


AVVERTENZA

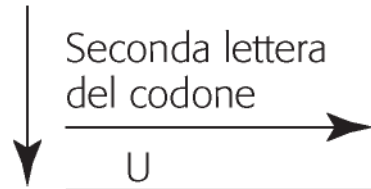
Il presente materiale didattico è messo a disposizione degli studenti per facilitare la comprensione degli argomenti trattati nel corso delle lezioni e lo studio individuale

Non sostituisce il libro di testo che rappresenta lo strumento fondamentale per lo studio della **Biochimica generale e molecolare**

Le immagini utilizzate sono tratte dal libro di testo consigliato e da quelli da consultare indicati nelle diapositive 6-10 del file
INTRODUZIONE

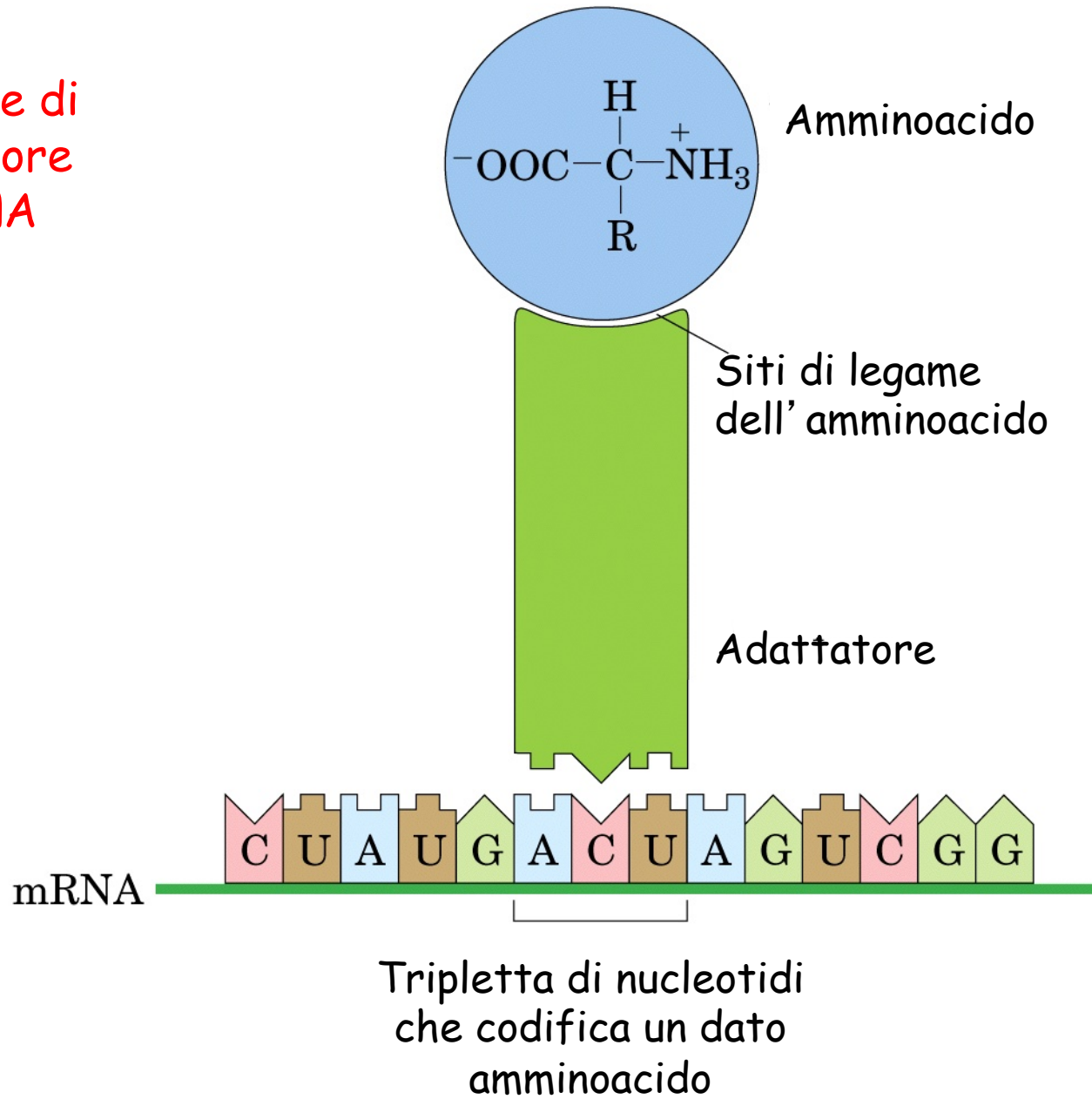


Prima lettera del codone (in direzione 5')

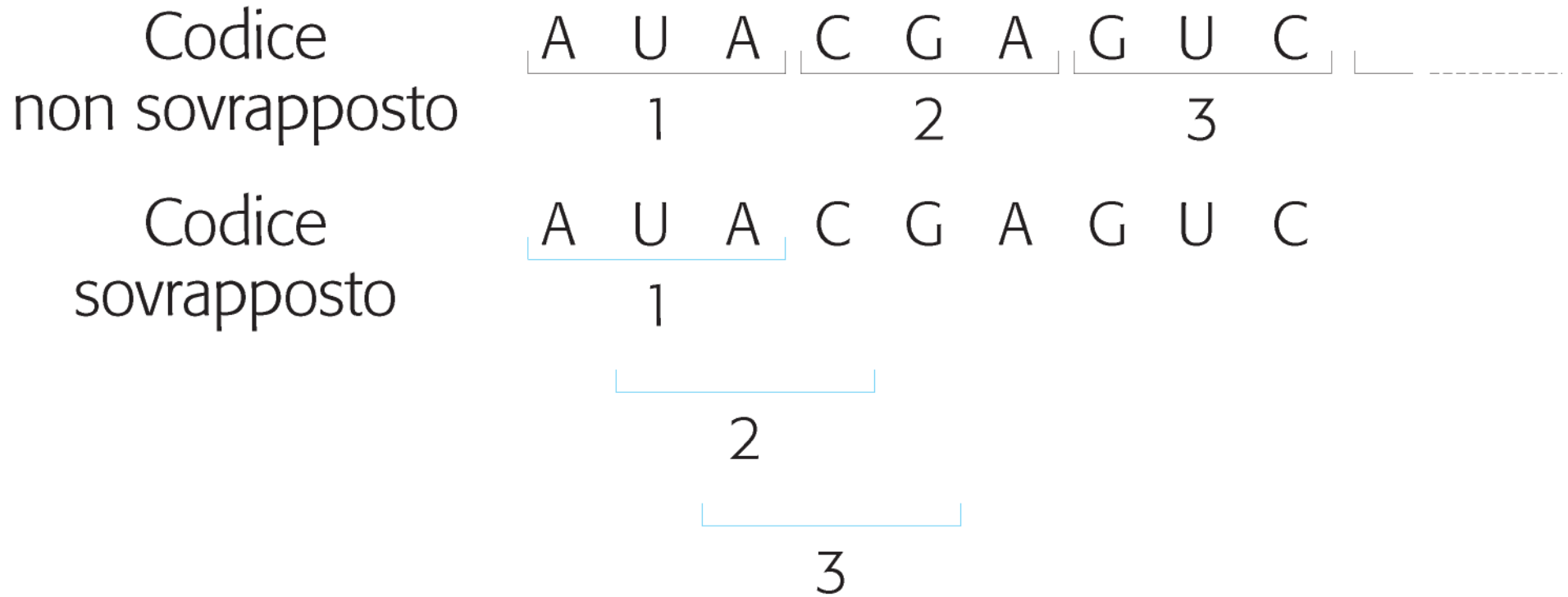


	U		C		A		G	
U	UUU	Phe	UCU	Ser	UAU	Tyr	UGU	Cys
	UUC	Phe	UCC	Ser	UAC	Tyr	UGC	Cys
	UUA	Leu	UCA	Ser	UAA	Stop	UGA	Stop
	UUG	Leu	UCG	Ser	UAG	Stop	UGG	Trp
C	CUU	Leu	CCU	Pro	CAU	His	CGU	Arg
	CUC	Leu	CCC	Pro	CAC	His	CGC	Arg
	CUA	Leu	CCA	Pro	CAA	Gln	CGA	Arg
	CUG	Leu	CCG	Pro	CAG	Gln	CGG	Arg
A	AUU	Ile	ACU	Thr	AAU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

Funzione di adattatore del tRNA

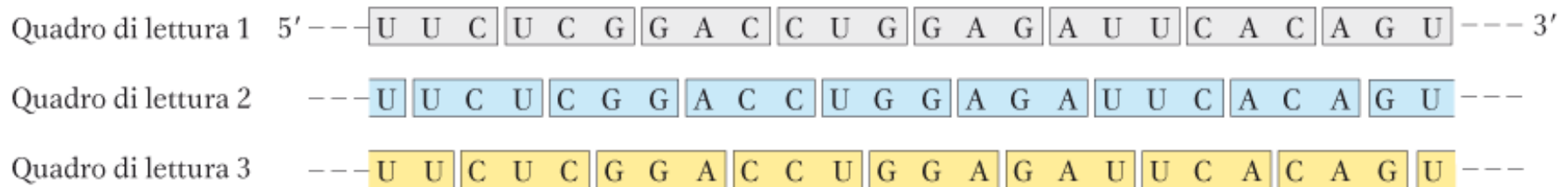


Nel processo di traduzione le triplette di nucleotidi, codoni, vengono lette in successione senza sovrapposizioni



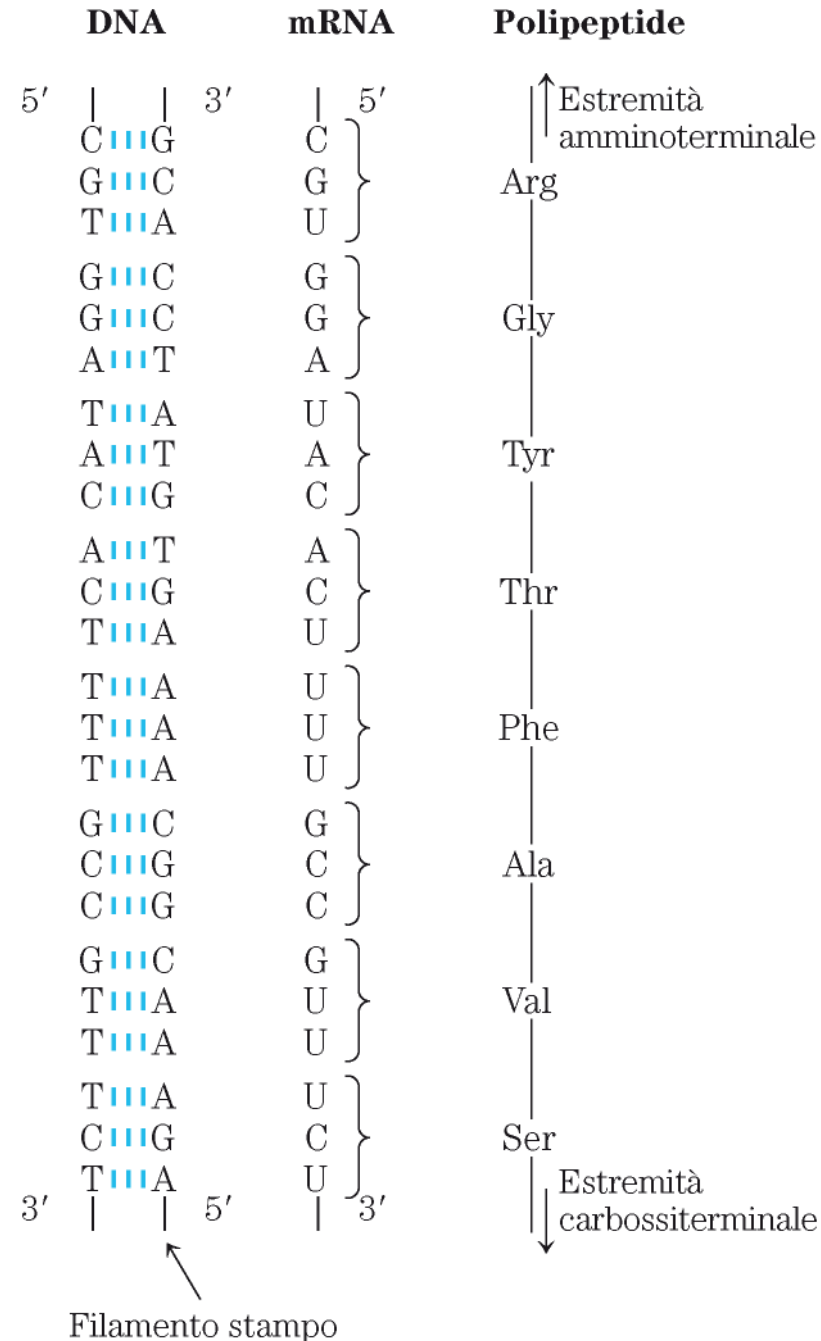
Un primo codone specifico della sequenza determina il quadro di lettura (**reading frame**), a partire dal quale ogni tre residui nucleotidici c'è un nuovo codone

Un quadro di lettura che non presenta un codone di terminazione per più di 50 nucleotidi consecutivi è detto **quadro di lettura aperto (ORF)**



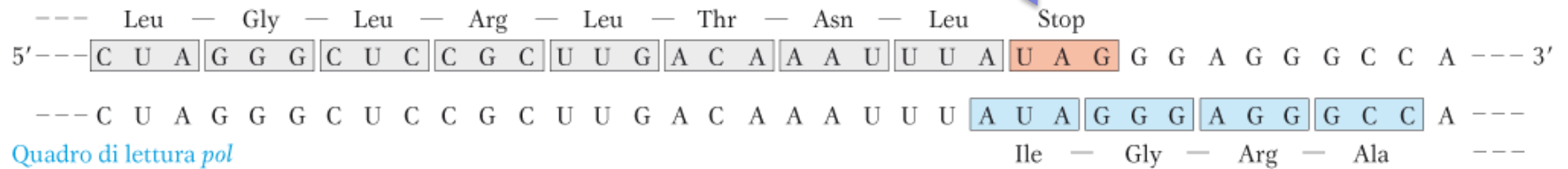
Un quadro di lettura aperto che si estende per tratti lunghi del DNA corrisponde in genere a una sequenza che codifica per una proteina

Una proteina di medie dimensioni (massa molecolare 60000) ha un (ORF) con più di 500 codoni



Scavalcamento del codone di terminazione UAG

Quadro di lettura *gag*



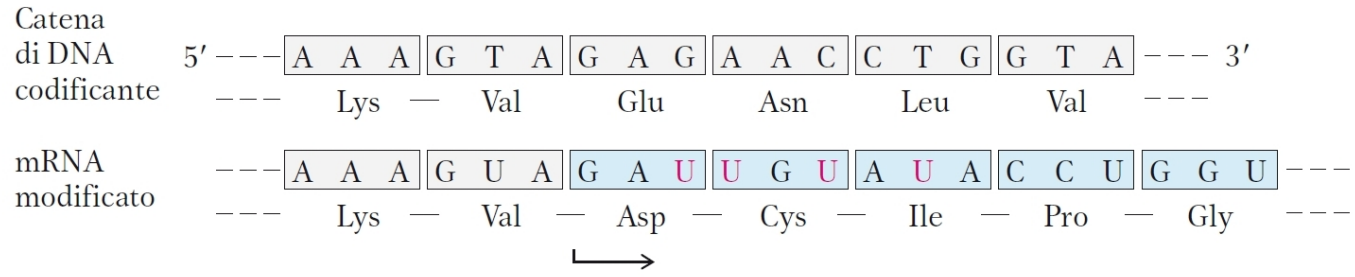
Slittamento del quadro di lettura

Permette la sintesi due proteine correlate, ma distinte, a partire da un unico trascritto

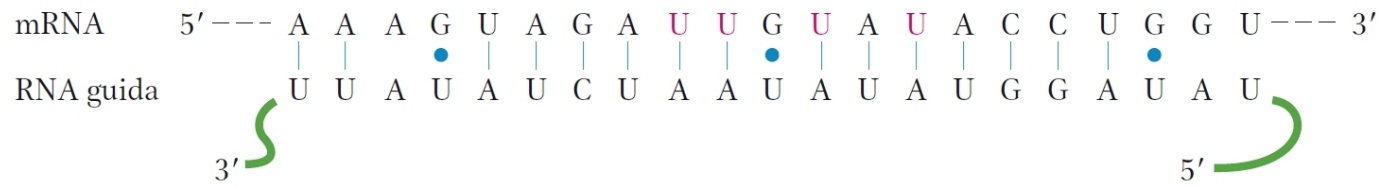
Editing dell'RNA

Alcuni mRNA vengono modificati prima della traduzione

- aggiunta di nucleotidi
- delezione di nucleotidi
- modificazione di nucleotidi

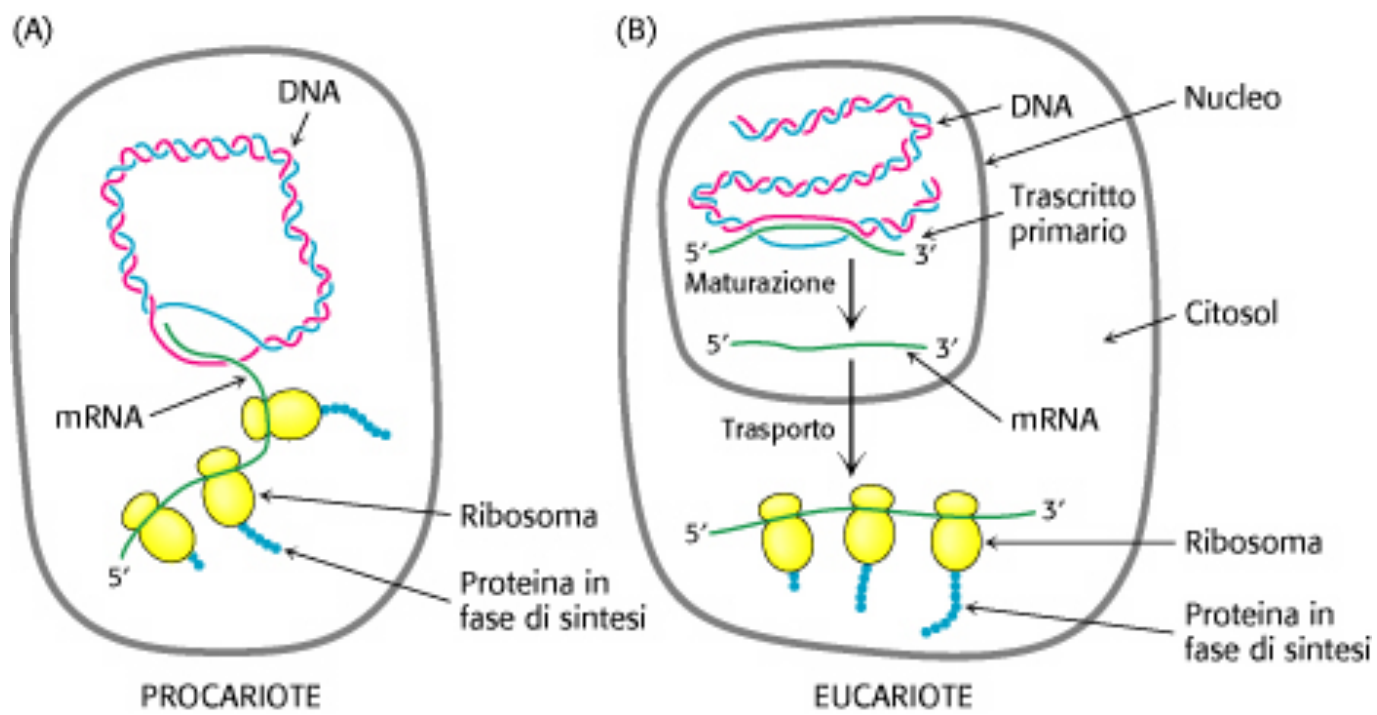


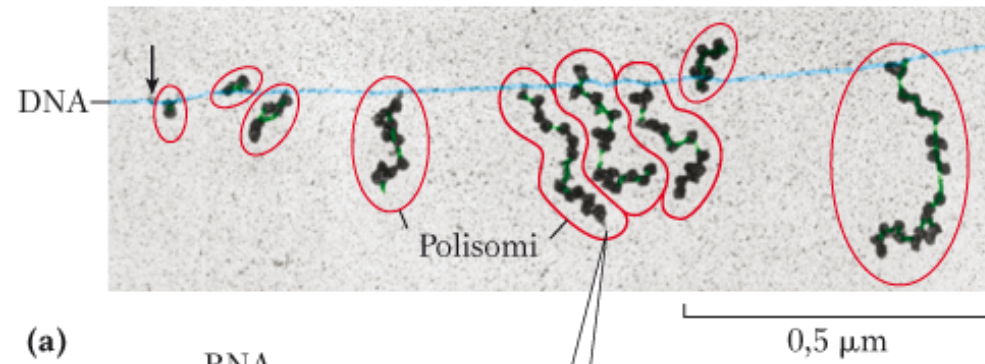
(a)



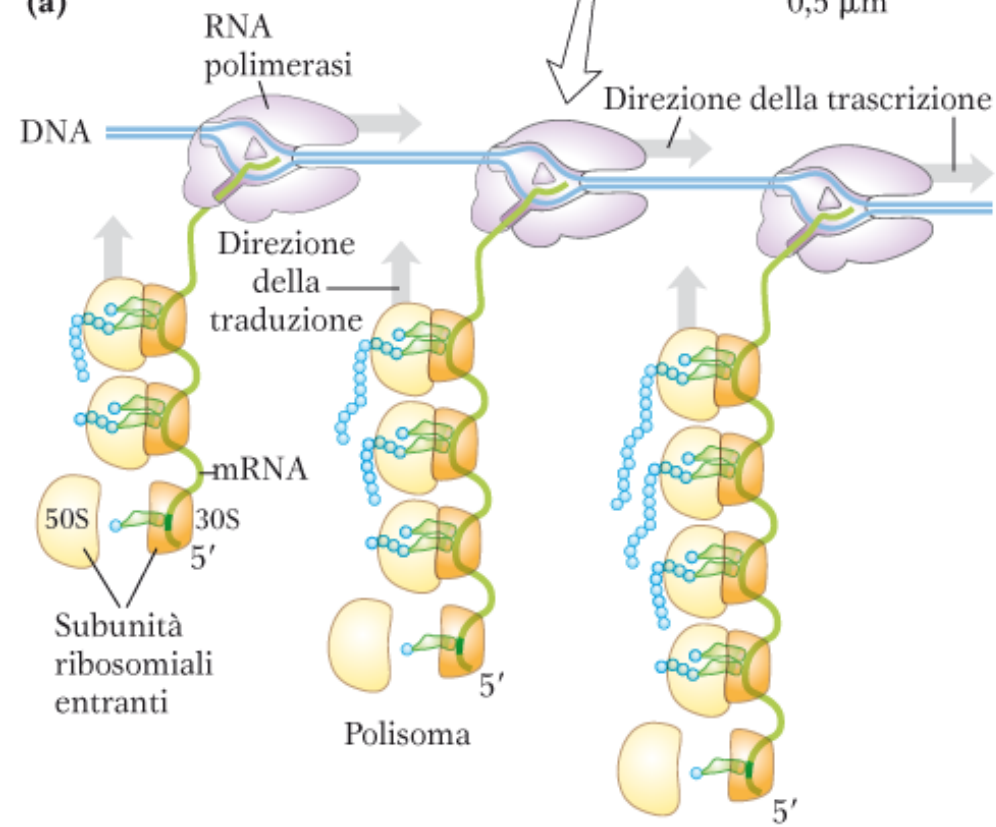
(b)

Numero del residuo	2146	2148	2150	2152	2154	2156								
Fegato umano (apoB-100)	5'--	C A A	C U G	C A G	A C A	U A U	A U G	A U A	C A A	U U U	G A U	C A G	U A U	---3'
		— Gln —	Leu —	Gln —	Thr —	Tyr —	Met —	Ile —	Gln —	Phe —	Asp —	Gln —	Tyr —	
Intestino umano (apoB-48)	--	C A A	C U G	C A G	A C A	U A U	A U G	A U A	U A A	U U U	G A U	C A G	U A U	---
		— Gln —	Leu —	Gln —	Thr —	Tyr —	Met —	Ile	Stop					



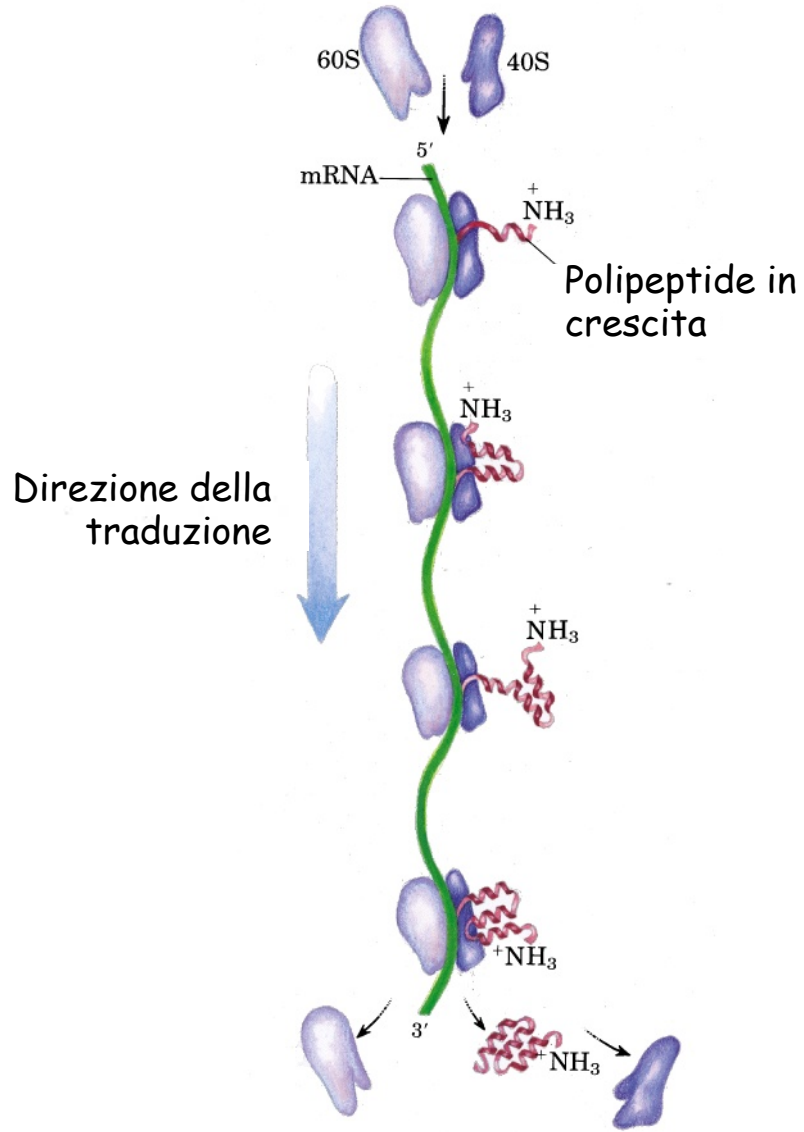


(a)



(b)

Subunità ribosomiali



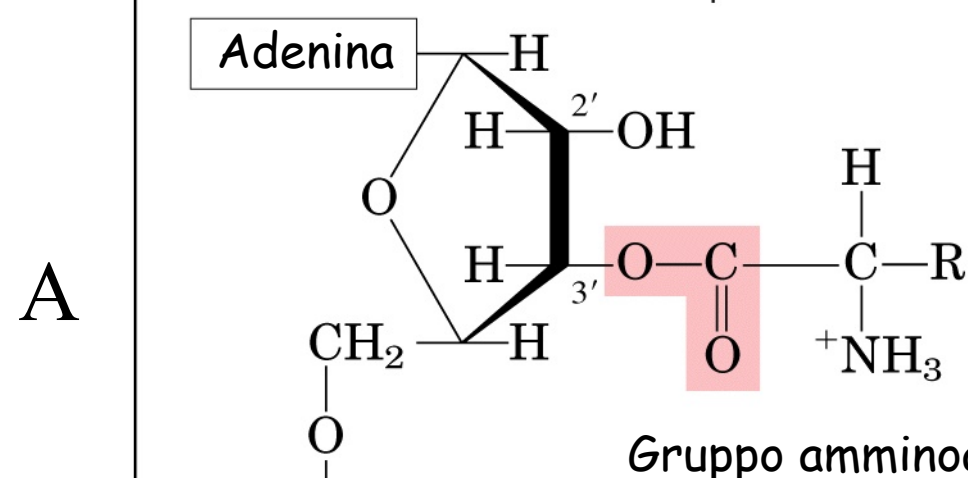
Polisoma

Sintesi proteica

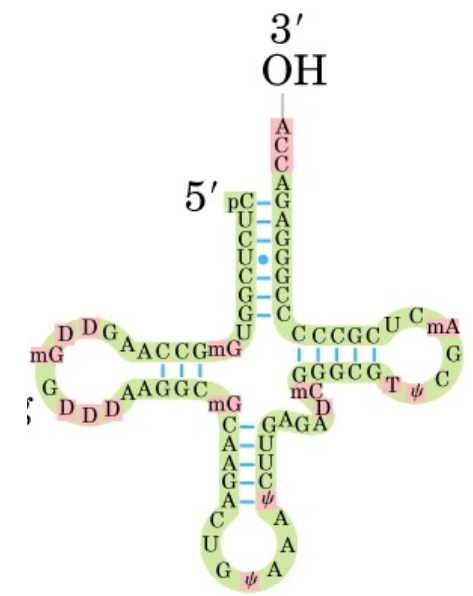
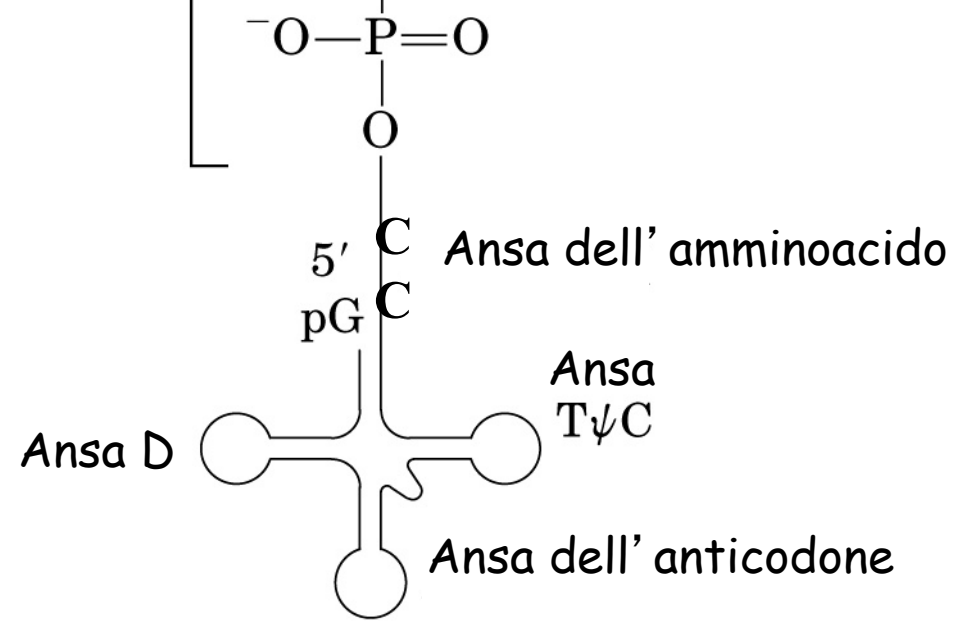
- Attivazione degli amminoacidi
- Inizio
- Allungamento
- Termine e rilascio
- Ripiegamento e modificazioni post-traduzionali

Attivazione degli aminoacidi

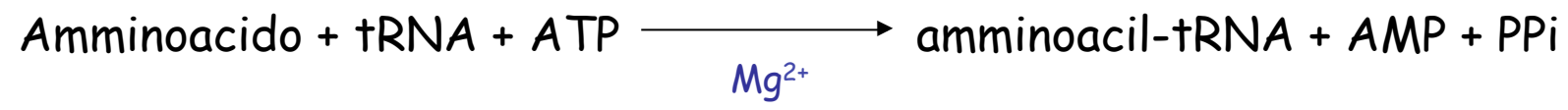
Estremità 3' del tRNA



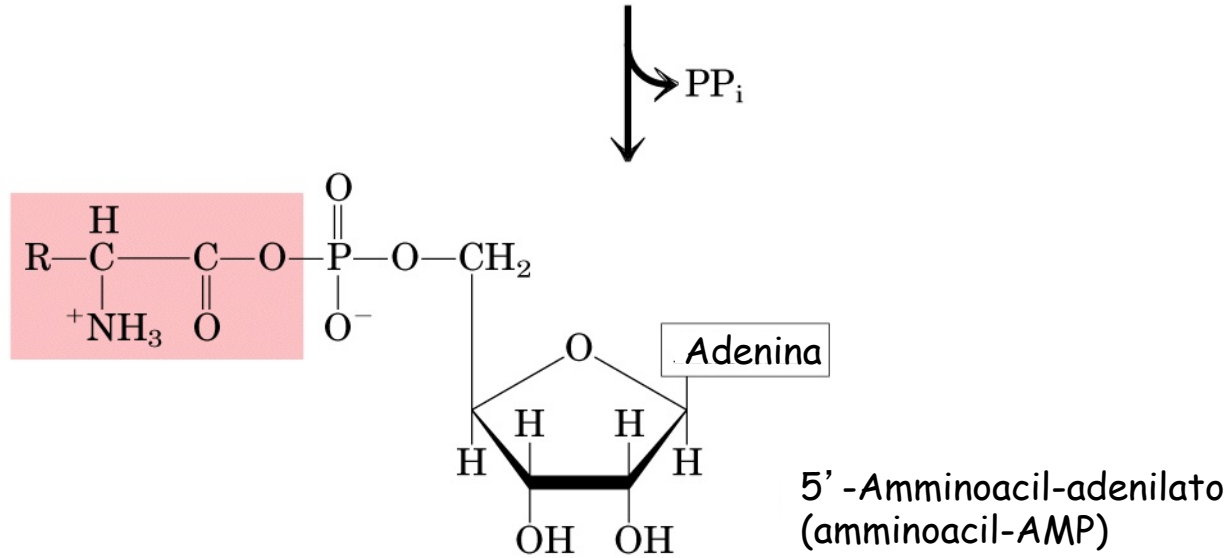
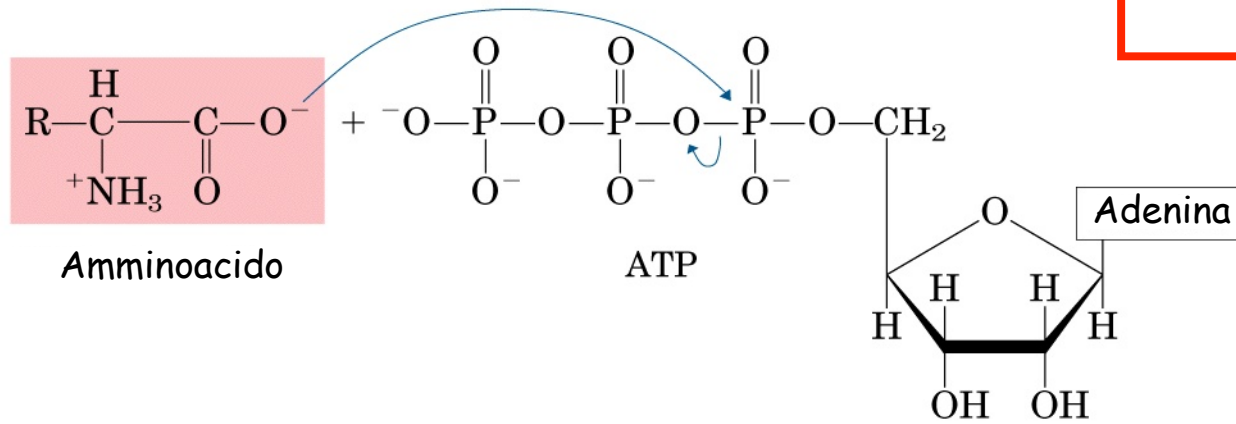
Amminoacil-tRNA



Amminoacil-tRNA sintetasi



Attivazione degli aminoacidi



Amminoacil-tRNA sintetasi di classe I

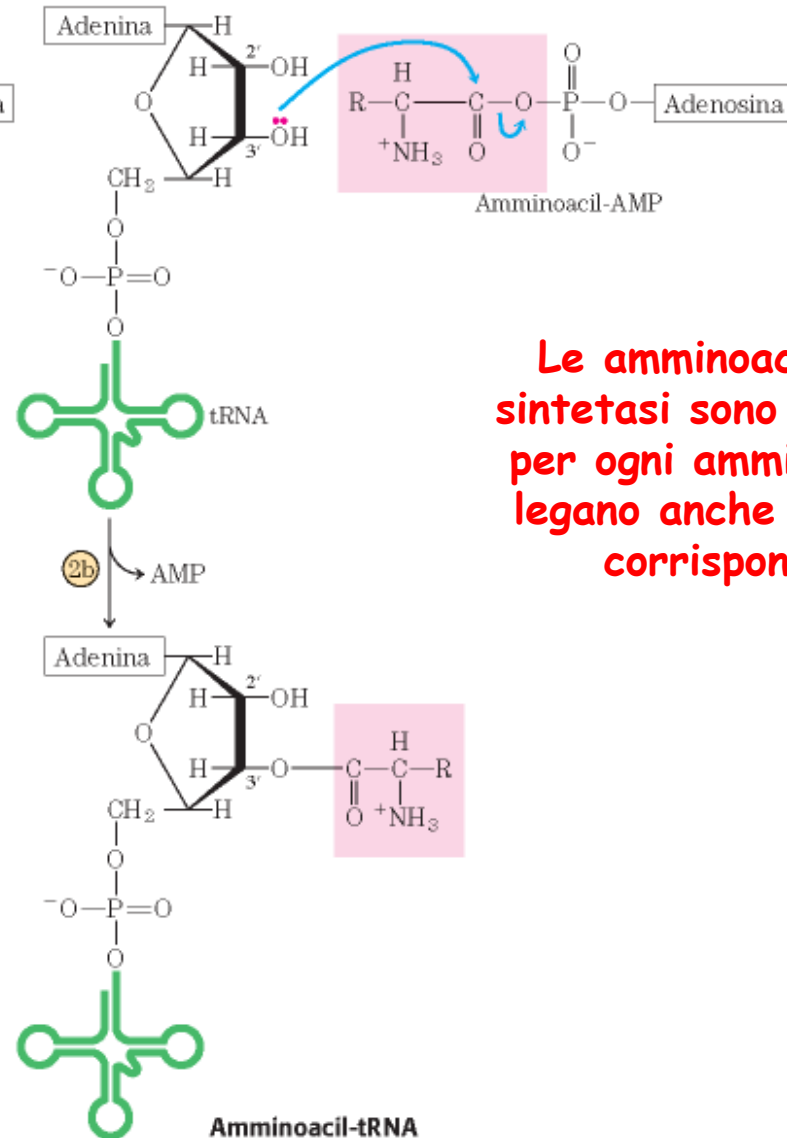
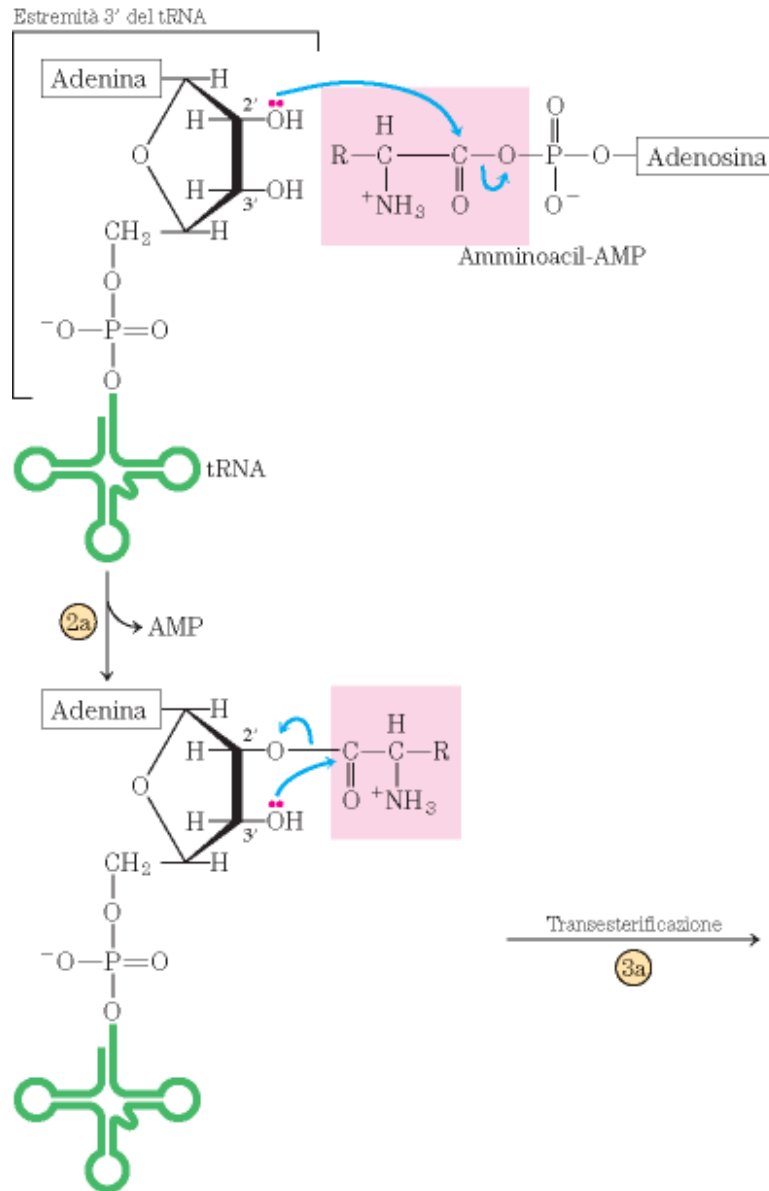
Amminoacil-tRNA sintetasi di classe II

Classe I

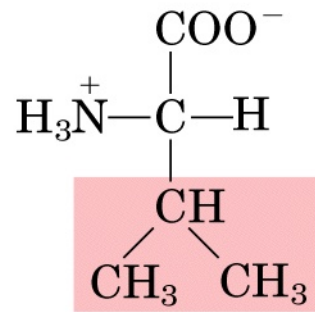
Classe II

Attivazione degli aminoacidi

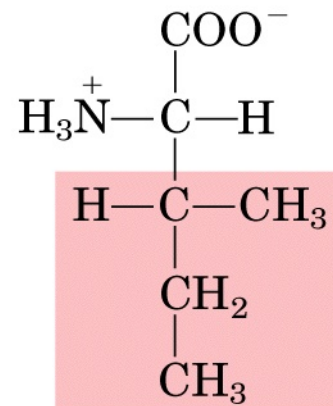
A



Le aminoacil-tRNA sintetasi sono specifiche per ogni aminoacido e legano anche più tRNA corrispondenti

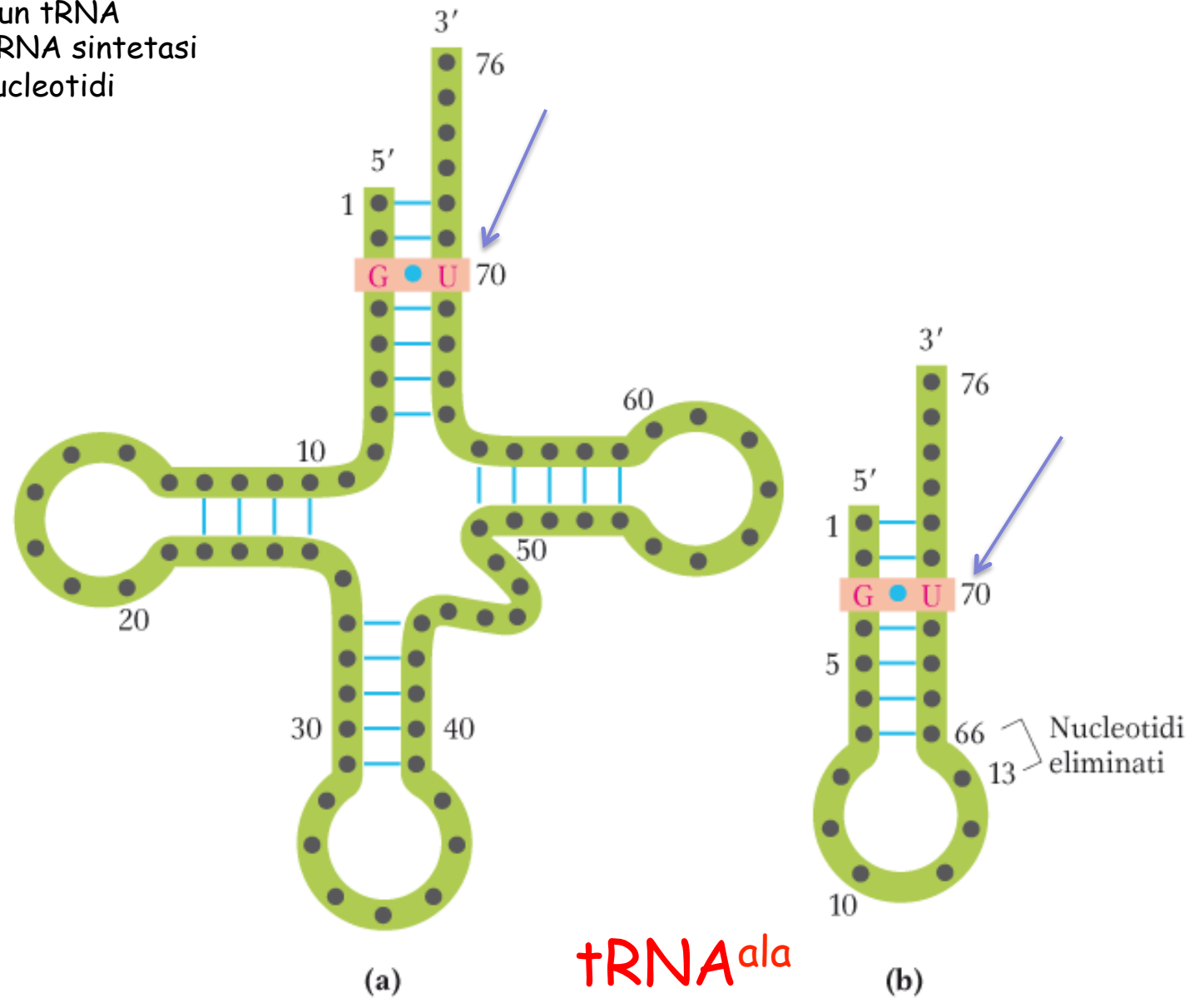


Valina



Isoleucina

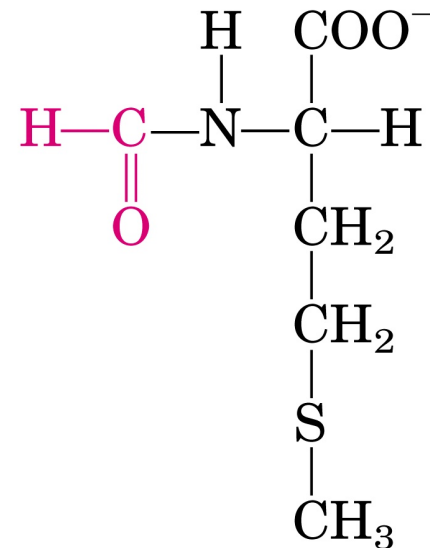
Il riconoscimento di un tRNA da parte dell'amminoacil-tRNA sintetasi coinvolge 10 e più nucleotidi



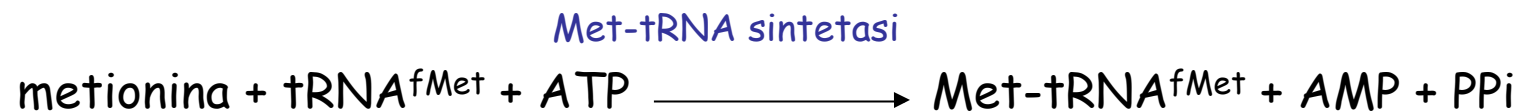
Fase
d'inizio

La metionina ha un solo codone
AUG, ma tutti gli organismi hanno
due tRNA per la metionina

Nei batteri, tRNA^{Met} e $\text{tRNA}^{\text{fMet}}$

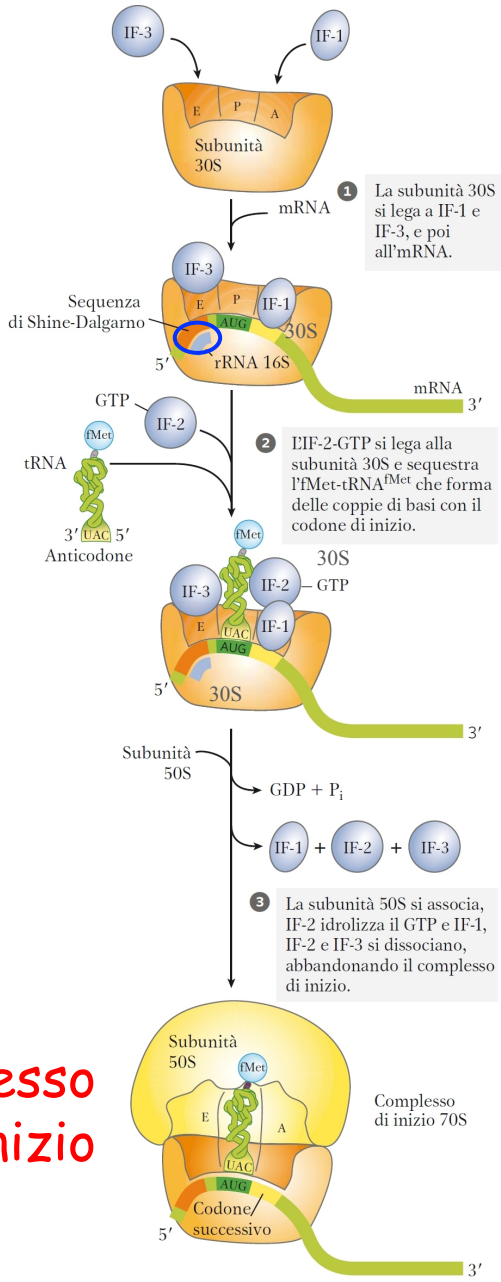


N-Formilmethionina



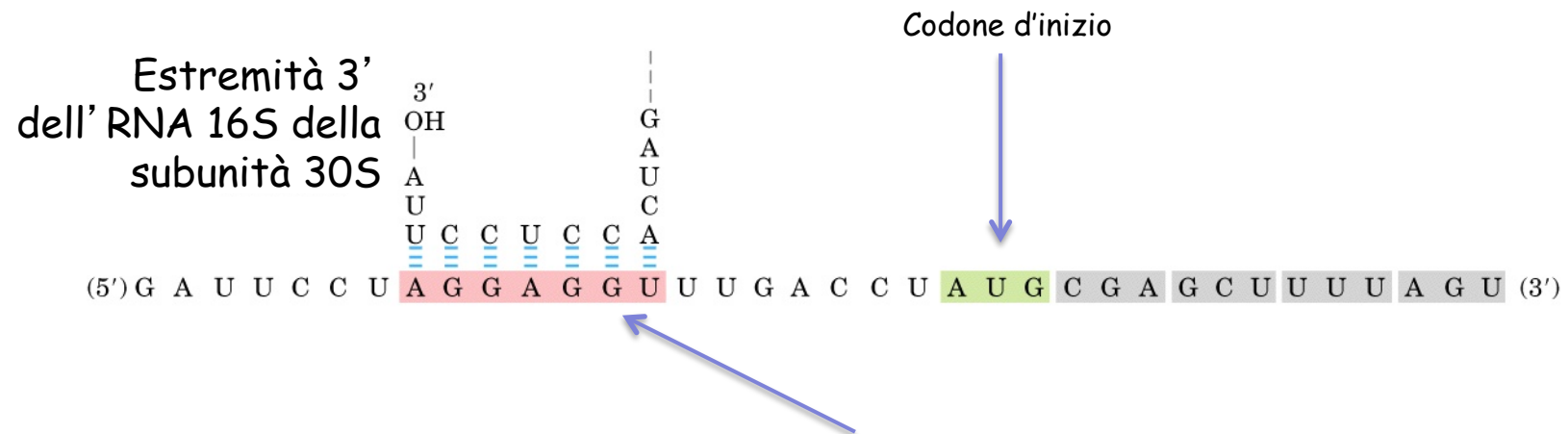
Fase d' inizio

A sito amminoacilico
 P sito peptidilico
 E sito di uscita



complesso d' inizio

Sequenza di Shine-Dalgarno

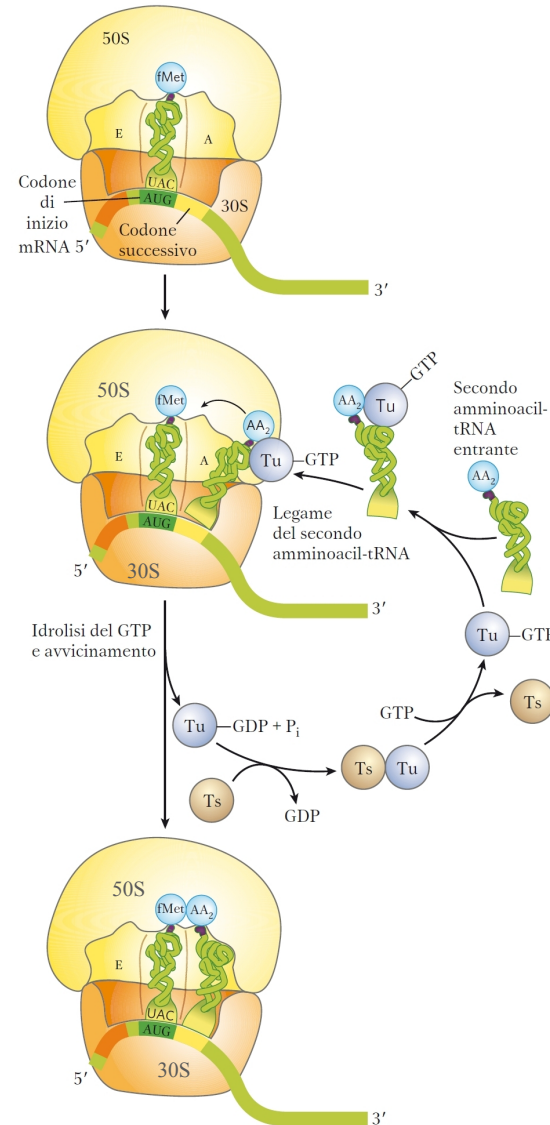


mRNA procariotico con una sequenza consenso del tipo Shine-Dalgarno (4-9 residui purinici)

Fase d' allungamento

1: legame dell' amminoacil-tRNA

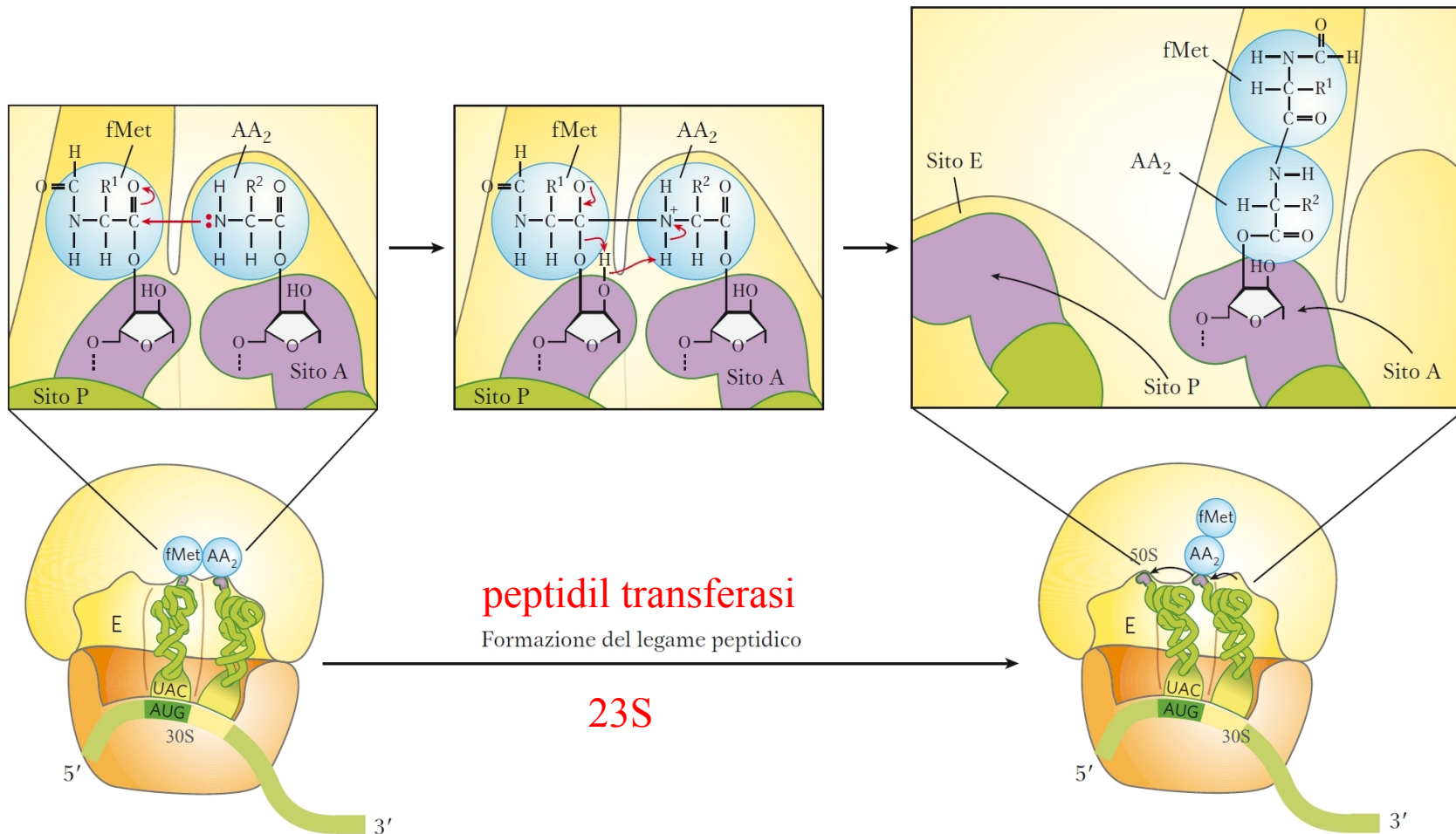
complesso
d' inizio



EF-Tu-GTP e EF-Tu-GDP restano legati alcuni millisecondi prima di dissociarsi svolgendo così una attività di proof-reading

Fase d' allungamento

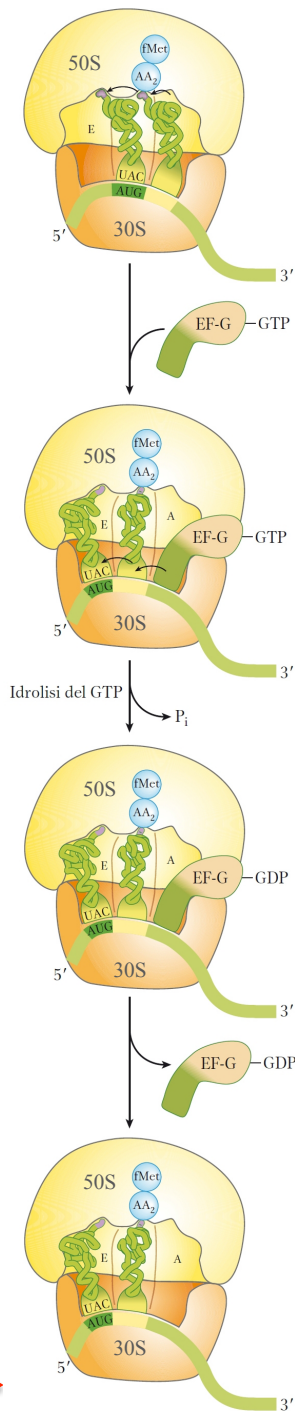
2: formazione di un legame peptidico



La peptidil transferasi è il ribozima 23 S

L' OH al 2' dell'adenosina 3' terminale si comporta da catalizzatore acido-base

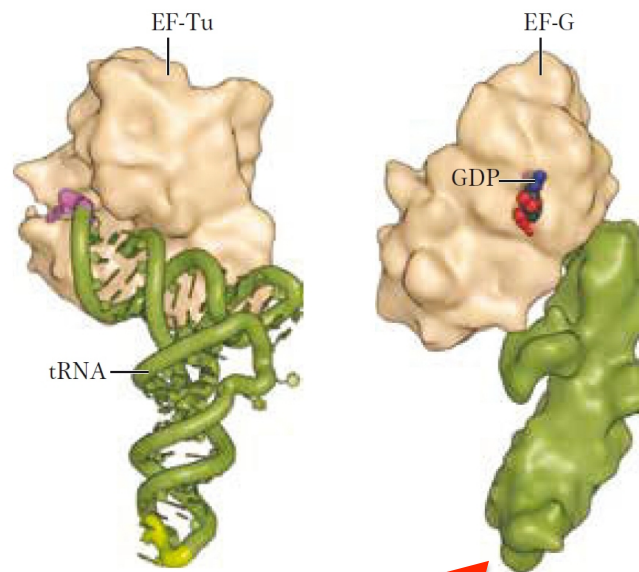
**Fase
d' allungamento
3: traslocazione**



Direzione del
movimento del
ribosoma

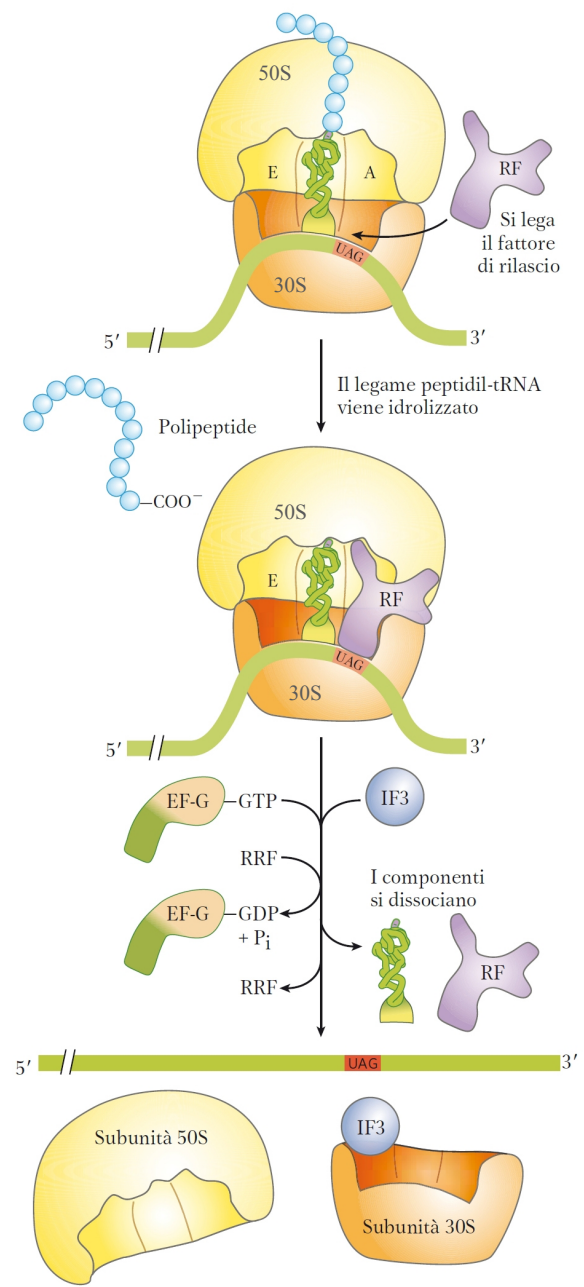


EF-G detto "traslocasi"



Estremità carbossiterminale simile
alla struttura dell'ansa dell'anticodone
del tRNA di EF-TU come forma e
come distribuzione di cariche

Fase di terminazione



RF-1 riconosce UAG e UAA
 RF-2 riconosce UGA e UAA

RRF: fattore di riciclo dei ribosomi