

**FLUSSO DELL'INFORMAZIONE E
REGOLAZIONE
DELL'ESPRESSIONE GENICA**

Il dogma centrale della Biologia

Duplicazione

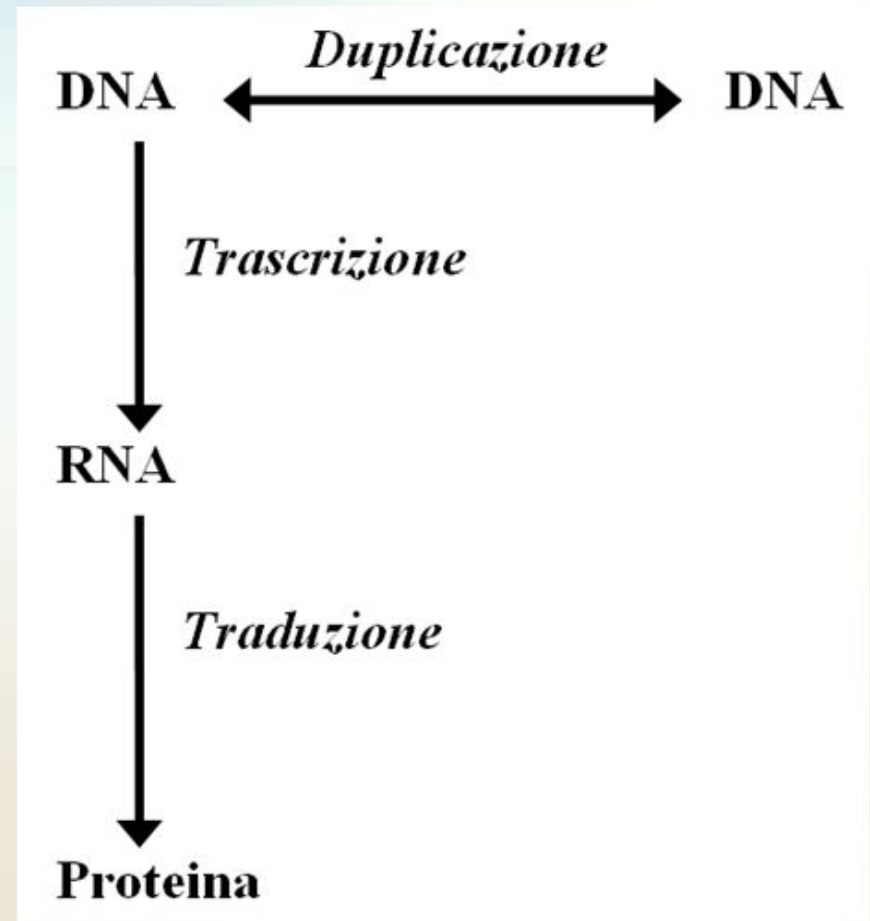
Porta alla formazione di nuove molecole di DNA e al trasferimento di materiale genetico.

Trascrizione

L'informazione contenuta nel DNA passa alle molecole di RNA.

Traduzione

Processo finale in cui dall'RNA si arriva alla sintesi delle proteine.



I COSTITUENTI DEGLI ACIDI NUCLEICI

DNA ed RNA sono polimeri di **nucleotidi** che sono costituiti da **basi puriniche** e **pirimidiniche** legate a **zuccheri fosforilati**.

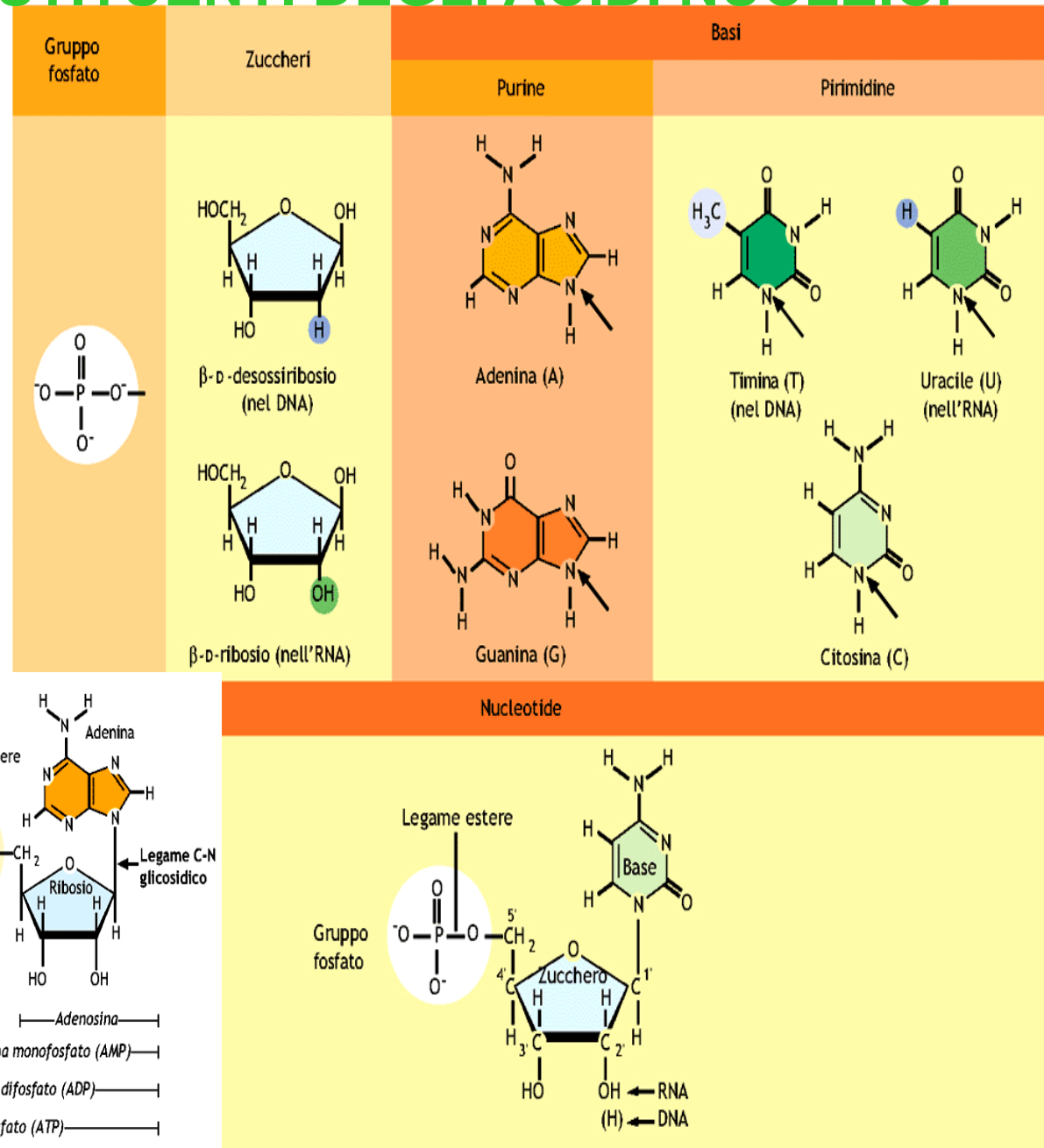
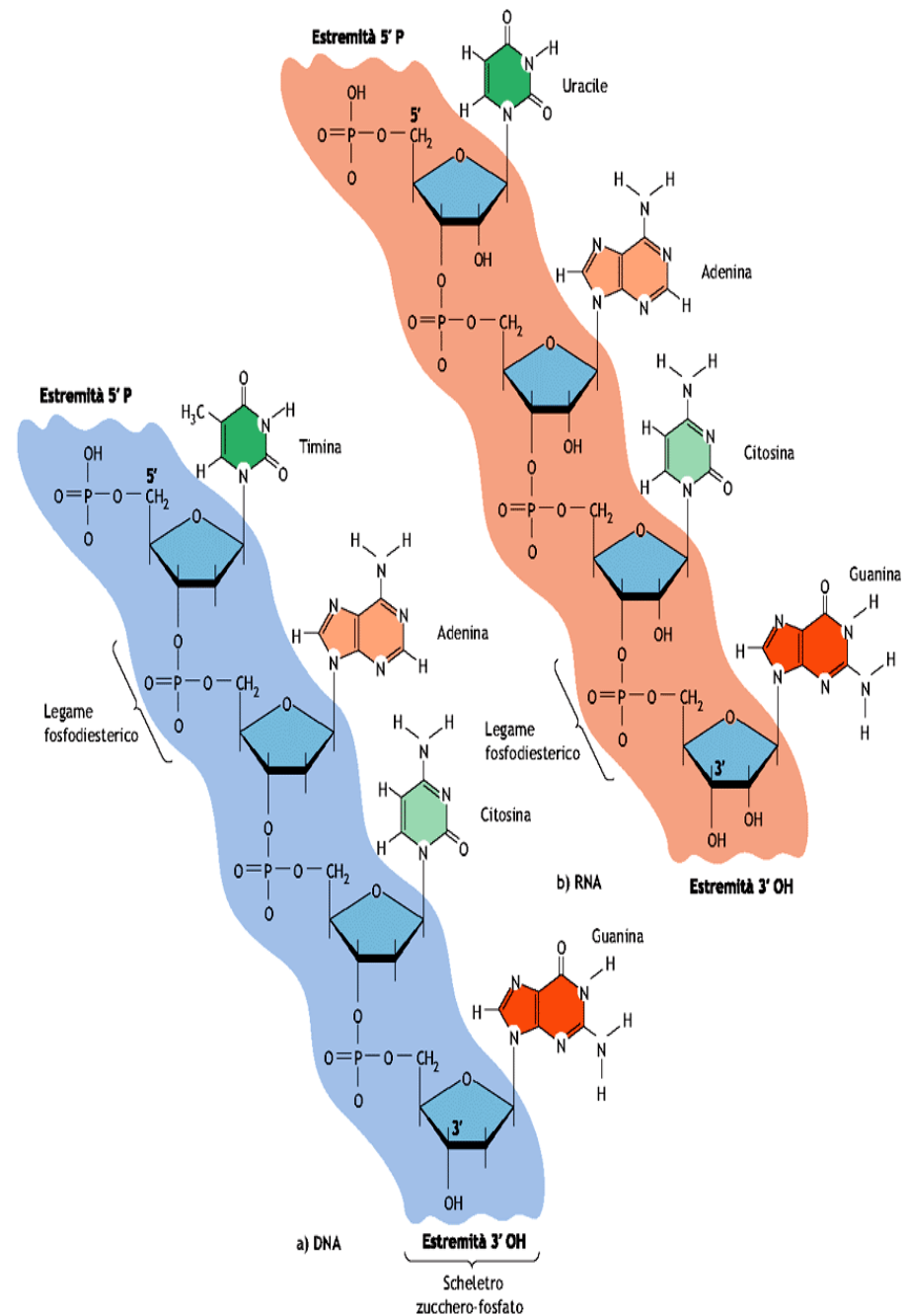


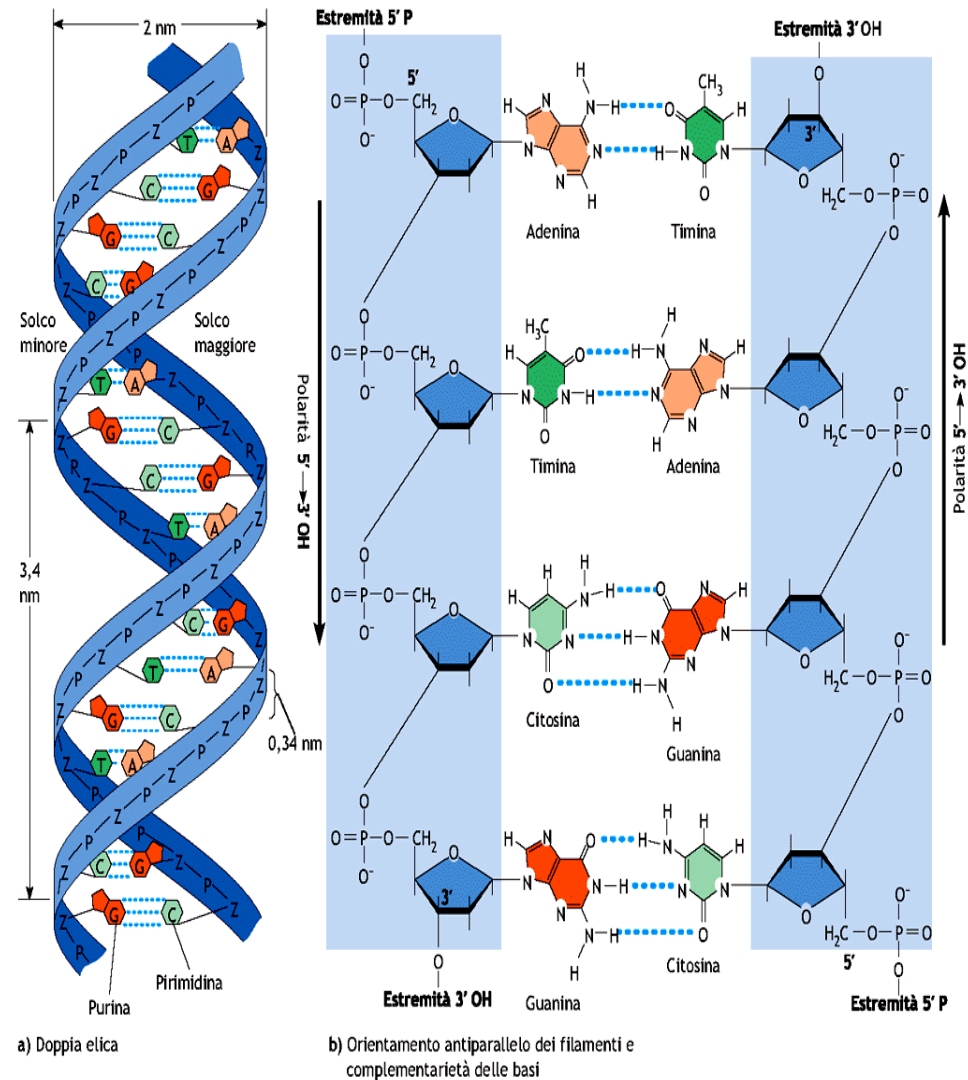
Figura 1.48 Elementi che costituiscono un nucleotide: gruppo fosfato; zucchero a 5 atomi di carbonio: D-ribosio (nell'RNA) o D-desossiribosio (nel DNA); basi azotate (le frecce indicano gli atomi di azoto impegnati nel legame con lo zucchero).

IL DNA ed RNA sono polimeri caratterizzati da una estremità con un gruppo fosfato libero (5' carbonio zucchero) ed un estremità con un OH libero (3' carbonio zucchero)



■ **Figura 1.50** Costruzione di una singola elica. Gli acidi nucleici sono costituiti da catene lineari di nucleotidi uniti fra loro grazie ad un ponte fosfodiesterico che si instaura tra l'estremità 3'OH del primo nucleotide e l'estremità 5'P del secondo. Un polinucleotide così costituito ha, per convenzione, una polarità 5'P → 3'OH. Sia nel DNA che nell'RNA, lo scheletro è rappresentato dal regolare alternarsi di molecole di zucchero e di acido fosforico, da cui sporgono le basi azotate.

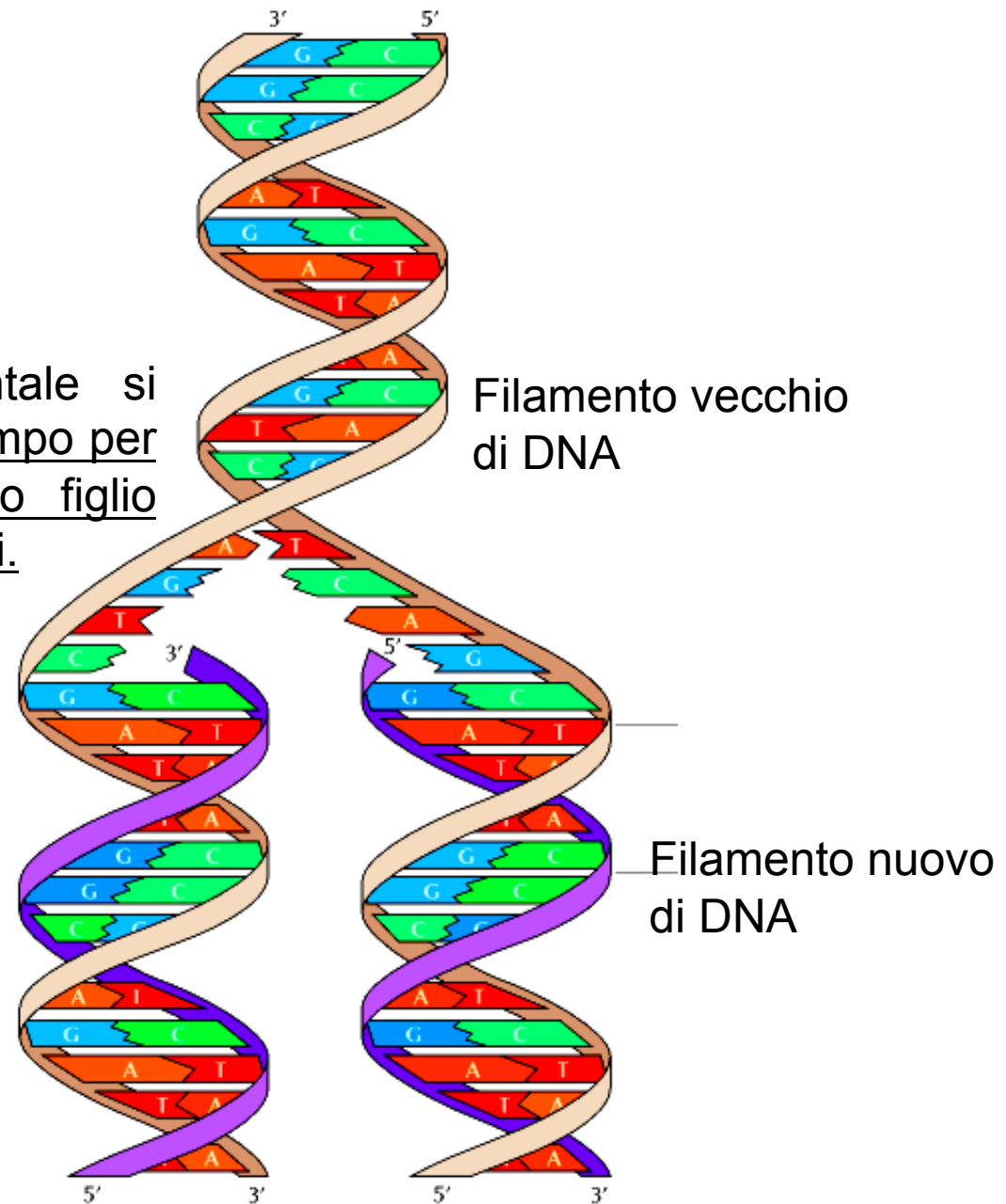
Il DNA è una doppia elica formata due filamenti appaiati secondo il principio di appaiamento delle basi complementari tra le basi azotate in cui le A si appaia a T con due legami idrogeni e G a C si appaiano con tre legami idrogeni.



■ **Figura 1.51** Le due eliche del DNA sono complementari e antiparallele. I legami idrogeno che si instaurano fra le basi complementari sono indicati dalle linee tratteggiate in blu. Gli accoppiamenti canonici nel DNA prevedono le coppie A=T e C=G. Nei tratti a doppia elica dell'RNA, la coppia A=T è sostituita dalla coppia A=U. Inoltre, le due eliche (che hanno polarità 5'P → 3'OH) decorrono in direzione opposta (antiparallelismo).

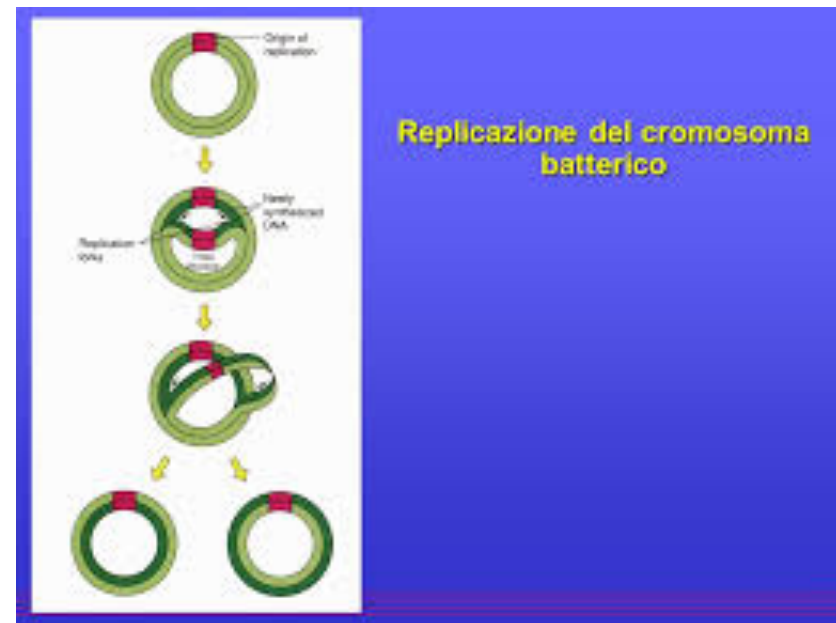
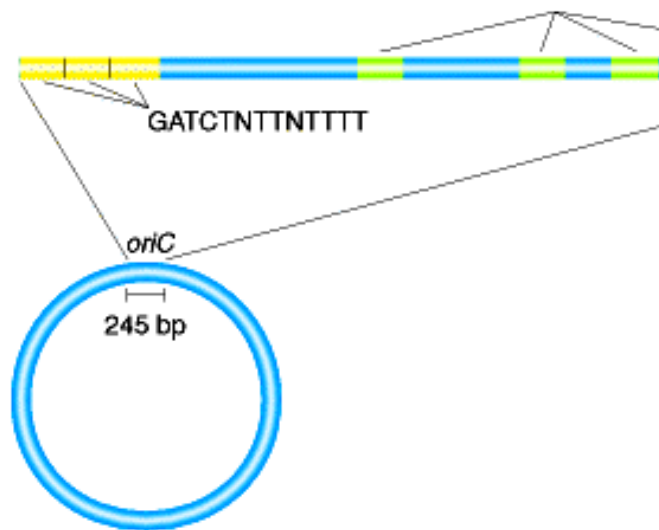
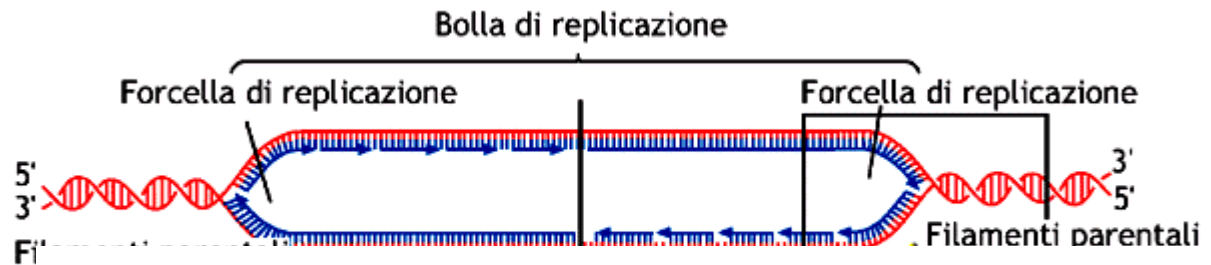
Replicazione del DNA avviene secondo una modalità di tipo semiconservativo

I due filamenti di DNA parentale si separano e ciascuno serve da stampo per la sintesi di un nuovo filamento figlio mediante accoppiamento delle basi.



Replicazione del DNA nei procarioti: Inizio

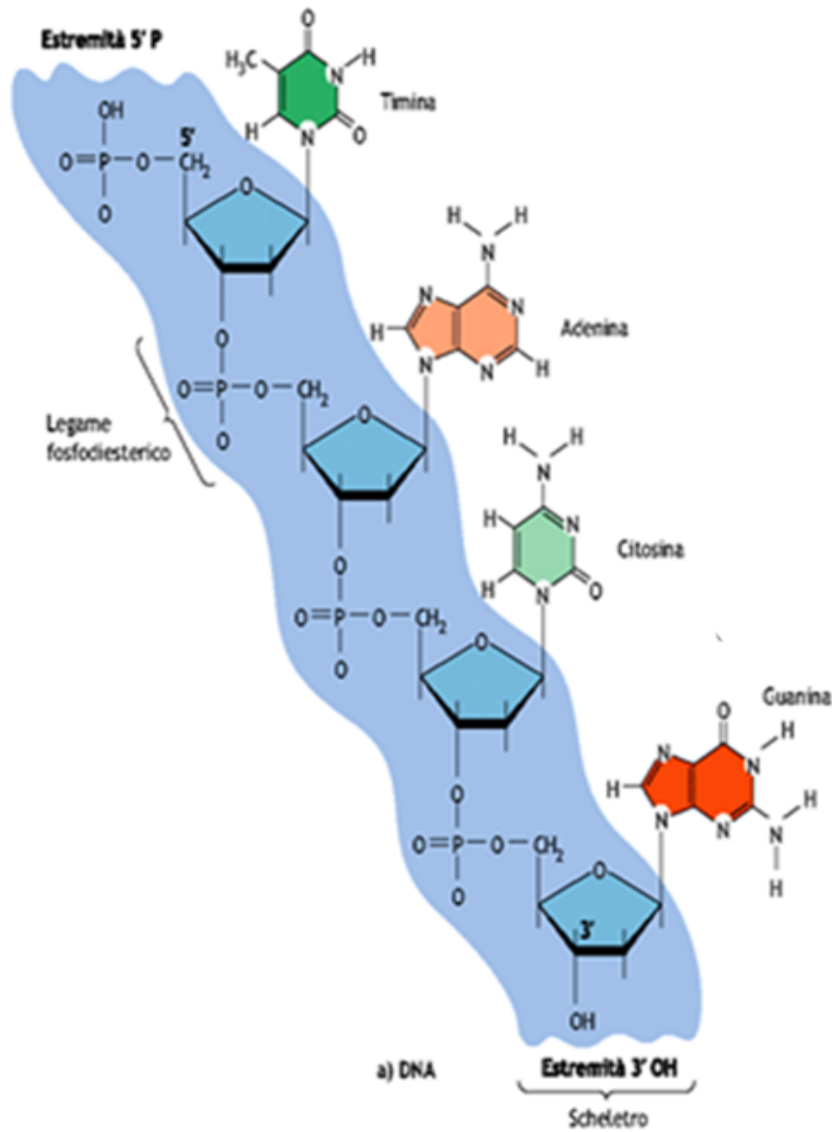
- Inizio della replicazione in **oriC** riconosciuta dalla proteina DnaA e procede nelle due direzioni opposte fino al completamento della sintesi dei nuovi filamenti.
- L'interazione richiama l'**elicasi** in un sito adiacente ricco di AT interazione **necessaria per apertura della doppia elica**.



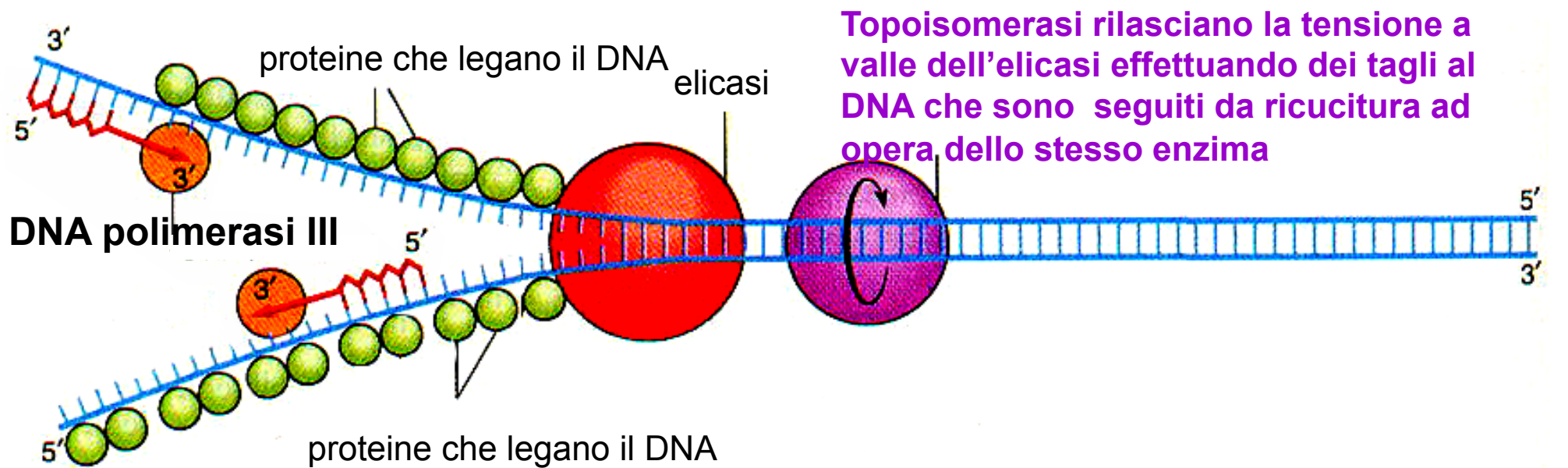
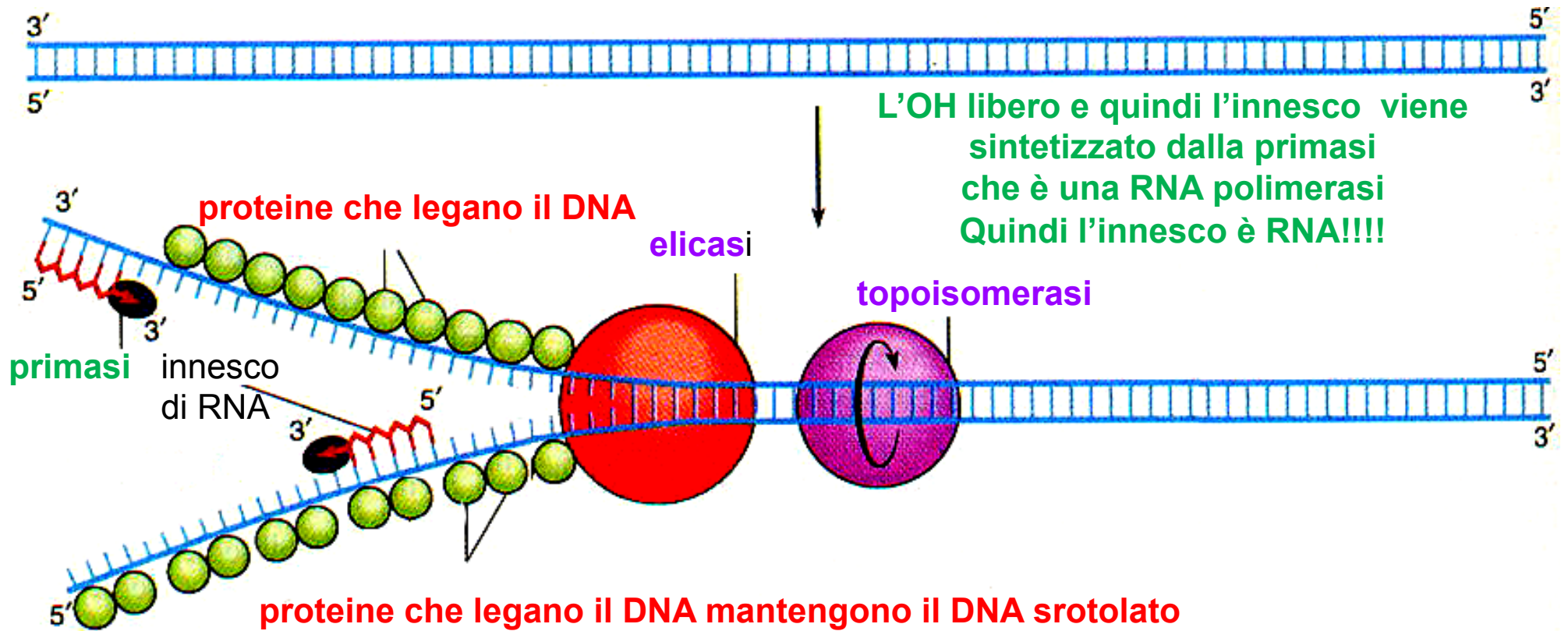
La DNA polimerasi catalizza la sintesi di un nuovo filamento di DNA

DNA Polimerasi procariotiche ed eucariotiche			
Enzimi	Direzione della sintesi	Attività esonucleasica	Funzioni possibili
Procariotici			
Polimerasi I	5' → 3'	5' → 3' 3' → 5'	riempimento dei “gap” lasciati dalla rimozione dell’innesco; riparazione del DNA
Polimerasi II	5' → 3'	3' → 5'	riempimento dei “gap” lasciati dalla rimozione dell’innesco; riparazione del DNA
<u>Polimerasi III</u>	5' → 3'	3' → 5'	enzima principale della replicazione
Eucariotici			
<u>Polimerasi α</u>	5' → 3'	5' → 3'	enzima principale della replicazione (con la Polimerasi δ); riparazione del DNA
Polimerasi β	5' → 3'	nessuna	riparazione del DNA
Polimerasi γ	5' → 3'	3' → 5'	enzima principale della repl. nei mitocondri e cloroplasti
<u>Polimerasi δ</u>	5' → 3'	3' → 5'	enzima principale della replicazione (con la Polimerasi α)
Polimerasi ε (epsilon)		5' → 3'	3' → 5' riparazione del DNA; può cooperare con le Polimerasi α e δ nei meccanismi principali della replicazione

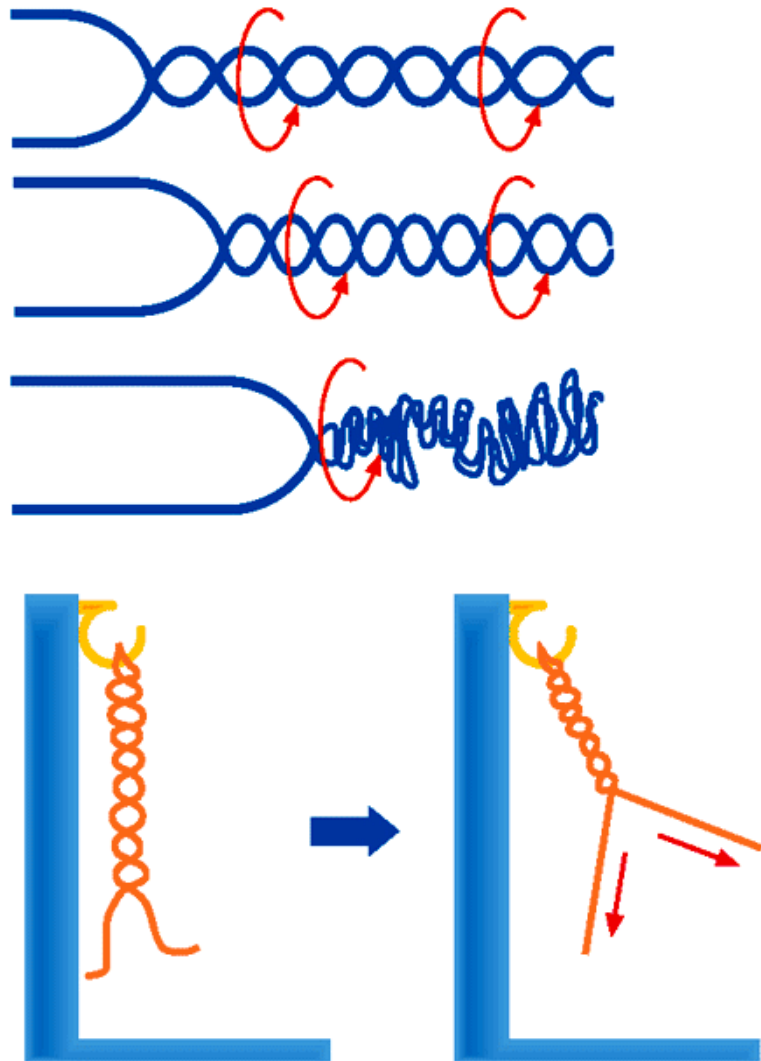
Tutte le DNA polimerasi note hanno due proprietà fondamentali in comune che hanno implicazioni fondamentali per la replicazione del DNA:



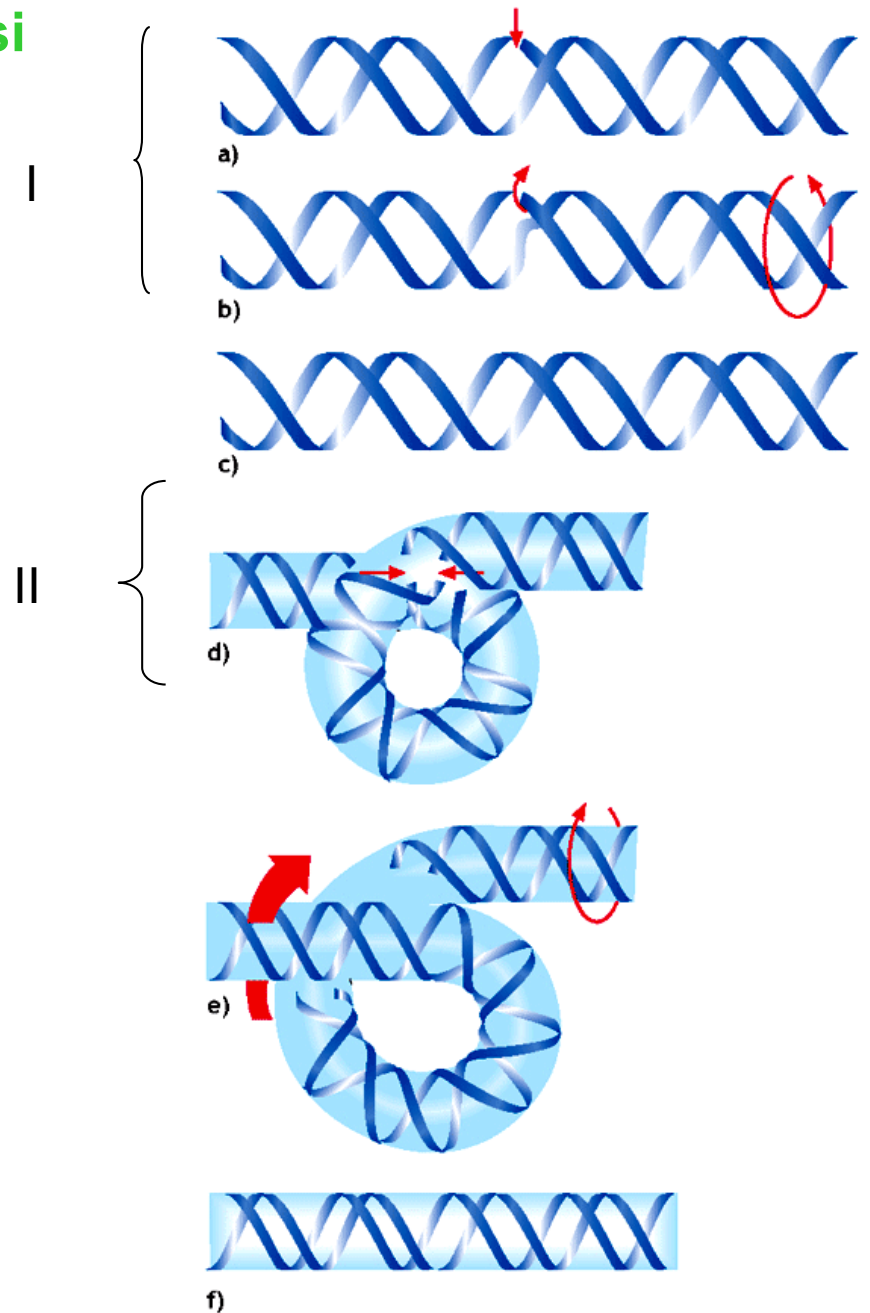
1. Tutte le polimerasi **sintetizzano DNA soltanto in direzione 5'-3'**, aggiungendo dNTP **al gruppo 3'** ossidrilico di una catena in crescita.
2. Le DNA polimerasi possono aggiungere un nuovo deossiribonucleotide soltanto ad un filamento primer preformato che forma legami idrogeno con lo stampo e **non sono capaci di iniziare la sintesi di DNA catalizzando la polimerizzazione di dNTP liberi.**



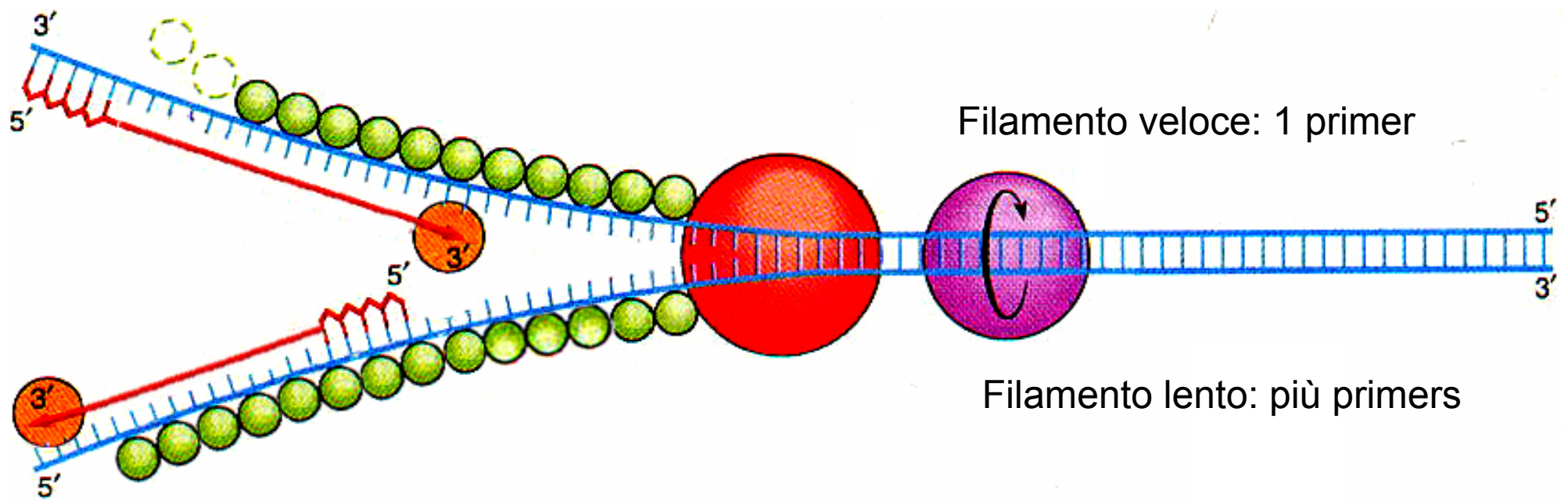
Replicazione del DNA:topoisomerasi



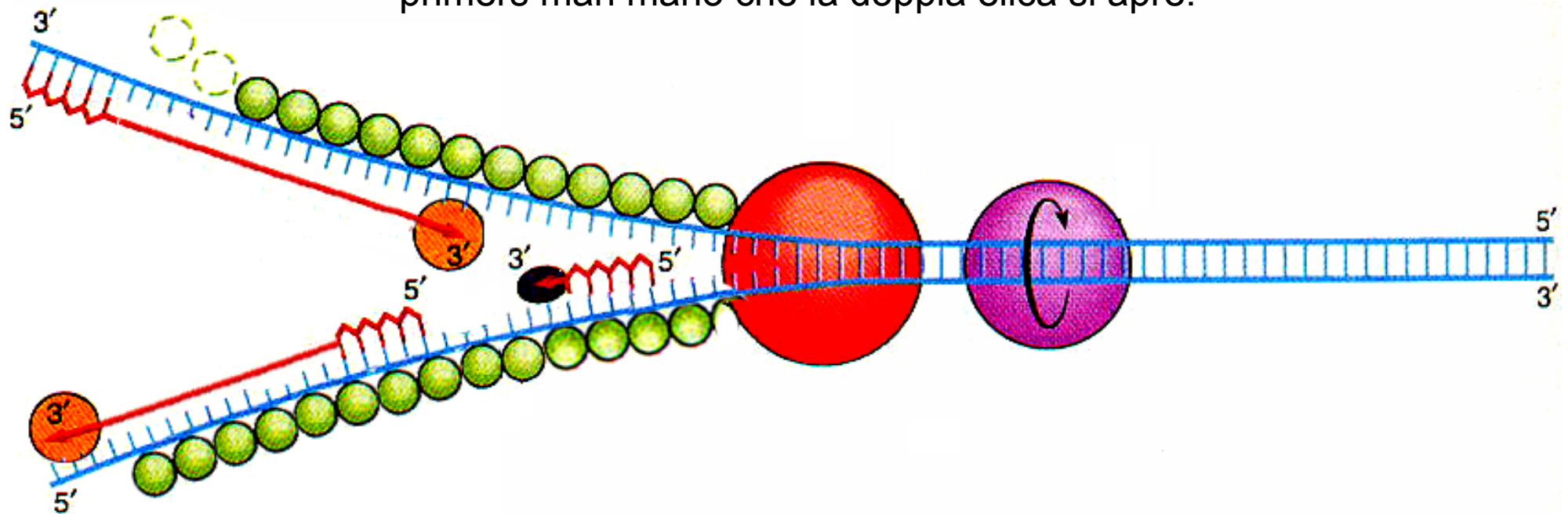
■ **Figura 4.6** Il procedere della forcella di replicazione provoca un movimento di torsione della molecola del DNA e quindi il suo superavvolgimento come quando si vuole svolgere una corda a due capi con una delle estremità attaccata ad un uncino.



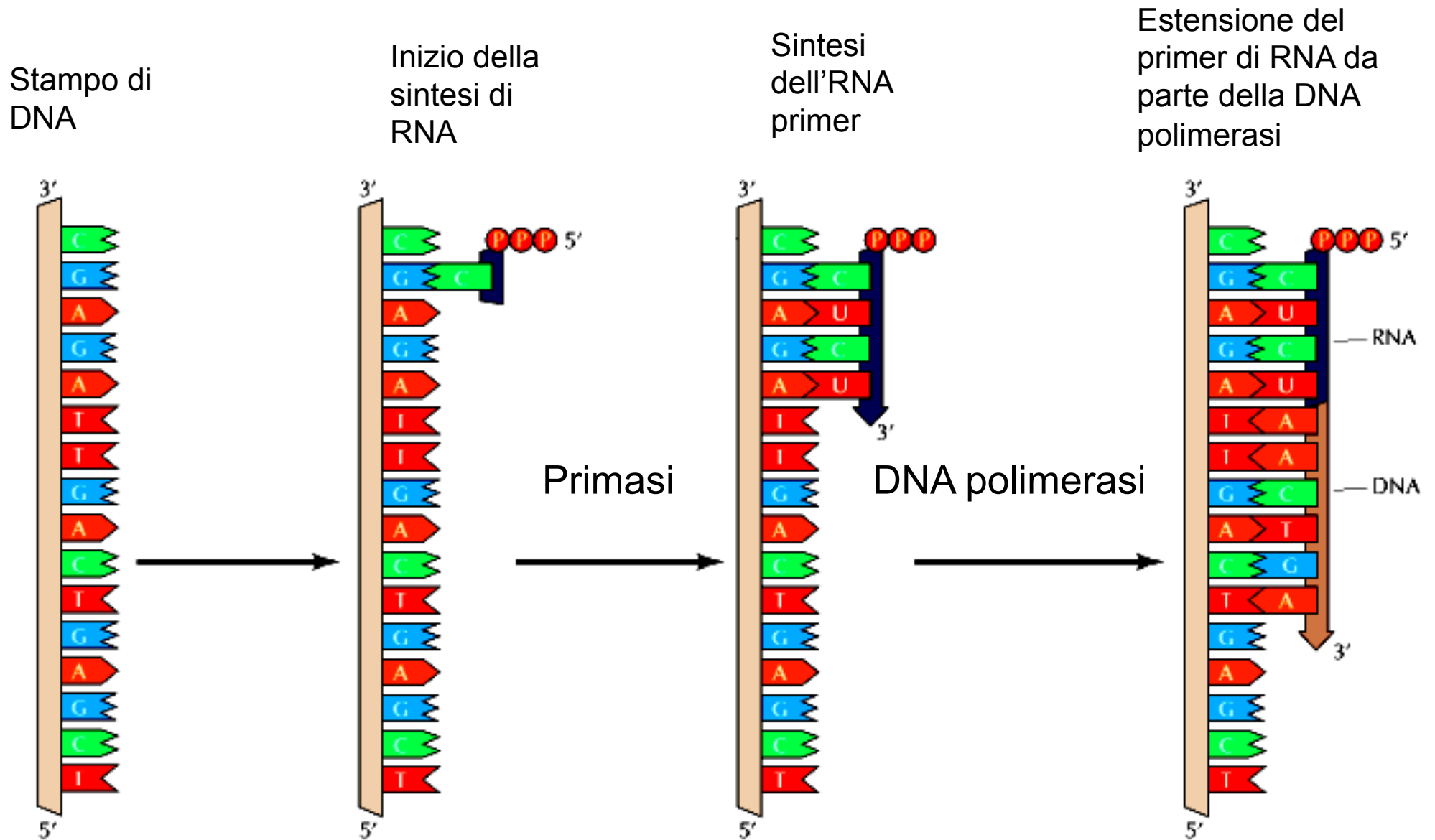
■ **Figura 4.7** (a-b-c) L'azione della topoisomerasi I: l'enzima introduce un singolo taglio, in seguito la molecola viene risaldata. (d-e-f) L'azione della topoisomerasi II: l'enzima introduce una rottura in entrambi i filamenti, in seguito la molecola viene risaldata.



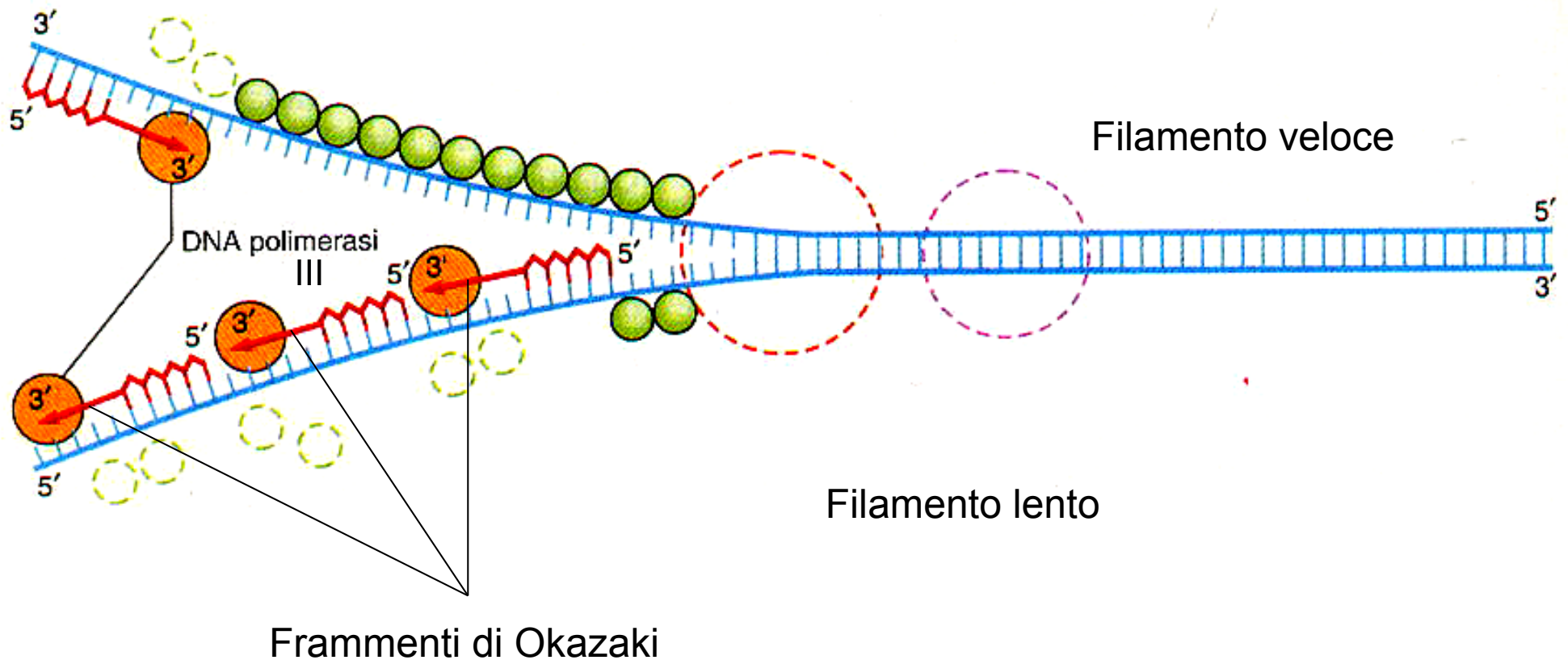
Il filamento veloce o leading e il filamento lento o lagging vengono sintetizzati con diverse velocità perchè nel lagging è necessaria la sintesi di nuovi primers man mano che la doppia elica si apre.



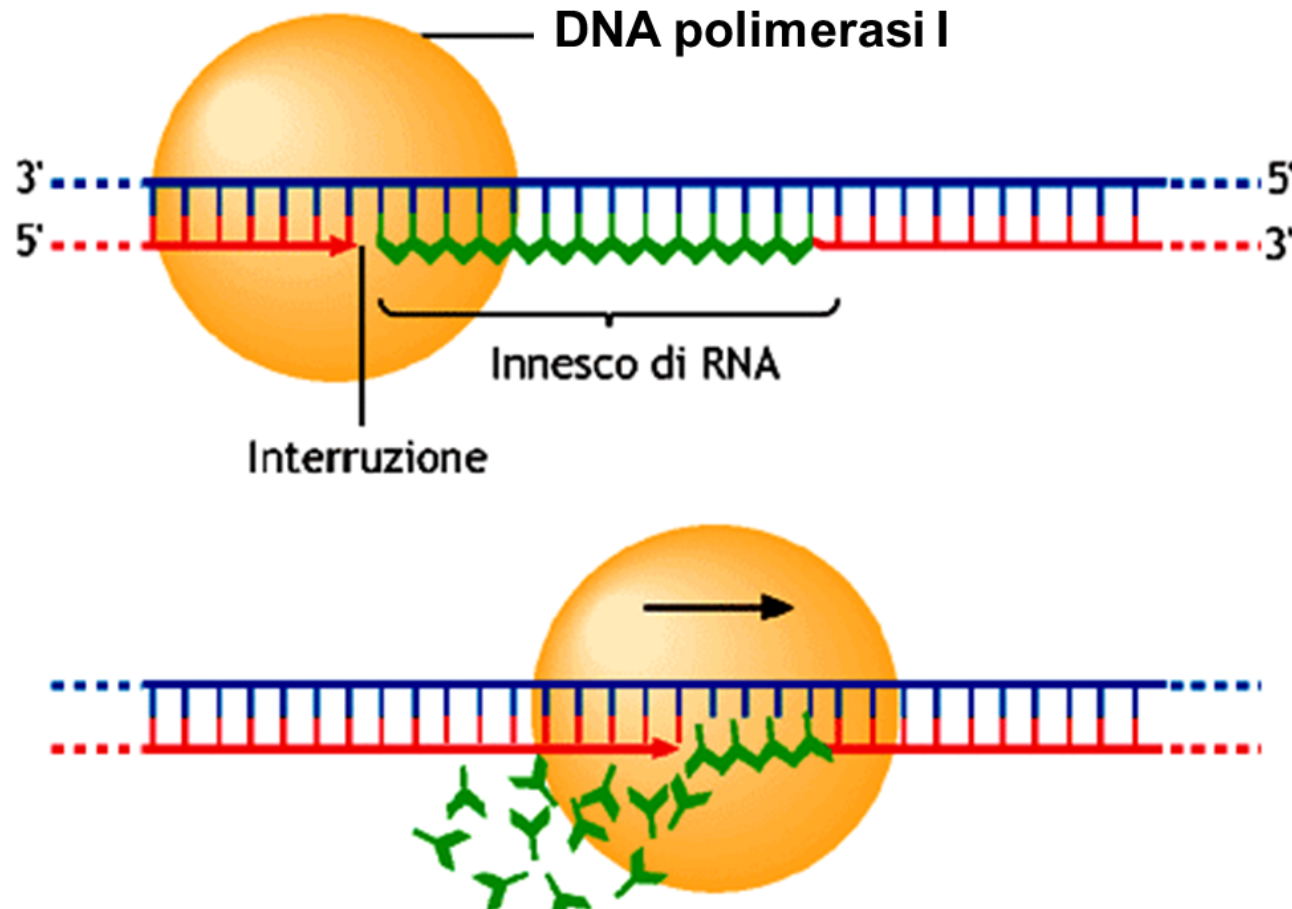
Quando il DNA si srotola, **la DNA primasi sintetizza un breve innesco di RNA** composto da circa **5-10 nucleotidi**



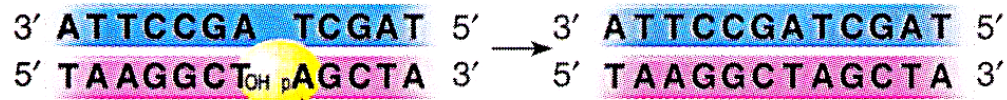
I corti inneschi di DNA sono utilizzati come punto di partenza per la replicazione da parte della DNA polimerasi III. I filamenti di nuova sintesi sul filamento lento sono chiamati **frammenti di Okazaki**.



Rimozione dei primers: Dopo aver svolto la loro funzione gli inneschi vengono rimossi da parte della DNA polimerasi I che ha attività esonucleasica 5'-3' e i "gap" (spazi) lasciati dalle rimozioni vengono riempiti dalla stessa polimerasi.



La DNA ligasi salda le interruzioni sul filamento neoformato

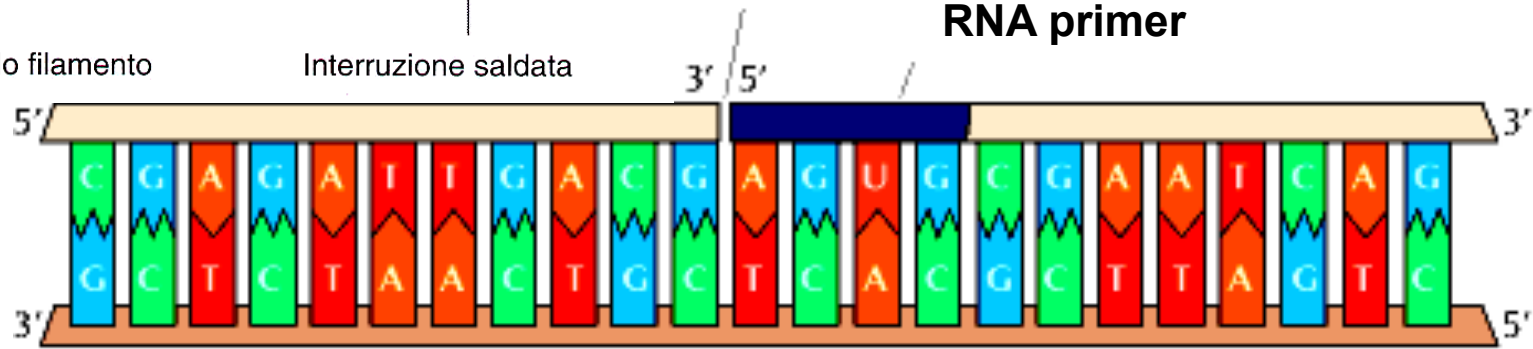


DNA ligasi

Interruzione a singolo filamento

Interruzione saldata

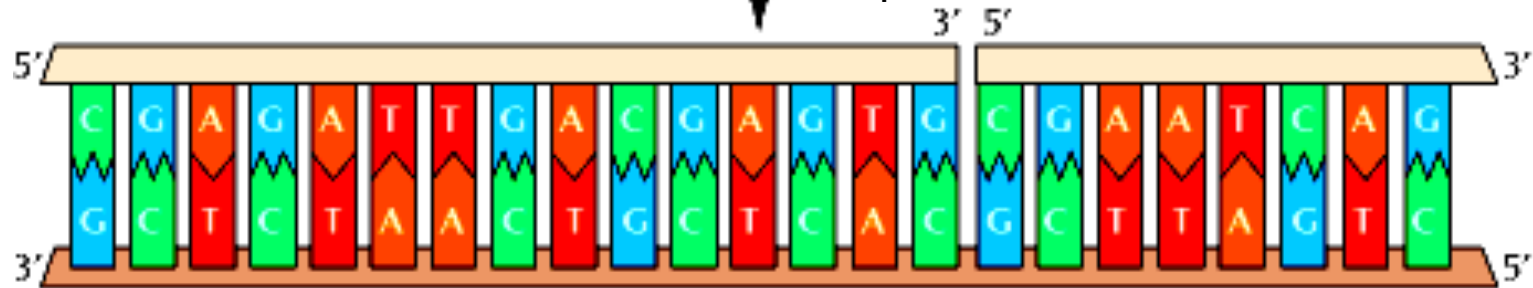
RNA primer



Polimerasi I

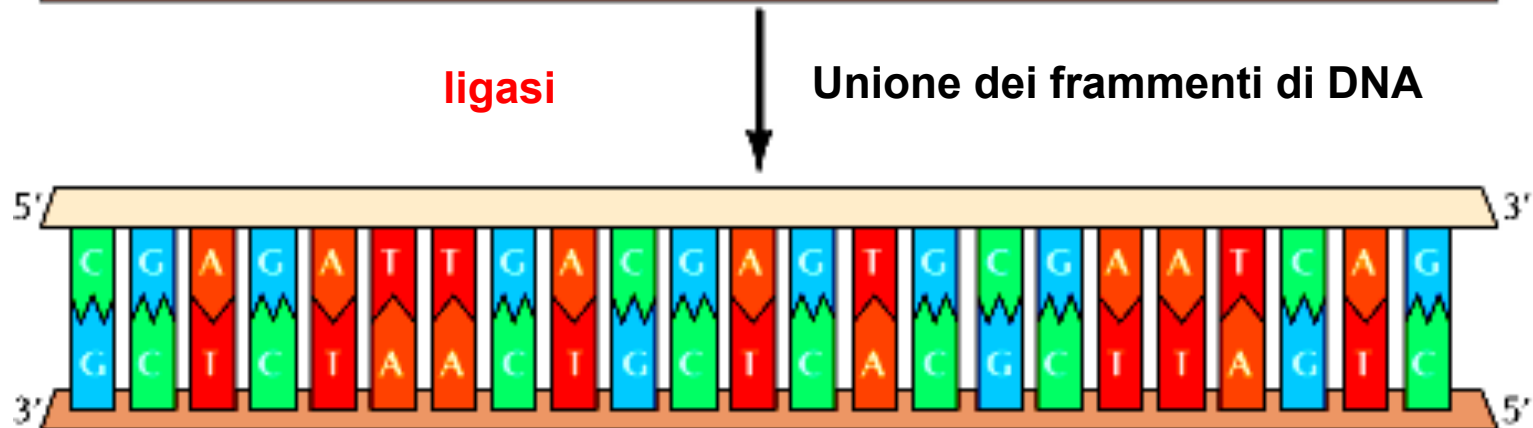
Rimozione dell'RNA da parte dell'esonucleasi 5'-3'

Riempimento dell'interruzione con DNA



ligasi

Unione dei frammenti di DNA



Enzimi coinvolti della duplicazione del DNA (batteri)

- Elicasi
- Topoisomerasi
- Primasi
- Polimerasi III
- Polimerasi I
- Ligasi

Differenze nella replicazione del DNA negli eucarioti

1) A causa delle dimensioni diverse del DNA ci sono più forcelle di replicazione

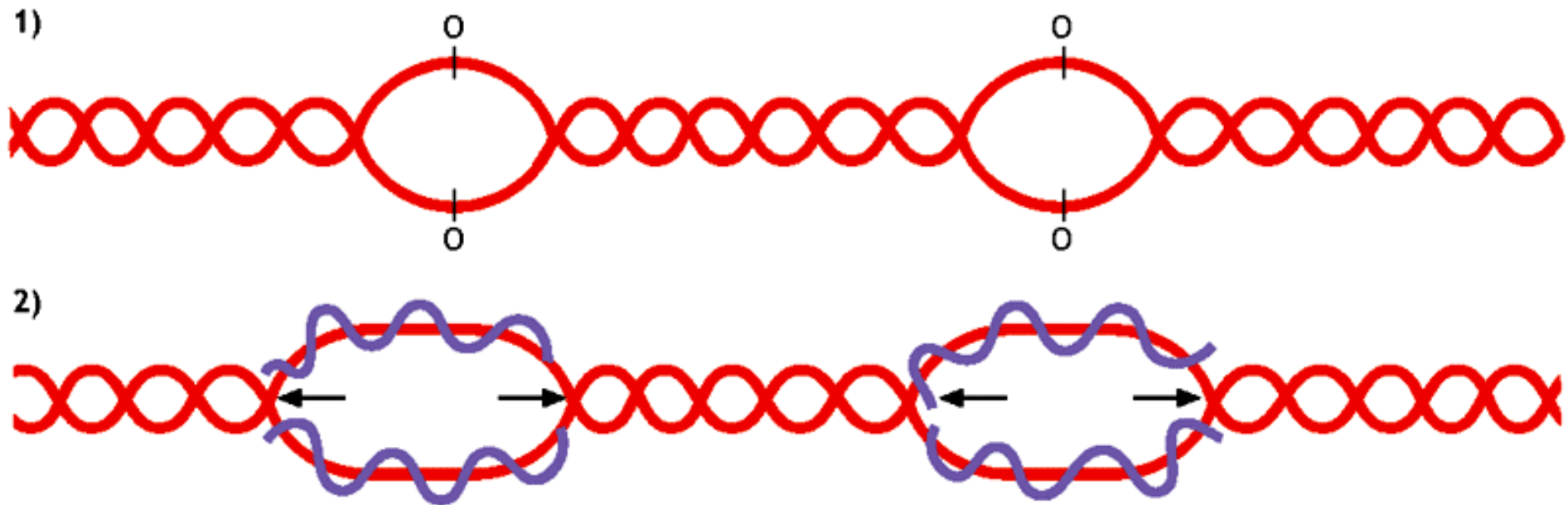


Figura 4.14 Replicazione del cromosoma degli eucarioti mediante molteplici forcelle di replicazione. **1)** In punti diversi del cromosoma, distanti circa 30.000-40.000 paia di basi, in corrispondenza delle origini di replicazione (O) si aprono i due filamenti, formando le “bolle di replicazione”. **2)** Si formano due forcelle di replicazione che procedono in senso centrifugo rispetto all’origine di replicazione, fino ad incontrarsi.

2. Le DNA polimerasi coinvolte sono la alfa e la delta

■ **Figura 4.15 Sintesi di frammenti di Okazaki sulla lagging chain.** La leading chain è sintetizzata in modo continuo dal PCNA e dalla polimerasi δ (omesso per semplicità della figura).

Formazione del primer e sintesi di DNA

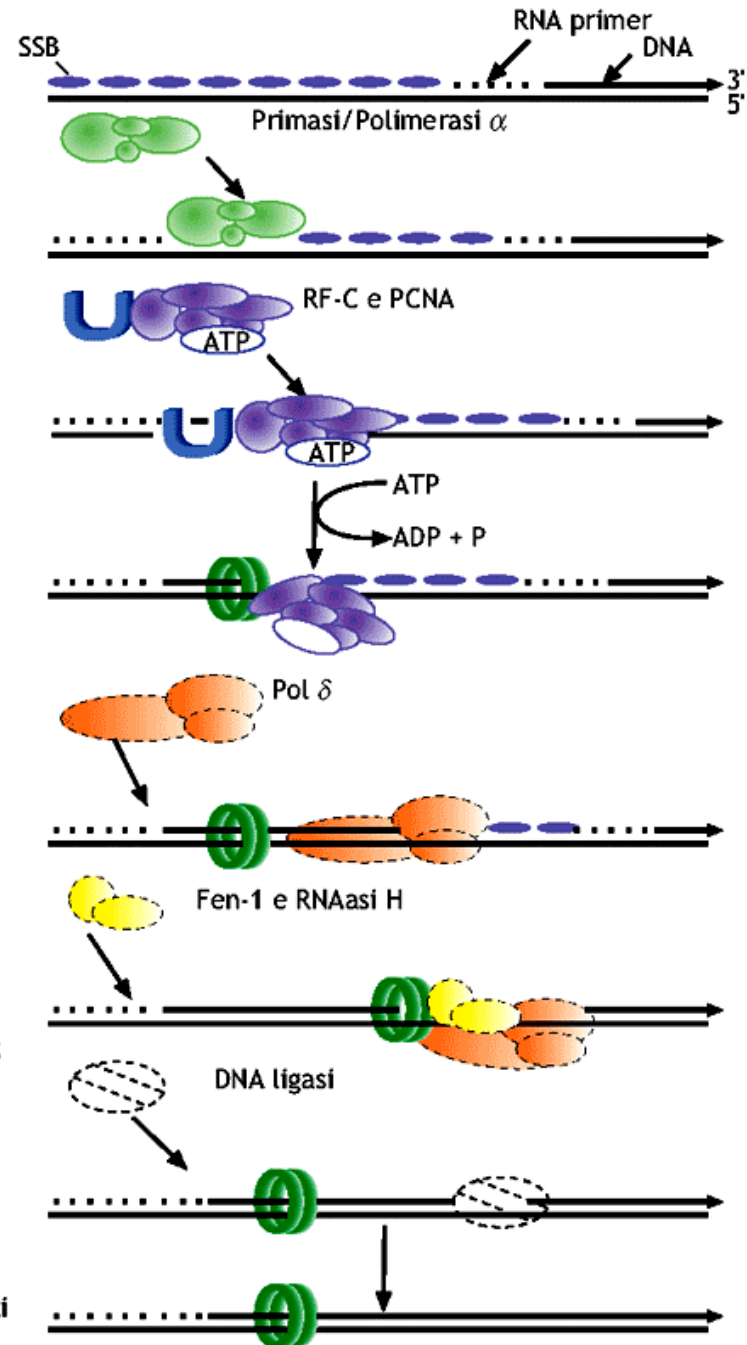
Il complesso primasi/polimerasi viene spiazzato dal PCNA

Assemblaggio del PCNA intorno al primer

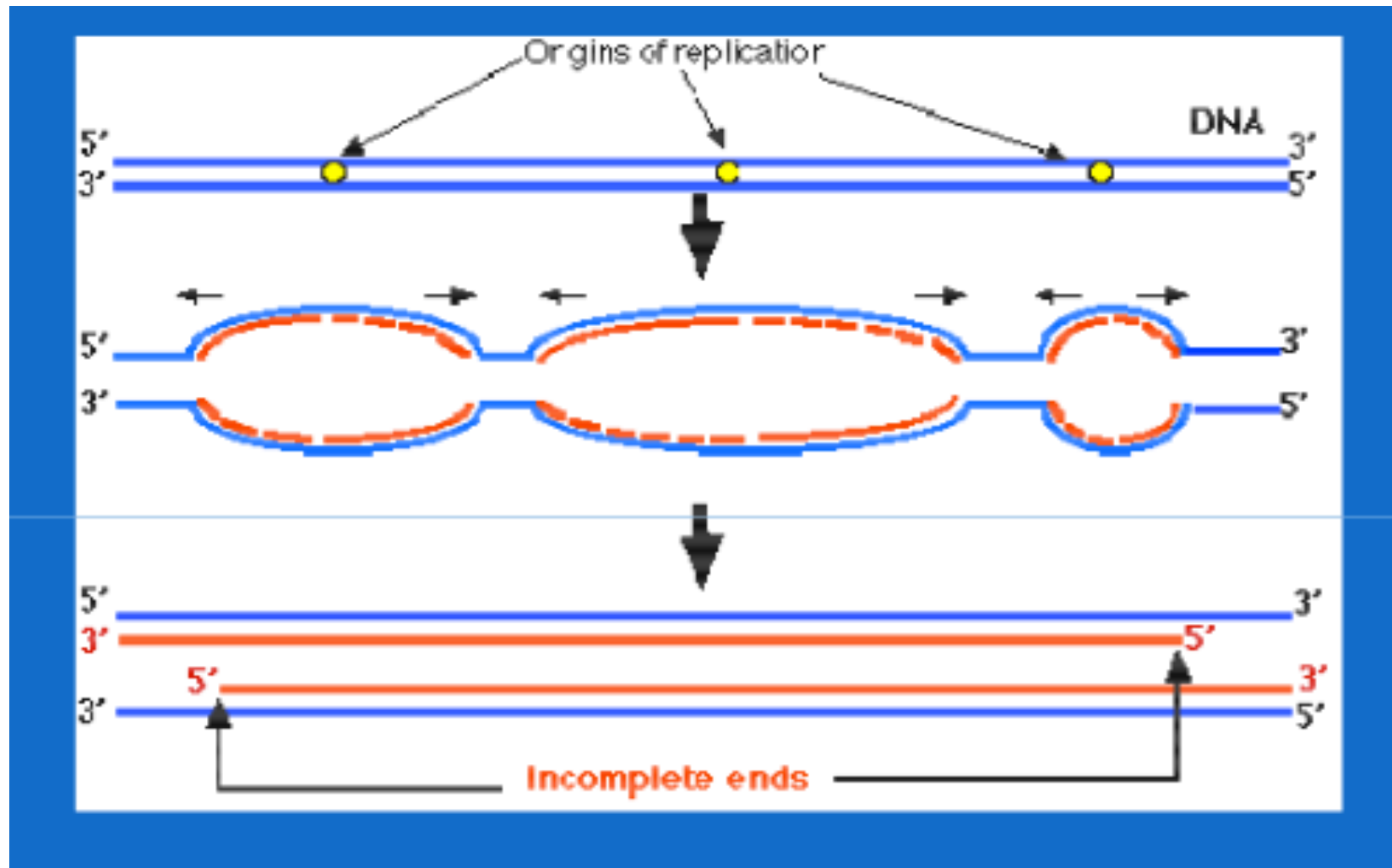
Legame della polimerasi δ e sintesi del DNA

Rimozione dell'RNA primer da parte di Fen-1 e dell'RNAasi H; il vuoto lasciato dal primer viene riempito

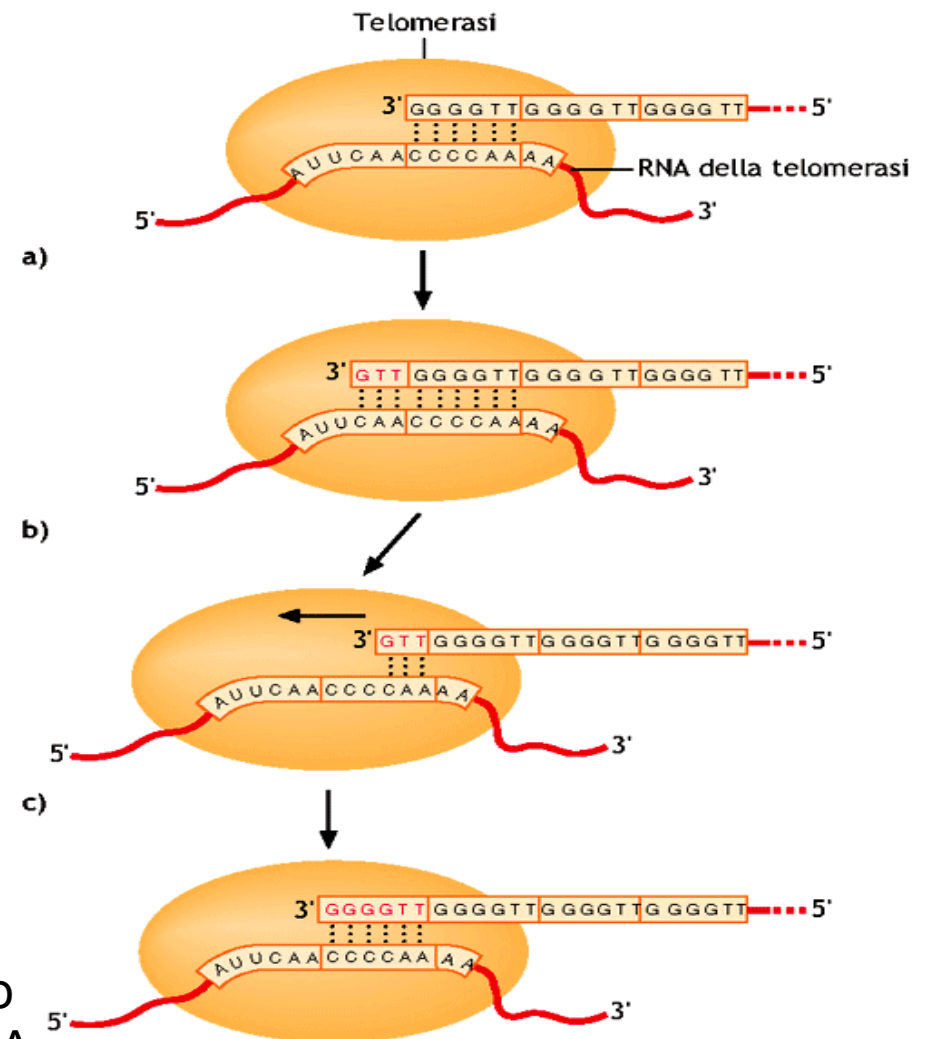
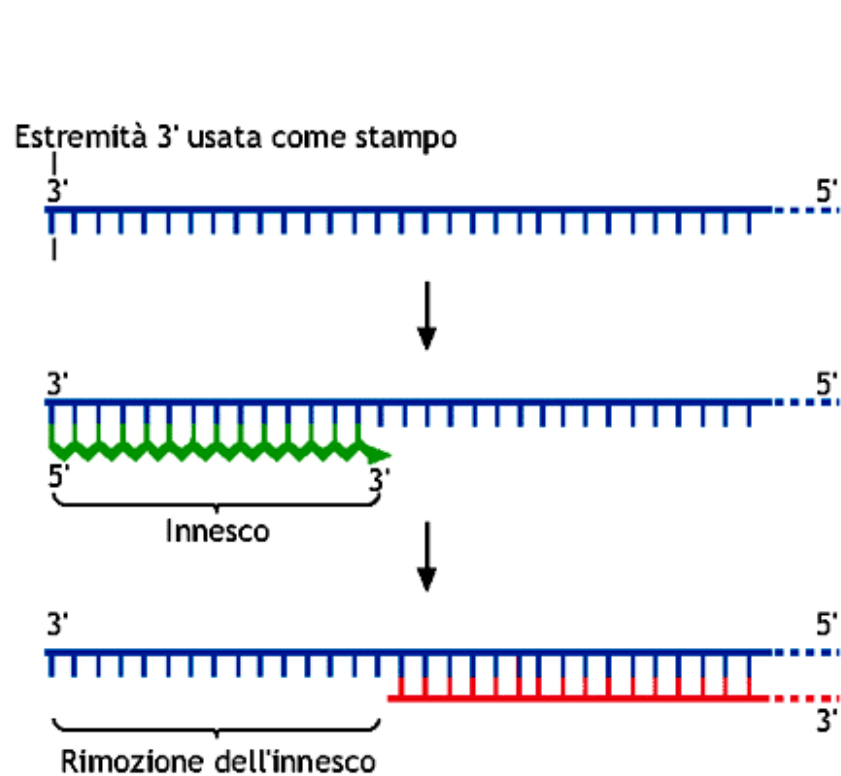
Congiungimento dei frammenti da parte della ligasi



Problema negli eucarioti: l'accorciamento del filamento lento dovuta alla linearità dei cromosomi negli eucarioti



3. La telomerasi previene l'accorciamento del filamento lento dovuta alla linearità dei cromosomi negli eucarioti



La telomerasi è costituita da

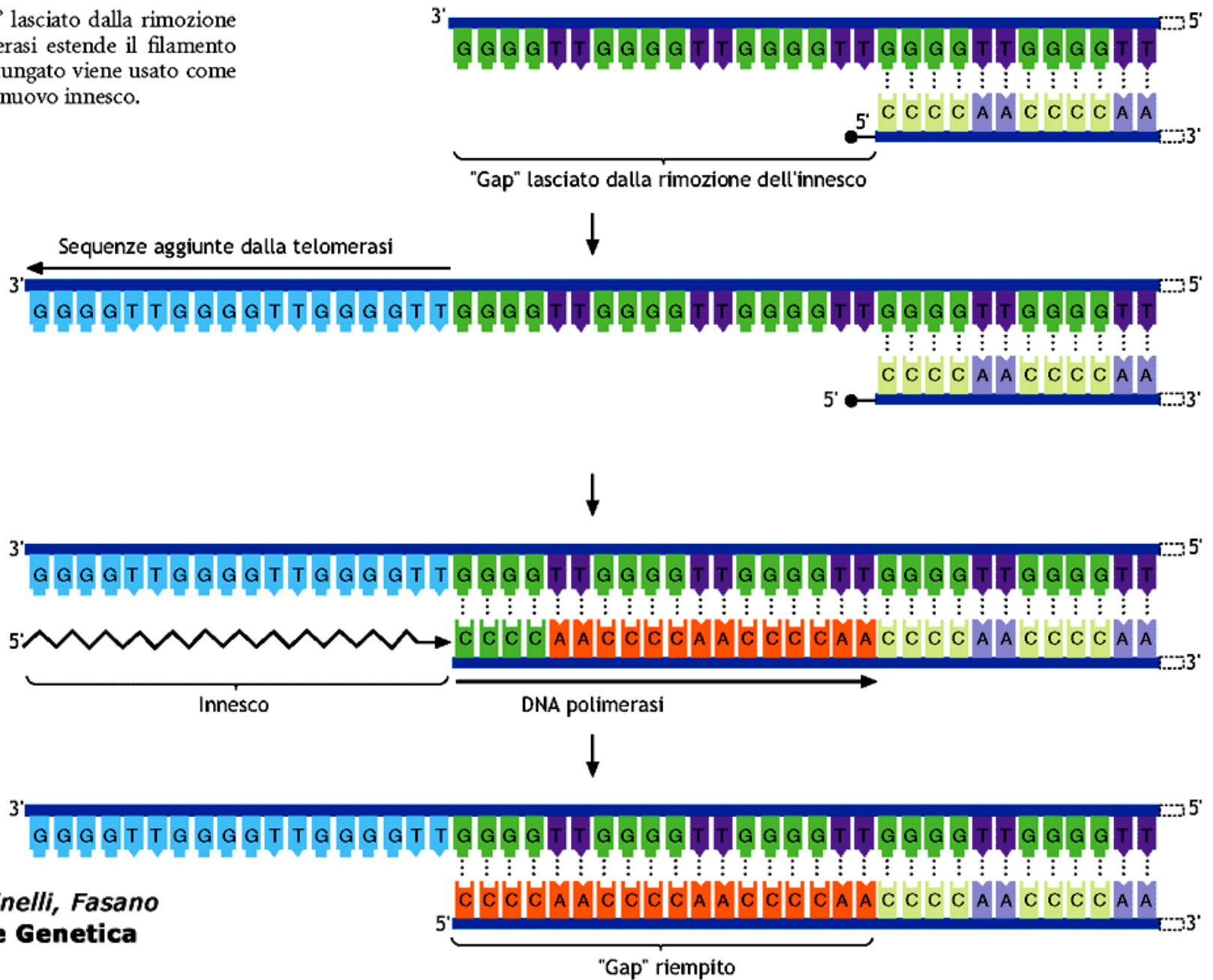
- 1) un RNA complementare al filamento singolo
- 2) da trascrittasi inversa che lo copia in DNA, allungando così il filamento singolo

Figura 4.19 La componente TERC (RNA) della telomerasi serve da stampo per la sintesi del DNA telomerico. (a) RNA della telomerasi lega la sequenza telomerica e (b) vengono subito aggiunti tre nucleotidi di DNA, TTG, usando come stampo la molecola di RNA. La telomerasi, poi, scivola verso la fine della sequenza telomerica (c) in modo che le sue triplette AAC si appaiano con le triplette TTG neosintetizzate. (d) Il ciclo di allungamento continua.

Replicazione del DNA

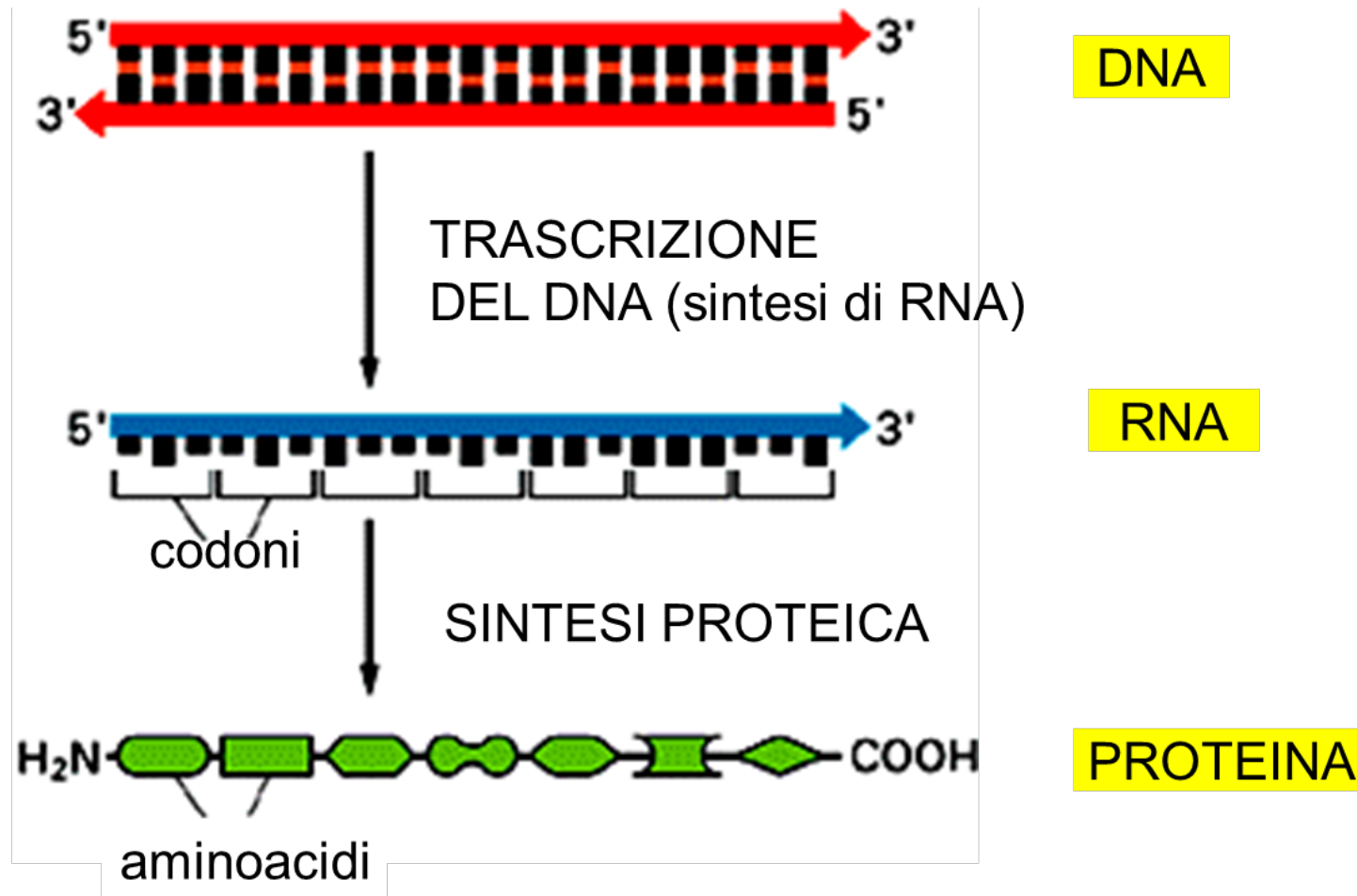
Negli eucarioti

Figura 4.18 **a)** "Gap" lasciato dalla rimozione dell'innesco. **b)** La telomerasi estende il filamento stampo. **c)** Il filamento allungato viene usato come stampo. **d)** Rimozione del nuovo innesco.



Caratteristiche generali della trascrizione

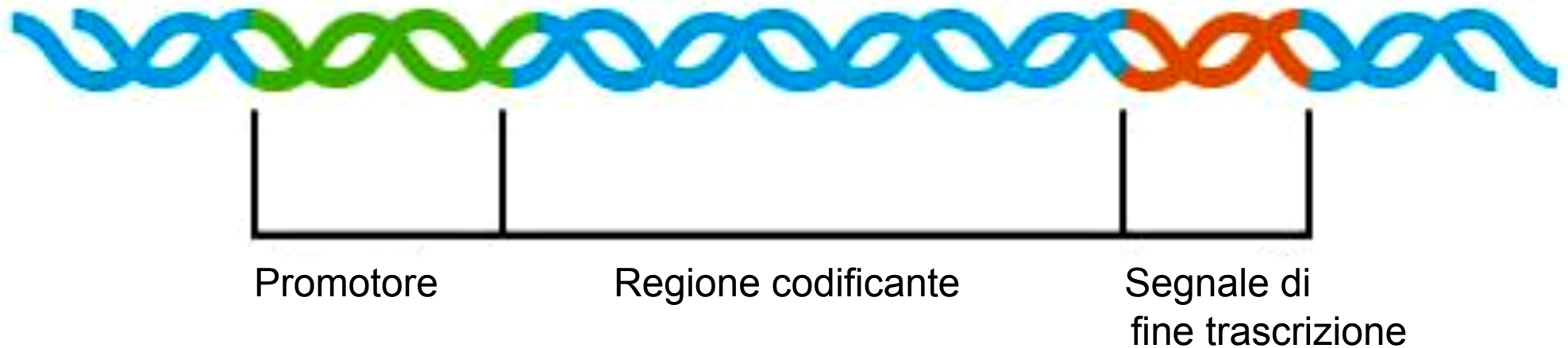
La trascrizione, cioè la formazione di uno specifico RNA a partire da uno specifico DNA, richiede uno stampo di DNA, i corretti ribonucleotidi trifosfati (ATP, GTP, CTP e UTP) che fanno da substrato e un enzima chiamato RNA polimerasi. La trascrizione non produce soltanto mRNA; questo stesso processo è responsabile della sintesi del tRNA e dell'RNA ribosomiale (rRNA). Come i peptidi, anche tutti questi RNA sono codificati da geni specifici



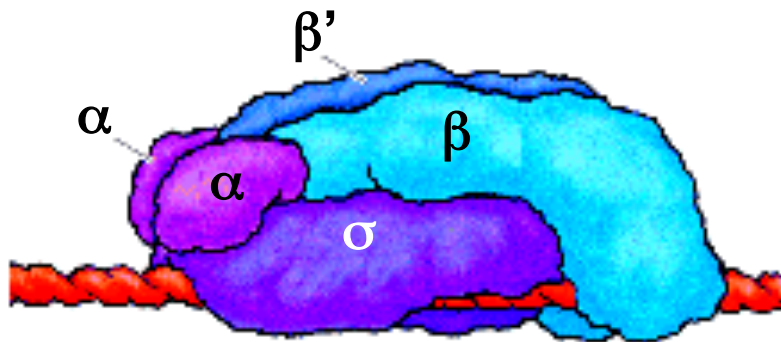
IL GENE

Il primo passaggio della lettura di una parte necessaria delle istruzioni genetiche di una cellula è quello di copiare una porzione particolare della sequenza nucleotidica del suo DNA – un gene – in una sequenza nucleotidica di RNA. L'informazione del DNA, anche se copiata in un'altra forma chimica, è ancora scritta essenzialmente nello stesso linguaggio del DNA – il linguaggio di una sequenza nucleotidica. Da cui il nome trascrizione.

In termini molecolari un **GENE** può essere definito come un segmento di DNA che viene espresso per ottenere un prodotto funzionale, corrispondente o ad una molecola di RNA (es. RNA ribosomiali o RNA transfer) o ad un polipeptide.



Nei procarioti c'è un'unica RNA polimerasi che riconosce il promotore grazie all'aiuto della subunità σ



l'enzima completo consiste di 5 subunità:

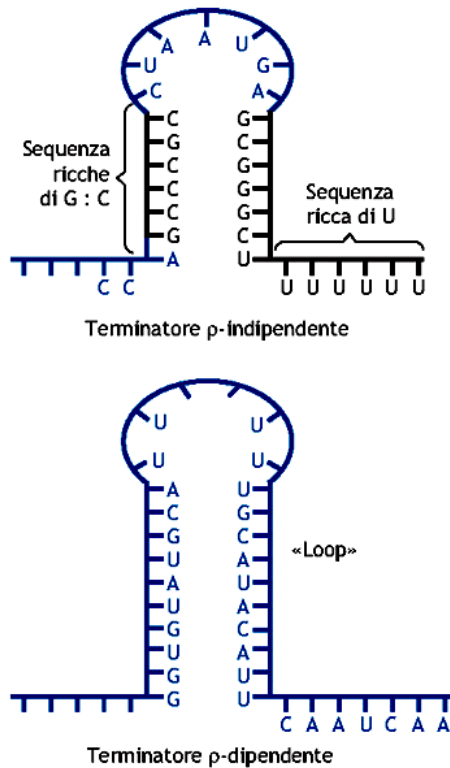
2 α , 1 β , 1 β' e 1 σ .

La subunità σ è attaccata in modo relativamente debole e può essere dissociata dalle altre subunità che costituiscono il nucleo della polimerasi

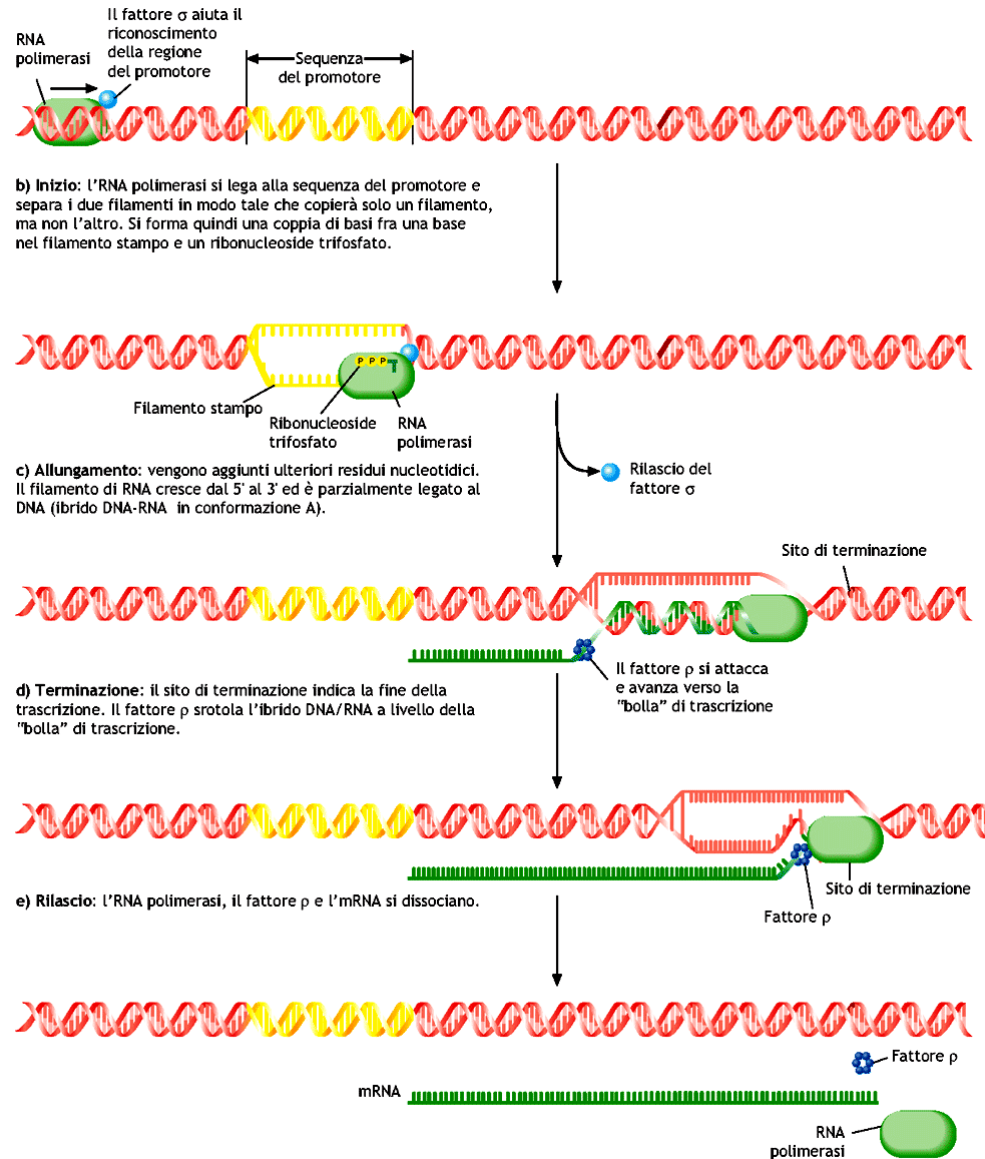
La sequenza di DNA a cui si lega la RNA polimerasi per iniziare la trascrizione di un gene si chiama promotore e il riconoscimento avviene grazie alle sequenze a -10 e -35



La terminazione della trascrizione : implica il distacco delle catena di RNA dovuto a una certa struttura del RNA e che nei procarioti può richiedere o meno una proteina specifica chiamata con la lettera greca ρ



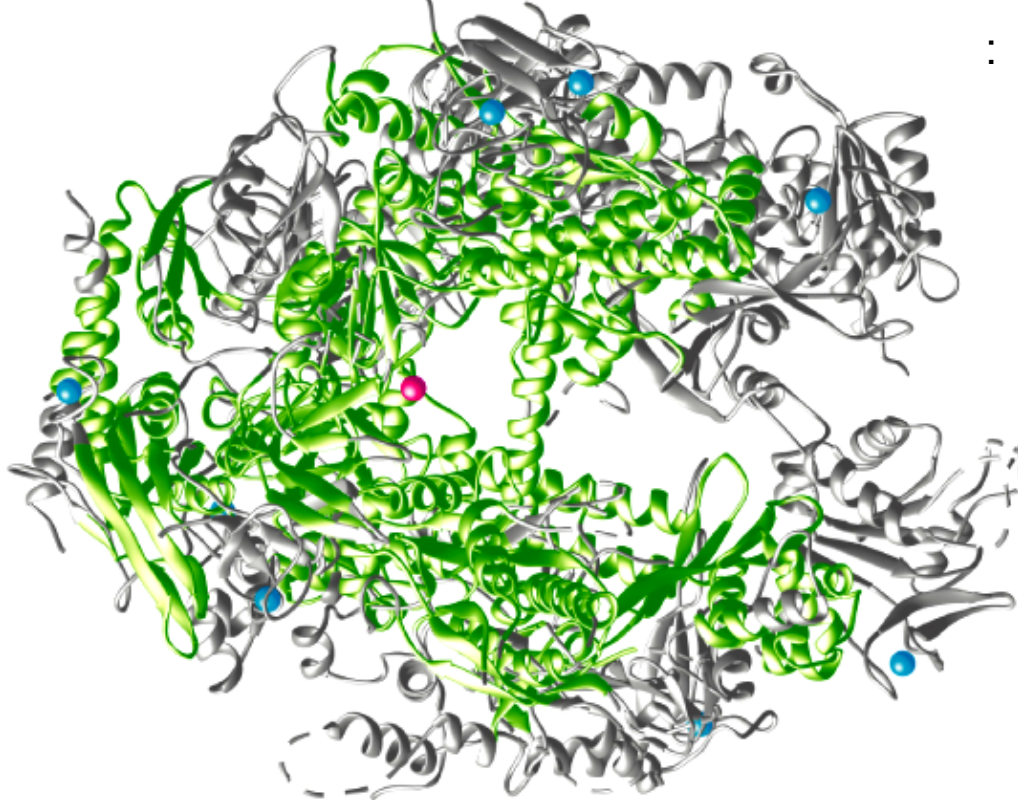
■ Figura 4.28 La terminazione della trascrizione mediante formazione di loop nelle molecole di mRNA.



■ Figura 4.27 La trascrizione nei batteri.

Trascrizione negli eucarioti

Sebbene il meccanismo della trascrizione del DNA sia simile nei procarioti e negli eucarioti, il macchinario è considerevolmente più complesso negli eucarioti. Negli eucarioti ci sono tre tipi di RNA polimerasi:



1. RNA polimerasi I:

sintetizza i grossi RNA ribosomali (28S, 18S, 5,8S).

2. RNA polimerasi II:

trascrive i geni il cui RNA verrà tradotto in proteine, geni di snoRNA e alcuni geni di snRNA.

3. RNA polimerasi III:

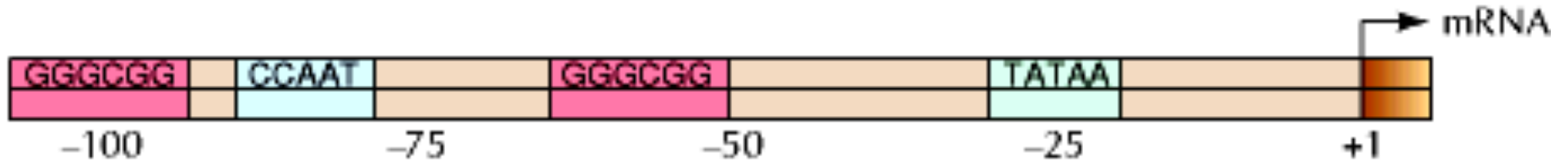
sintetizza una varietà di RNA piccoli e stabili come l'RNA ribosomale 5S, gli RNA transfer e alcuni geni di snRNA.

Una distinzione importante tra la RNA polimerasi batterica e la RNA polimerasi II degli eucarioti è che

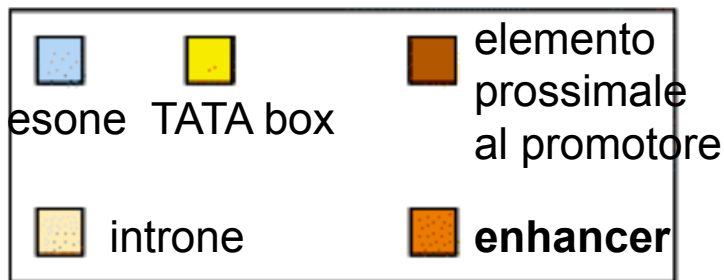
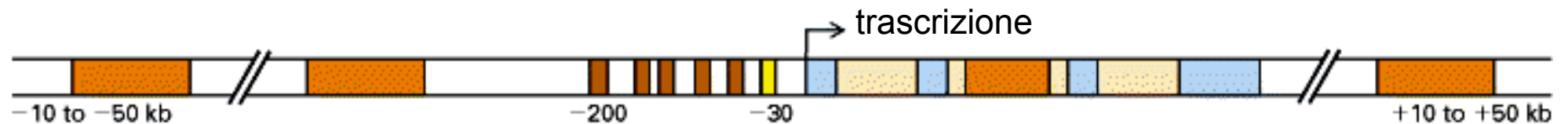
(1) l'enzima eucariotico per iniziare la trascrizione necessita di proteine di inizio che devono legarsi al promotore prima che si possa legare l'enzima. Queste proteine si chiamano **fattori generali della trascrizione (TFIIB, D, E, F, H)**

(2) L'inizio della trascrizione eucariotica deve tenere conto del compattamento del DNA nei nucleosomi e in forme di ordine superiore di struttura della cromatina, **quindi altre proteine attivatrici e di rimodellamento della cromatina sono necessarie.**

Esempio di promotore negli eucarioti

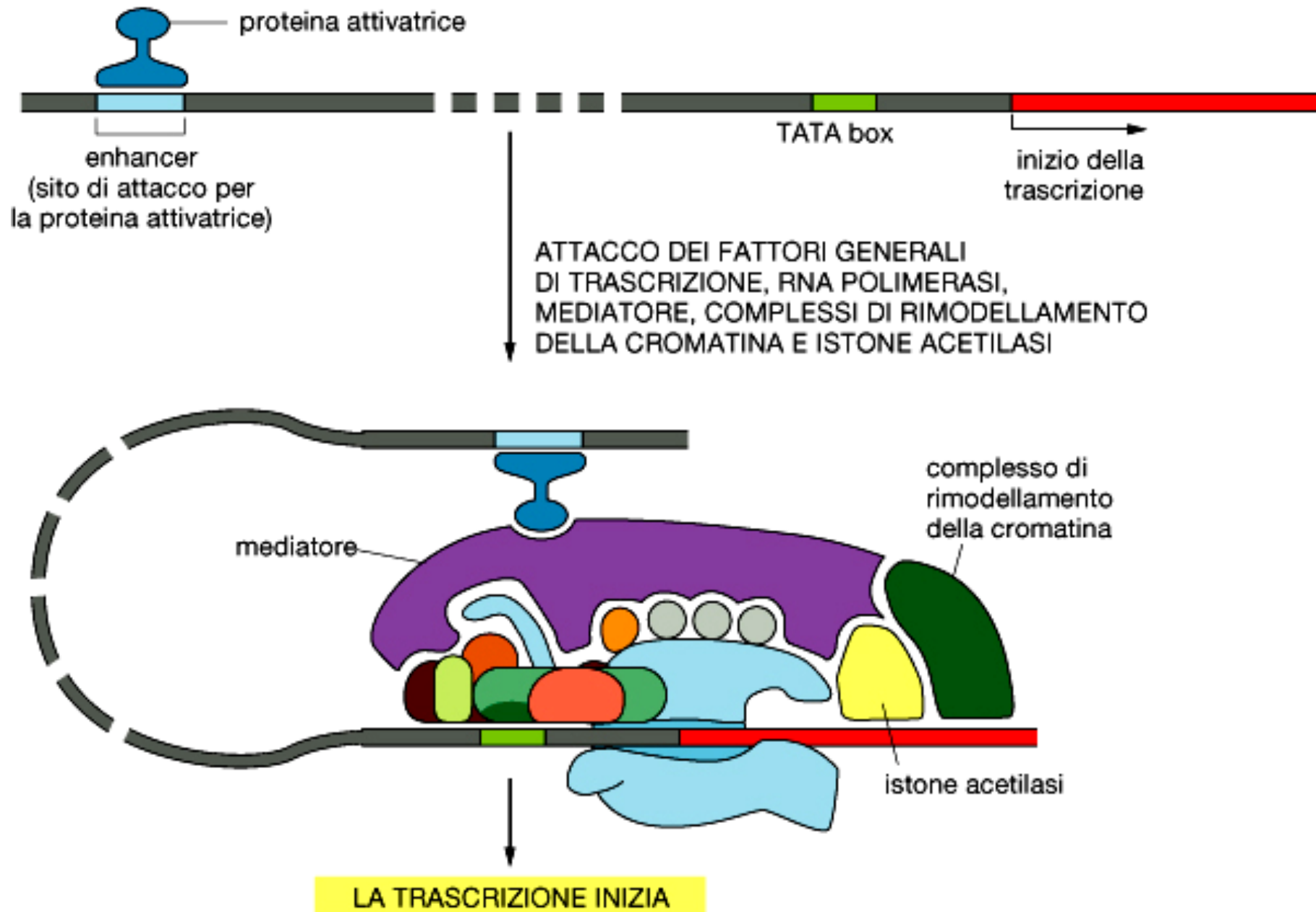


Promotore eucariotico. Il promotore del gene della timidina chinasi di herpes simplex virus (HSV) contiene 3 sequenze a monte del TATA box che sono necessari per una efficiente trascrizione: 1 CCAAT box and 2 GC boxe (sequenze consenso GGGCGG).

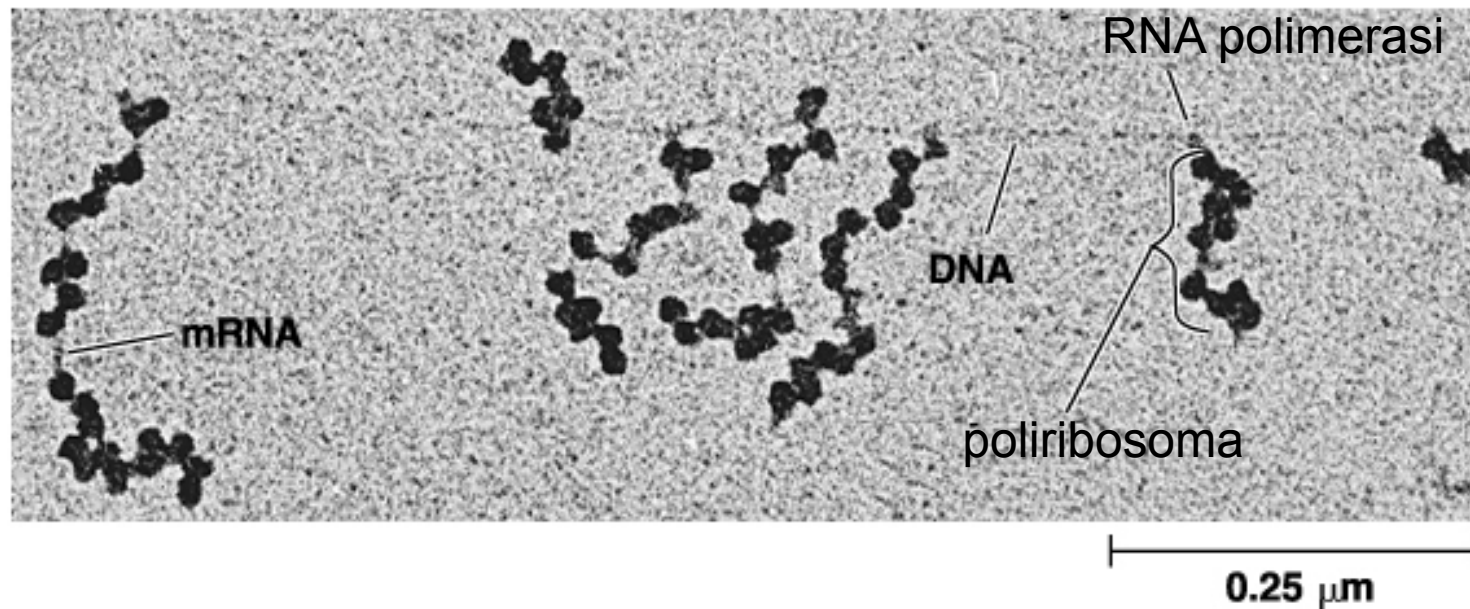
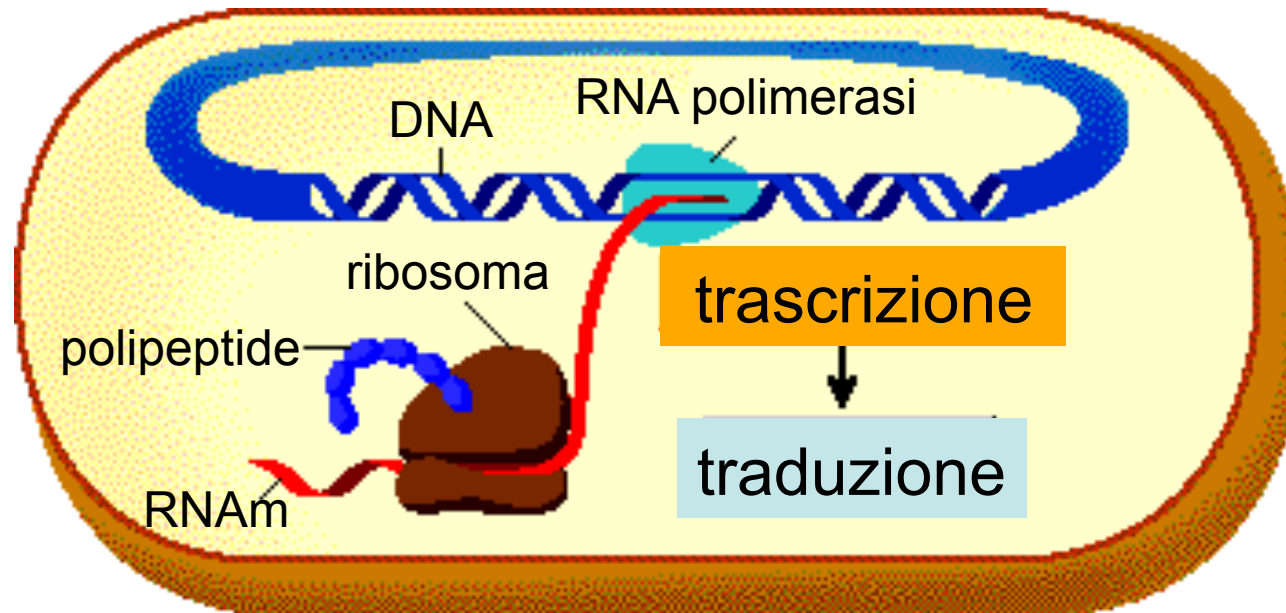


Trascrizione del DNA negli eucarioti

La polimerasi II richiede anche proteine attivatrici, mediatrici e di modificazione della cromatina



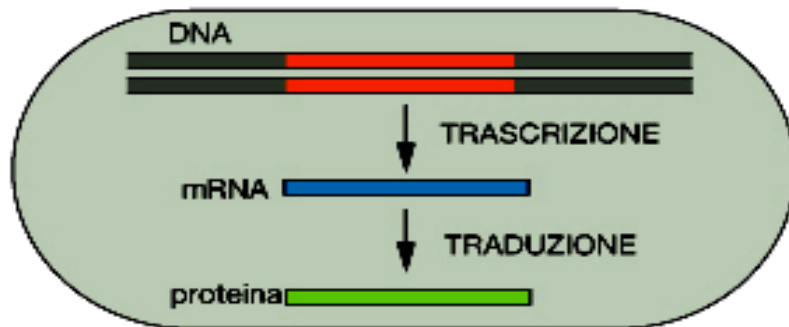
L'RNAm appena sintetizzato nei procarioti è immediatamente Tradotto in proteina nei ribosomi



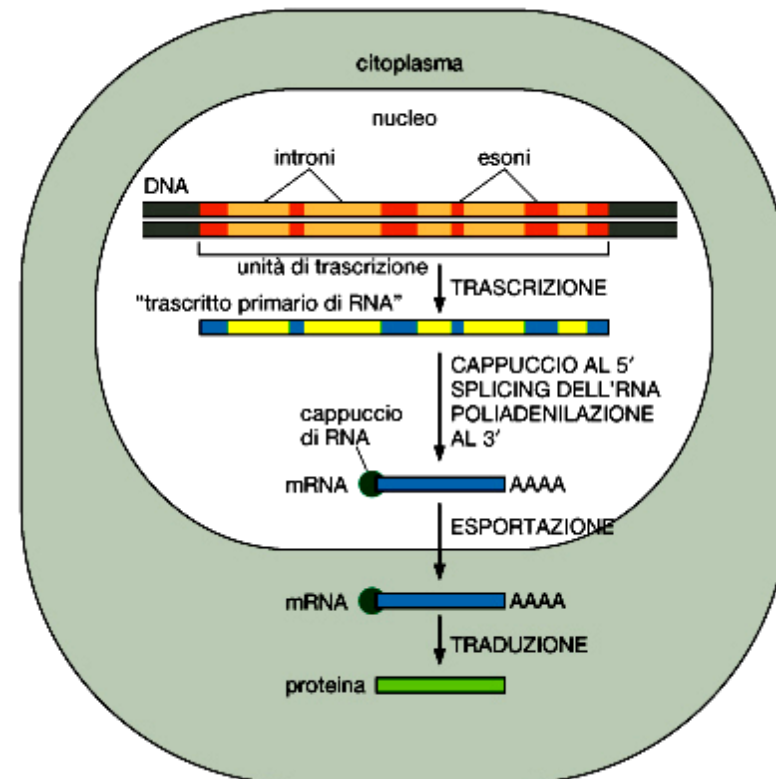
L'RNA eterogeneo nucleare è il prodotto della trascrizione negli eucarioti subisce tre modificazioni prima di diventare RNAm ed essere esportato nel citoplasma

- Le modificazioni al 5' e 3' permettono alla cellula di stabilire se sono presenti entrambe le estremità di una molecola di RNA (e perciò se il messaggero è intatto) prima di esportare l'RNA dal nucleo per tradurlo in proteina.
- Inoltre la modificazione al 5' consente l'interazione con il ribosoma per la traduzione dell'RNAm
- Lo splicing dell'RNA fornisce agli eucarioti superiori la capacità di sintetizzare parecchie proteine diverse dallo stesso gene.

(B) PROCARIOTI



(A) EUCARIOTI



Maturazione dell' RNA eterogeneo nucleare

Cap. 5'

1. Cappuccio= 7-metil guanosina

2. Splicing: rimozione degli introni

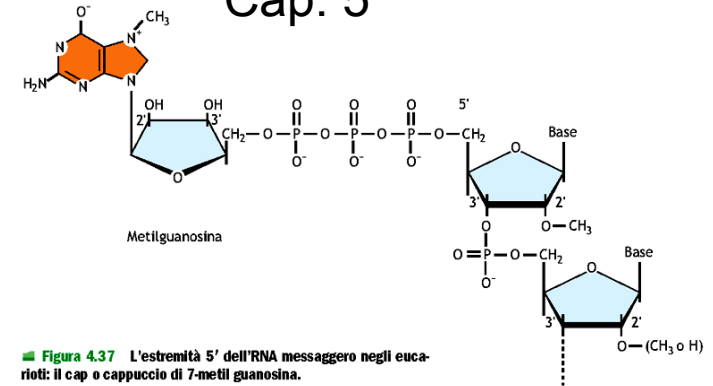


Figura 4.37 L'estremità 5' dell'RNA messaggero negli eucarioti: il cap o cappuccio di 7-metil guanosina.

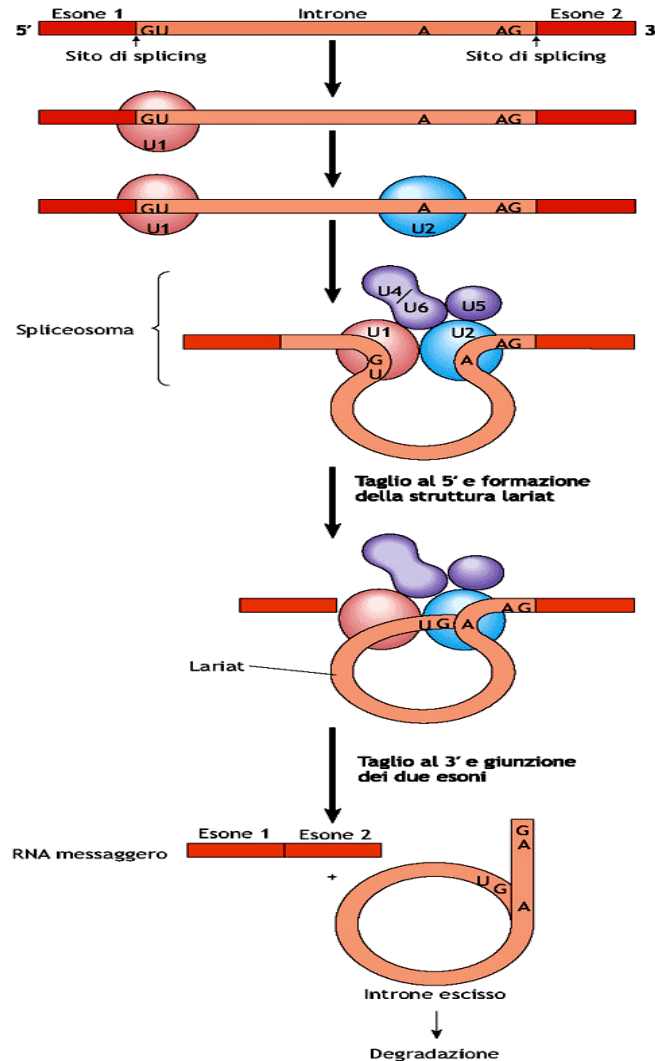
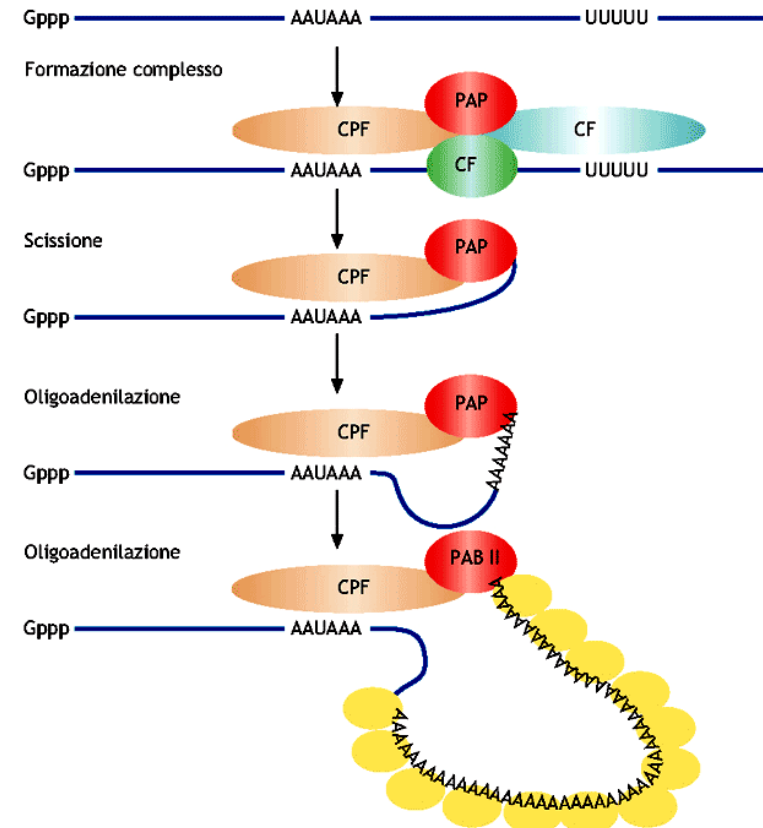
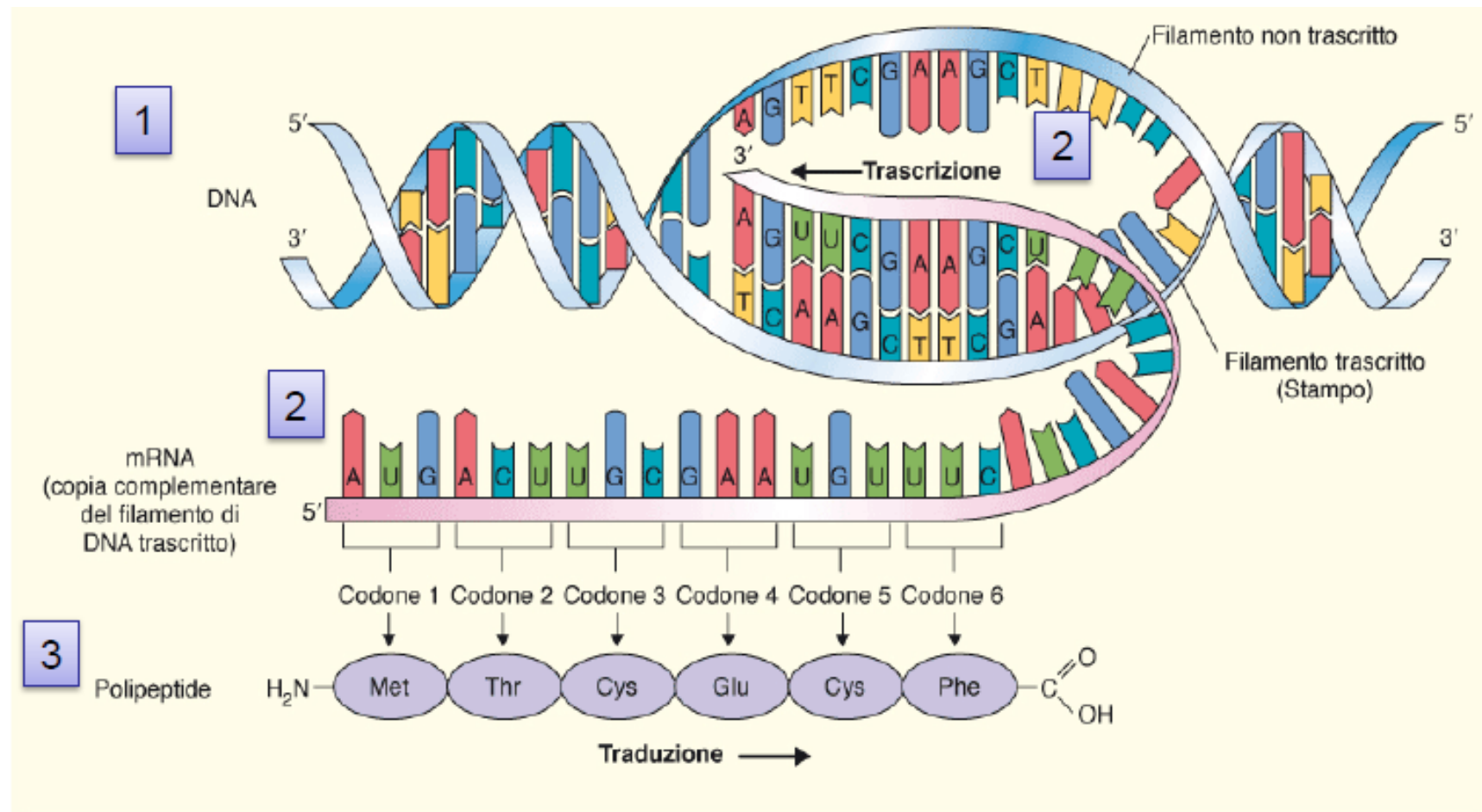


Figura 4.39 Processo di splicing. Formazione e funzionamento dello spliceosoma.

3. Coda di A: Poliadenilazione 3'



La **TRADUZIONE** avviene sia in procarioti che eucarioti è il processo con cui l'informazione genetica presente in un mRNA viene utilizzata per la sintesi di una catena polipeptidica



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

Caratteristiche del codice genetico

- Triplette
- Continuo
- Degenerere
- Universale

AUG = metionina
 UAA = sempre stop
 UAG = stop o pirrolisina
 UGA = stop o selenocisteina

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

■ Figura 4.46 Corrispondenza tra codoni ed amminoacidi.

Apparato di traduzione: tRNA

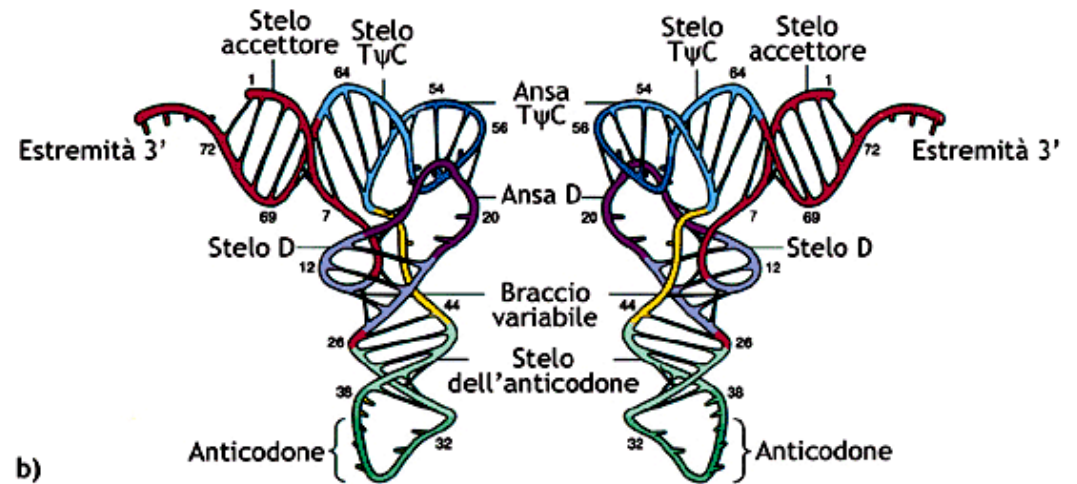
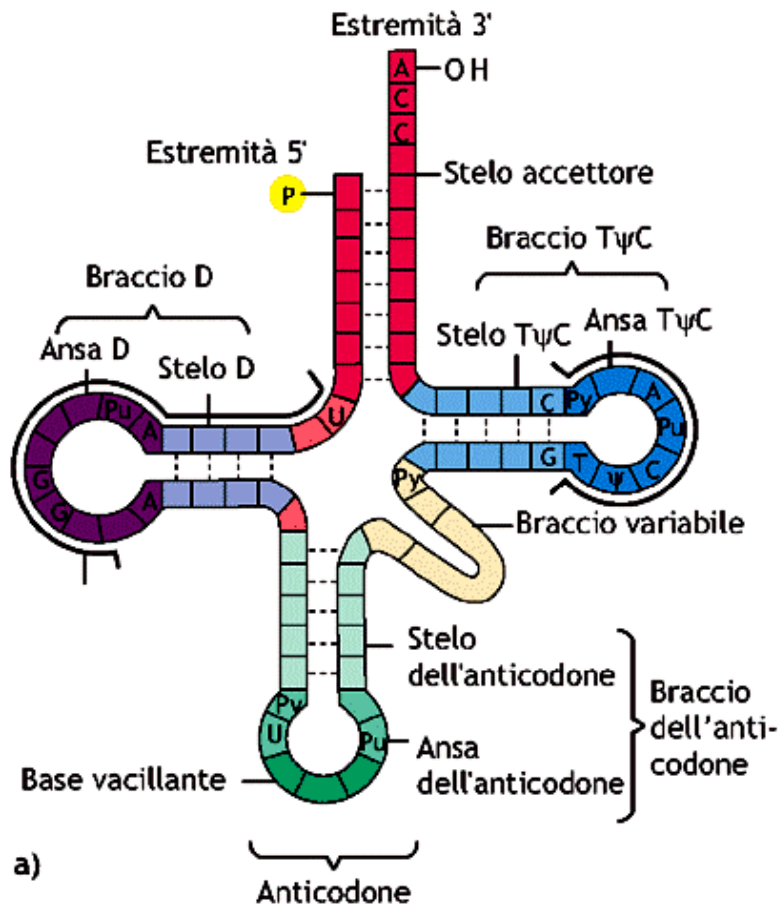
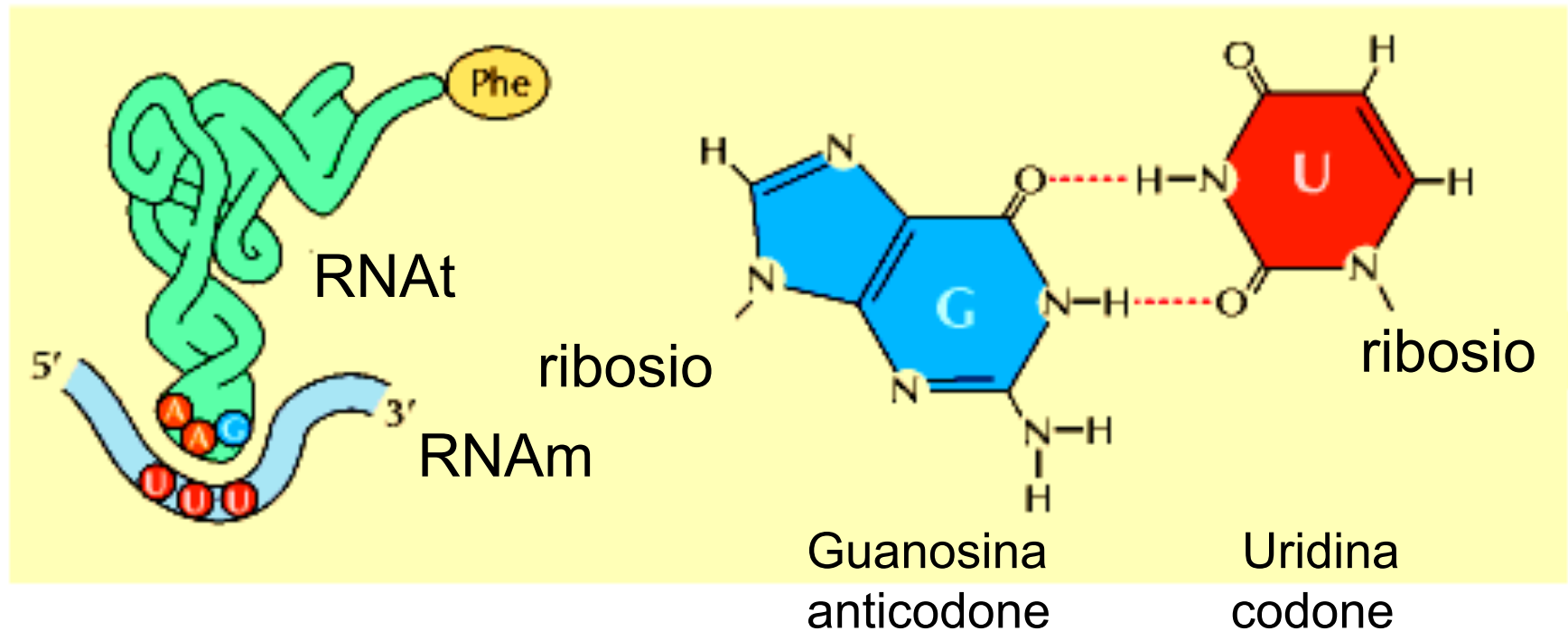
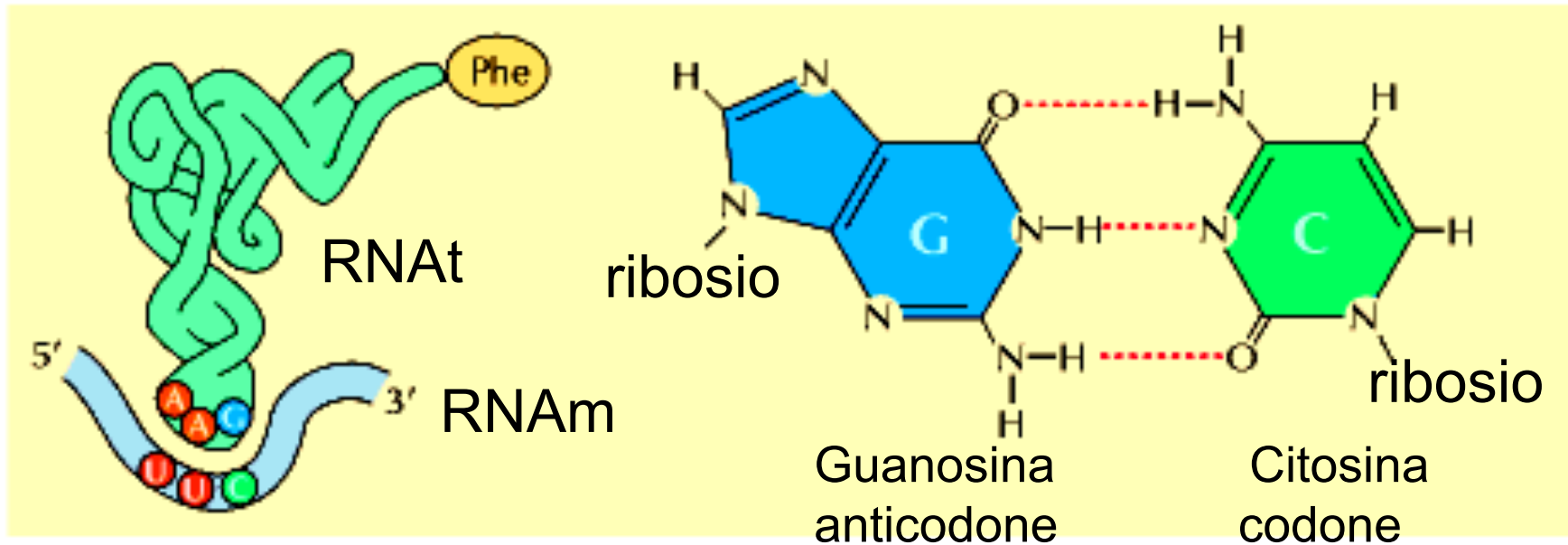


Figura 4.54 (a) Struttura del tRNA detta "a trifoglio". (b) Ricostruzione della struttura tridimensionale di due tRNA.

Ci sono più triplette per un amminocido

- 1) Più tRNA che legano uno stesso amminoacido ma hanno diversi anticodoni
- 2) Uno specifico tRNA si lega a più codoni

Appaiamento standard tra codone e anticodone (sopra)
Appaiamento non standard del fenilalanina RNAt (sotto)

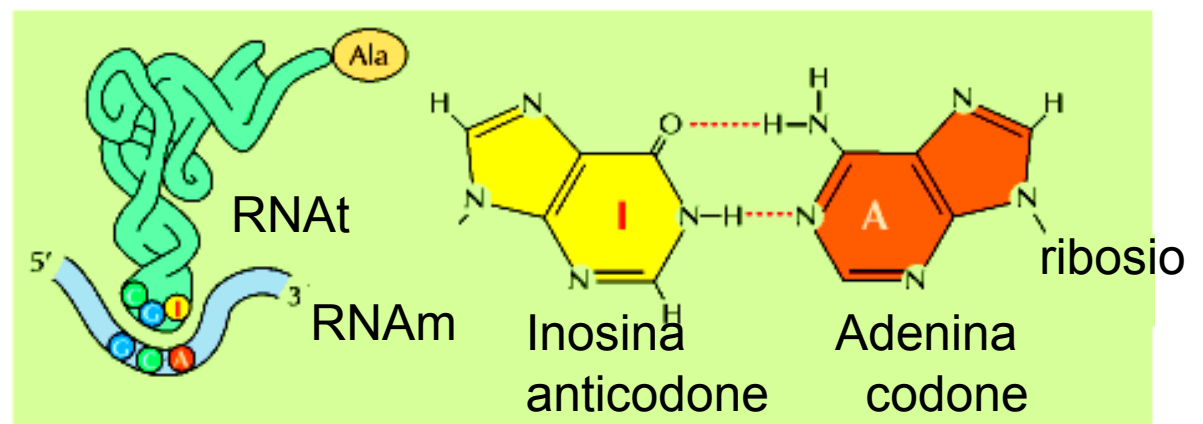
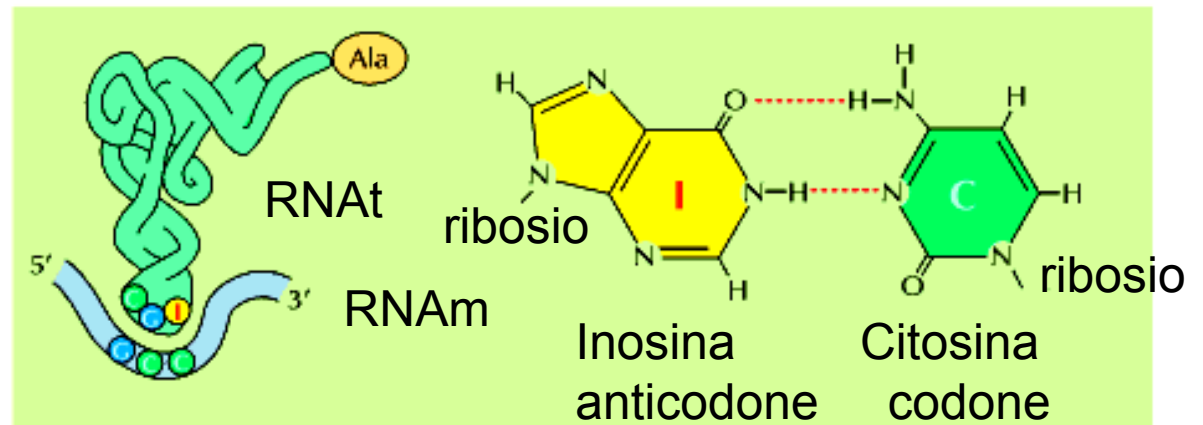
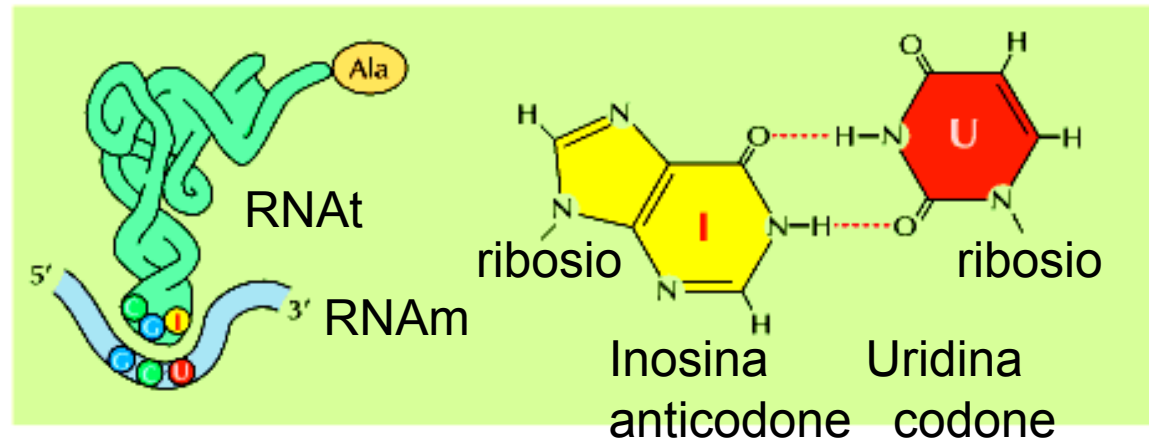


Appaiamento non standard tra codone e anticodone

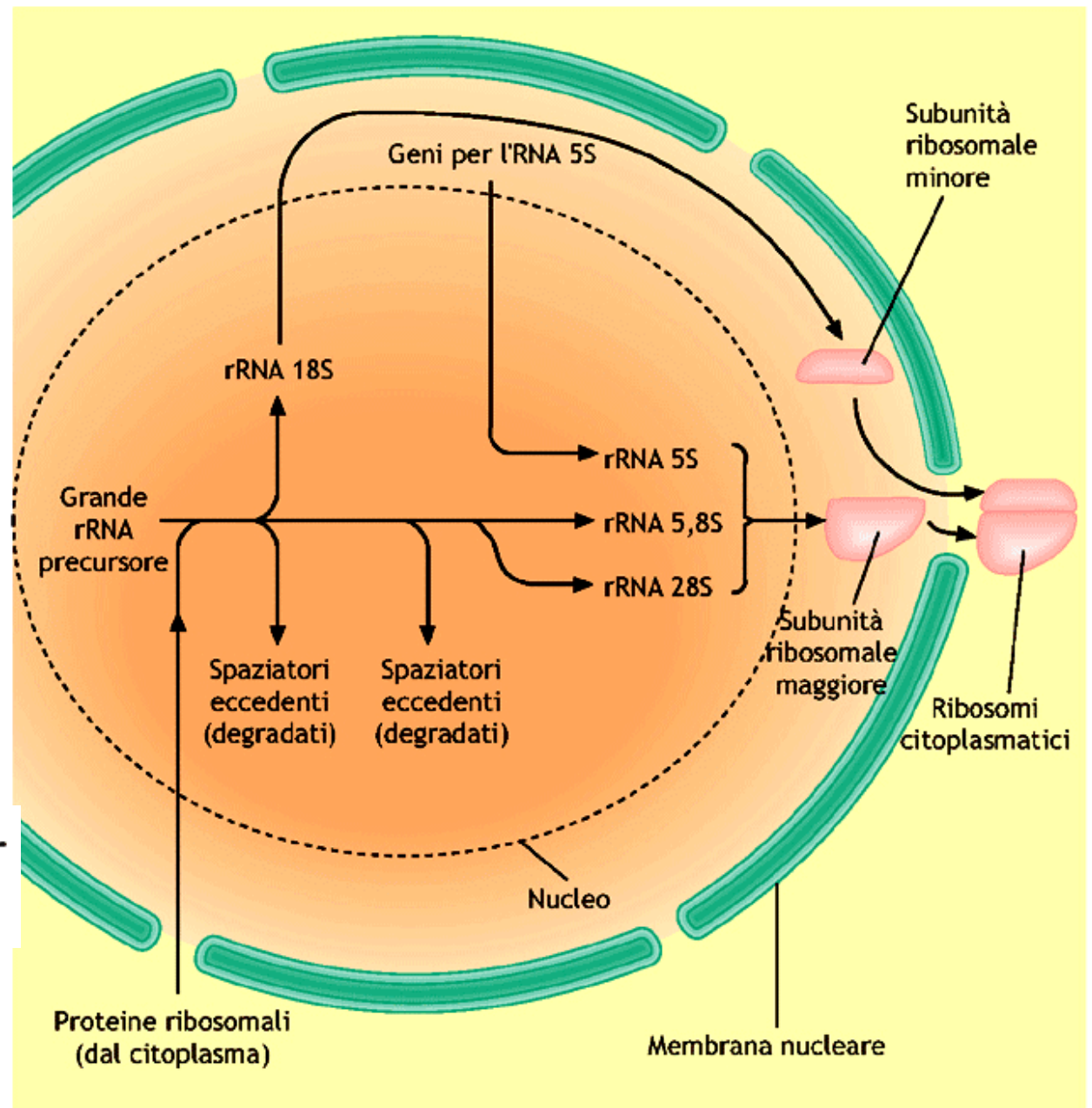
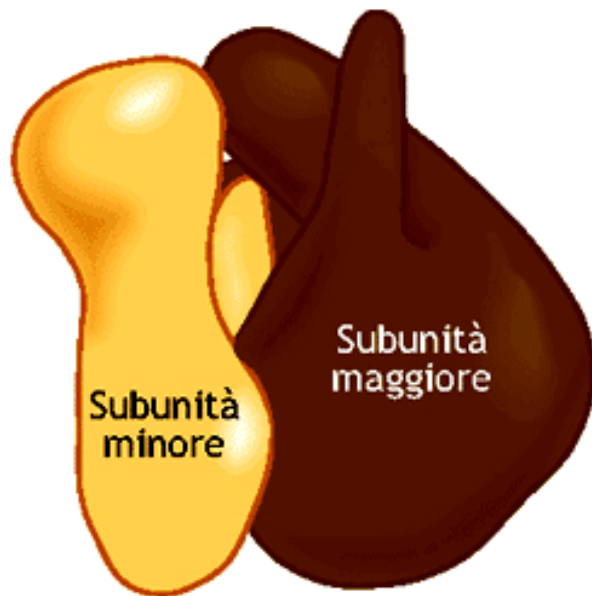
Appaiamento non standard dell'alanina RNAt

Modificazione della guanosina in inosina degli anticodoni di parecchi tRNA durante la maturazione.

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



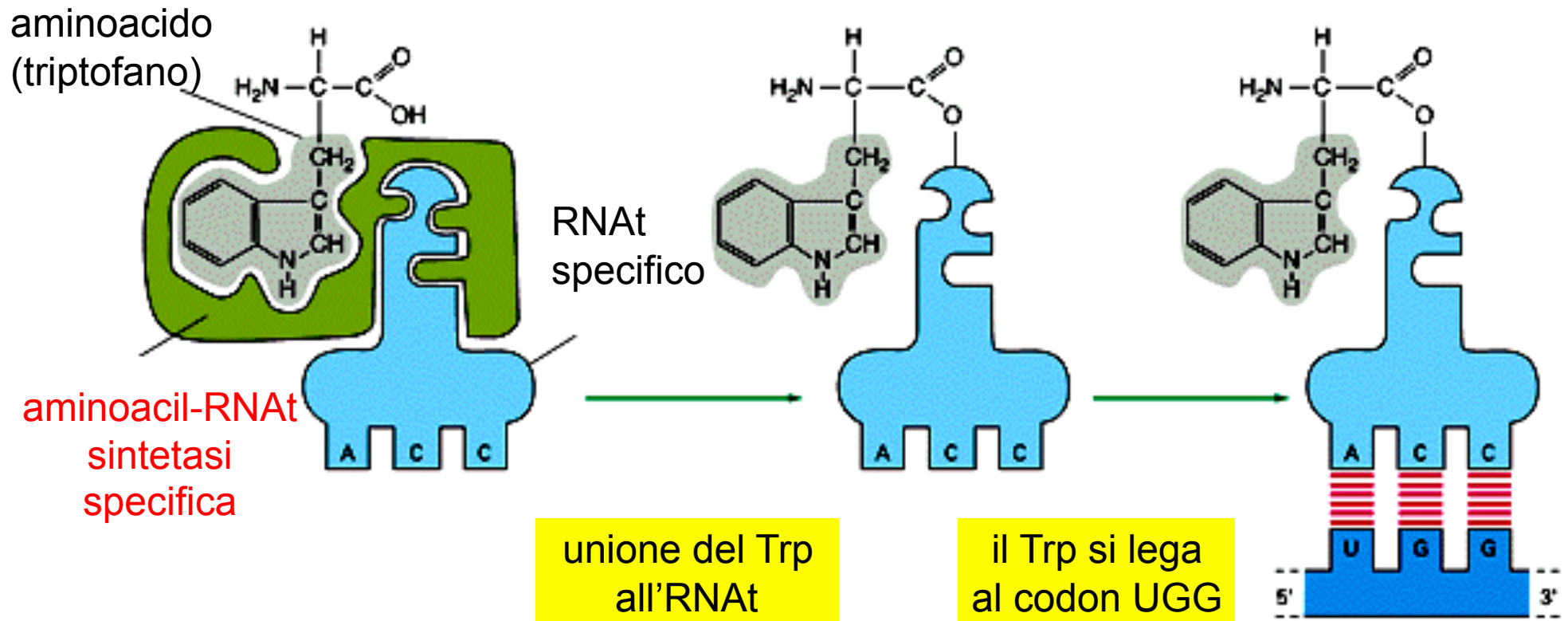
La traduzione negli eucarioti e nei procarioti richiede l'intervento dei ribosomi



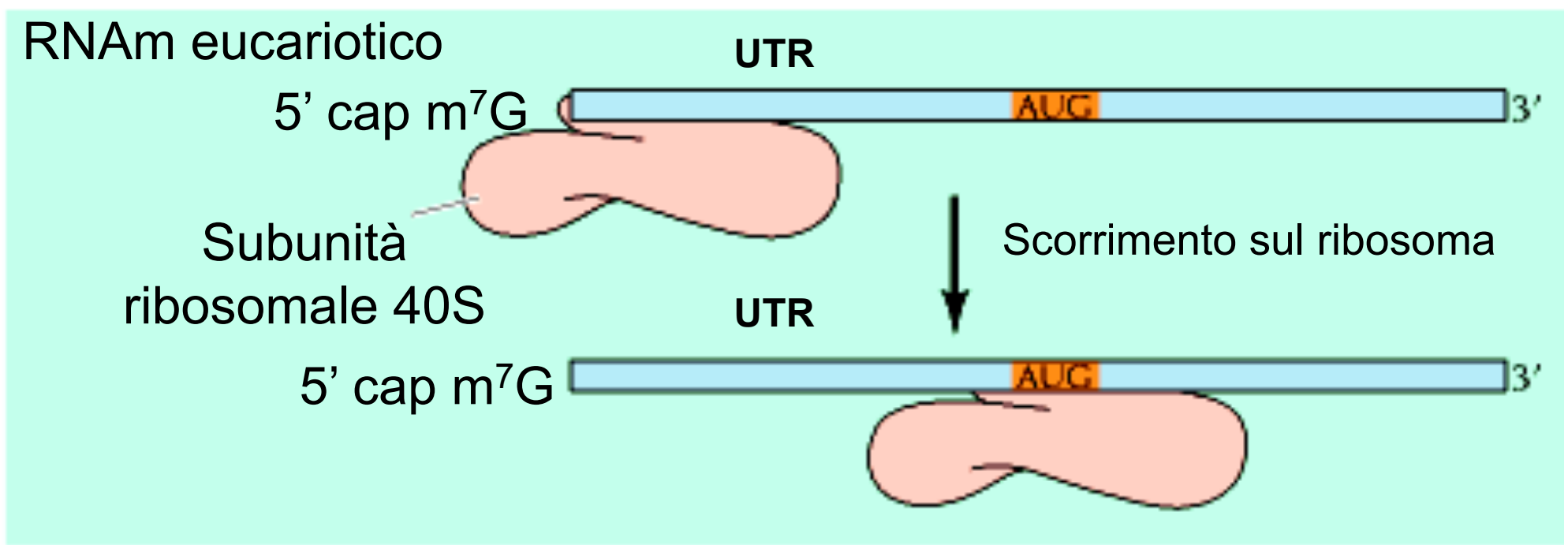
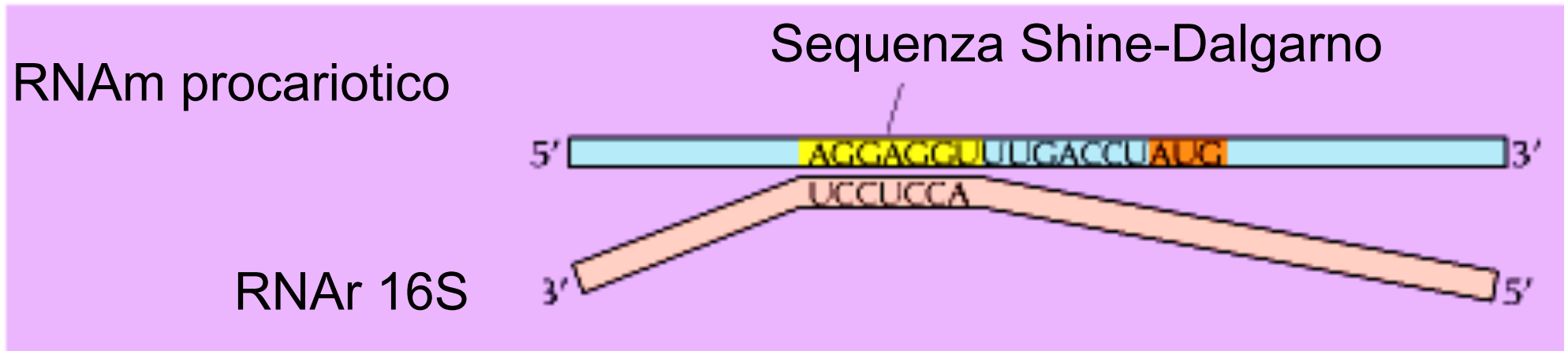
■ **Figura 4.53** Trascrizione e maturazione dell'rRNA.

Traduzione nei procarioti

Fase ATP dipendente: legame dell'amminoacido al suo tRNA (attivazione dell'amminoacido) ad opera di un enzima.

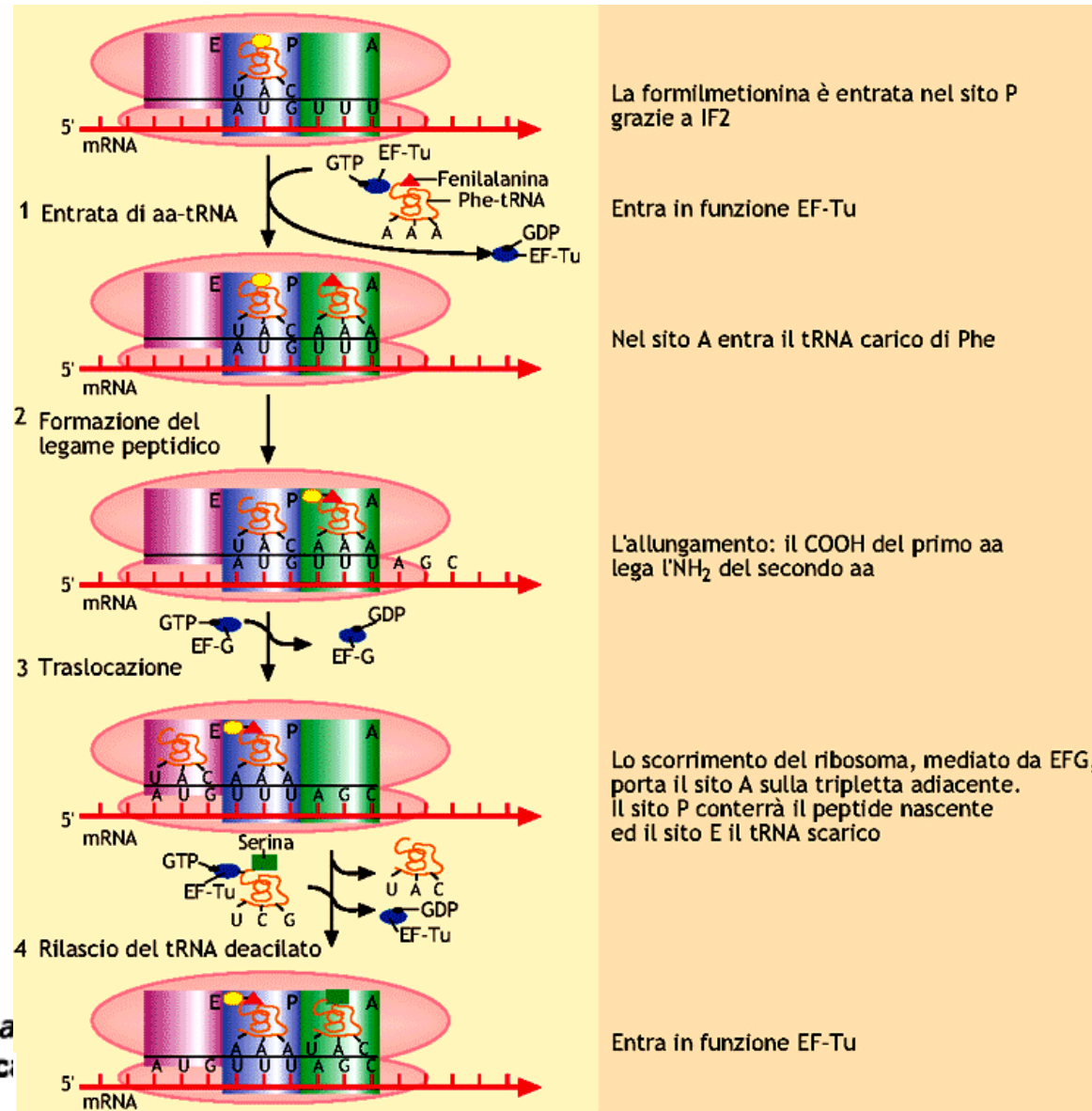


Allineamento dell' RNAm alla subunità minore dei ribosomi



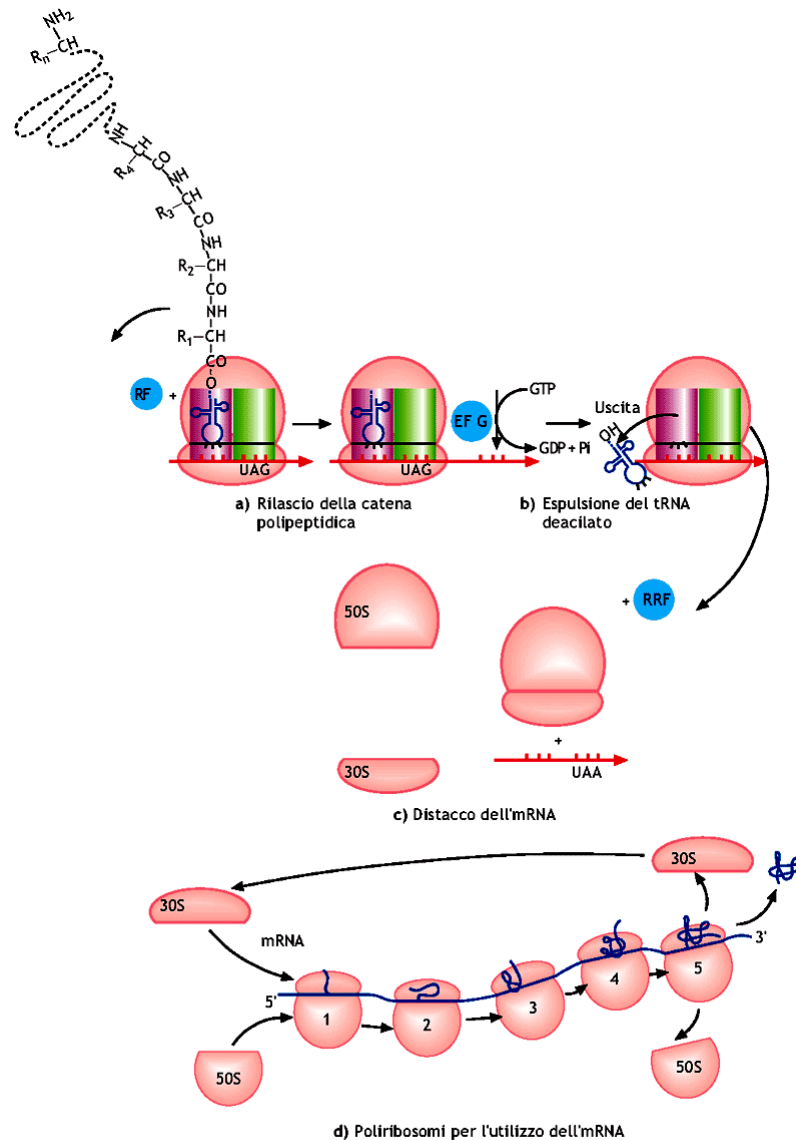
Traduzione nei procarioti

Fasi GTP dipendenti: Riconoscimento del primo codone AUG interazione con la subunità maggiore e allungamento



Traduzione nei procarioti

Fase GTP dipendente: Termine della traduzione quando nel ribosoma nel sito A arriva un codone di stop. Un fattore proteico rilascerà la proteina dai ribosomi.



■ Figura 4.65 Fase di termine della sintesi proteica. Il sito E è ommesso per semplificare l'immagine.