

Acidi nucleici

2 ACIDI NUCLEICI principali } DNA
RNA

↓
costituita da un'unità
monomica che si ripete "n. volte" creando polimeri → ω

↓
NUCLEOTIDE



- DNA ↓
- DEOSSIRIBOSIO
 - BASE AZOTATA
 - GRUPPO FOSFATO

- RNA
- Ribosio
 - Gruppo fosfato
 - Base azotata

- ↓
- 2 estremità
- 5' ⇒ CARBONIO + FOSFATO
 - 3' ⇒ CARBONIO + FOSFATO LEGATO AL NUCLEOTIDE SUCCESSIVO

↓
Avviene una "REAZIONE DI CONDENSAZIONE"

legato ad un meccanismo di controllo delle informazioni

↓
La **CITOSINA** e l'**URACILE** hanno una struttura simile, e quindi la presenza di 2 basi azotate molto simili potrebbe portare a gravi errori durante il processo di **REPLICAZIONE** del DNA.

↳ Ecco perché l'**URACILE** venne sostituito con la **TIMINA**

⊗ tende a trasformarsi facilmente in URACILE.

⊗ l'**URACILE** venne mantenuto nell'**RNA**, perché in caso di errori è più facile sbarazzarsene

BASE AZOTATA (DNA)

PURINE

- ↓
- ADENINA
 - GUANINA

↓
formate da un doppio anello

PIRIMIDINE

- ↓
- TIMINA
 - CITOSINA

↓
formate da un singolo anello

⚡
NELL'**RNA**, al posto della "TIMINA",* presenta l'"URACILE"

• STRUTTURA PRIMARIA

- Sequenza di nucleotidi allineati a formare il polinucleotide
- DNA vs RNA => natura dello zucchero pentoso e

• STRUTTURA SECONDARIA

- DISPOSIZIONE SPAZIALE

- DNA vs RNA => il DNA presenta un doppio filamento in direzione "ANTI PARALLELO"
- => l'RNA presenta un singolo filamento con struttura ELICOIDALE

Le basi azotate sono sempre all'interno dei filamenti



- CITOSINA + GUANINA
- TIMINA + ADENOSINA

Le basi azotate si accoppiano sempre in questo modo = APPARIAMENTO COMPLEMENTARE



In questo modo si formano "LEGAMI A IDROGENO"



- TIMINA = 2 legami idrogeno
- GUANINA = 3 legami idrogeno

2 direzioni:



- 1 FILAMENTO => 3' -> 5'
- 1 FILAMENTO => 5' -> 3'

Il DNA forma una doppia elica destrorsa con appaiamento

complementare
ANTI PARALLELO



- distanza tra i 2 filamenti = 2 nm
- distanza tra basi azotate = 0,34 nm
- giro completo DNA = 3,4 nm

CURIOSITÀ:

All'interno del nucleo sono presenti 46 molecole di DNA

↳ queste misure sono fondamentali per il corretto funzionamento

↳ l'alterazione di queste misure può portare alla non divisione corretta dei cromosomi nelle cellule figlie

Ricercatori che hanno scoperto la struttura del DNA: ROSALIND FRANKLIN

FRANCIS WILKINS

JAMES WATSON

} vincono il NOBEL (1962)

Il DNA ha incontro a 2 PROCESSI => REPLICAZIONE = il DNA si duplica durante la divisione cellulare

=> TRASCRIZIONE = di tutte le informazioni nel DNA, solo alcune vengono scelte e trascritte

↳ le informazioni vengono trasferite nell'RNA messaggero (mRNA), che verranno poi tradotte per permettere la sintesi proteica

↓
danno la FUNZIONALITÀ SPECIFICA alle varie cellule

FUNZIONI:

- Trasmettere le informazioni per ottenere la costituzione
- ciascuna proteina è codificata dal DNA

• PAROLE CHIAVE

- GENOTIPO = informazione ereditaria contenuta nel DNA
- GENE = sequenza lineare di nucleotidi e fornisce istruzioni per la sintesi proteica
- le informazioni passano dal DNA al RNA e poi alle proteine
- FENOTIPO = caratteristiche specifiche di una cellula / organismo = espresso dalle proteine

Hanno delle FORZE REPULSIVE, per permettere ai 2 filamenti separati di non legarsi di nuovo, mentre avviene il processo di REPLICAZIONE

• REPLICAZIONE

- srotolamento dei 2 filamenti => grazie all'enzima "ELICASI" e PROTEINE DI LEGAME DI DNA
- Le basi si appaiano in modo complementare
- Nuovo unire dei 2 filamenti

↳ l'energia richiesta è molto alta, ecco perché interviene un enzima: DNA POLIMERASI

• "MODELLO SEMICONSERVATIVO" = le molecole di DNA è formato da

- 1 FILAMENTO PARENTALE = filamento stampo
- 1 FILAMENTO DI NUOVA SINTESI

↳ modello di struttura del DNA

Il DNA POLIMERASI, lega i nuovi nucleotidi in direzione 5' → 3'

↳ il filamento è molto lungo, quindi per iniziare la replicazione ha bisogno di un PUNTO DI ORIGINE = PRIMER

↳ Nel secondo filamento che va in direzione opposta, creerà dei filamenti spezzati = "FRAMMENTI OKAZAKI"

↓
che dovranno poi essere uniti (dal DNA polimerasi) e i legami idrogeno fra le basi azotate dovranno essere ricostruite (dalla "ELICASI")

* CURIOSITÀ:

- SINTESI (CREAZIONE) NUOVO FILAMENTO => 5' → 3'
- LETTURA INFORMAZIONI => 3' → 5'

• CRONOSOMI

- PROCARIONICI = circolare → UNO punto di origine per l'inizio della replicazione

- EUCARIONICI = lineare → PIÙ punti di origine

↓
si trovano facilmente nelle regioni ricche di ADENOSINA e TIIMINA

↳ perché richiede meno energia (2 legami H < 3 legami H)

• TRASCRIZIONE

Avviene all'interno del NUCLEO (con la sintesi del "mRNA")

↓
migra nel CITOPLASMA, dove avviene la TRADUZIONE

traduzione codice genetico
↳ per la sintesi proteica

↳ intervengono altri tipi di RNA:



• RNA

1) tRNA = indispensabile per la traduzione

2) rRNA = componente strutturale dei RIBOSOMI

↳ strutture dove avviene la sintesi proteica

3) mRNA = trasporta le informazioni genetiche

↳ costituito da TRINEUCLEOTIDI = CODONI → altamente specifico per un "AMMINOACIDO"

↳ monomero della proteina

= viene percorso da dei RIBOSOMI GRANULARE

- POLIRIBOSOMA
- POLISOMA

• SPICING

Modificazioni POST-TRASCRIZIONE → il filamento di DNA è formato da porzioni:

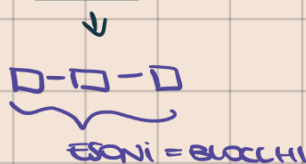
• INTRONI } ARE m-RNA = copia tutte le informazioni (sia ESONI che INTRONI)
• ESONI



viene creato un nuovo mRNA, che verrà usato nel processo di SINTESE PROTEICA

← Gli INTRONI vengono poi eliminati = questo processo è detto "SPICING"

Un gene può formare più PROTEINE, grazie al processo "SPICING ALTERNATIVO", dove si creano combinazioni diverse di ESONI



• CODICE GENETICO

sequenza di 3 nucleotidi, la quale corrisponde ad 1 AMMINOACIDO.

= CODONI

un amminoacido
può essere codificato da più
codoni



questo per non permettere MUTAZIONI GENETICHE
in caso di errori durante la TRASCRIZIONE.

↙
Ci sono alcuni codoni che
codificano per l'INIZIO e
la FINE della sintesi: