

Processo di trascrizione:

Dal punto di vista della catalisi enzimatica, il succo è uguale alla dna polimerasi, la sintesi procede in direzione cinque primo tre primo. Dato che si dovrà replicare un'elica del dna, dovrà essere accessibile, la doppia elica si dovrà aprire (si denatura) per rendere possibili i legami a H. Rna polimerasi va a trascrivere, si ha una bolla di trascrizione, una porzione di 2 singoli filamenti di DNA.

Nella fase iniziale si forma un ibrido di RNA, che poi si stacca e si libera, si ha un singolo filamento più lungo pian piano che l'RNA polimerasi si espande. La bolla di trascrizione scorre lungo il DNA e intorno a cui si avvolge l'RNA che si allunga fino a quando smette di polimerizzare. L'RNA polimerasi inizia a trascrivere in zone dove ci sono segnali, specifiche sequenze di basi, ci sono regioni, chiamate promotori ci sono sequenze riconosciute dall'RNA polimerasi o da una sequenza di proteine. Qui non c'è l'elicasi, l'RNA polimerasi è più autonomo perché non ha bisogno di un primer, al contrario della DNA polimerasi. La parte verde non fa parte della zona genica (zona che viene trascritta), zona promotore, promuove la trascrizione, il gene è la zona successiva in rosso, regione che viene trascritta. Il gene è quella regione di DNA che codifica per un prodotto funzionale, il primo prodotto funzionale è legato all'azione dell'RNA polimerasi. Ogni gene è determinato da un inizio e una fine della trascrizione.

(il DNA stampo ha una direzione opposta 3-1 5-1, ma per convenzione si scrive 5-1 3-1 il filamento dell'RNA messaggero equivale non al filamento stampo, ma all'altro, perché lo stampo è complementare alla sequenza dell'RNA)

Promotore e terminatore:

Il gene non gli comprende, perché spesso non conosciamo quanto è lungo un promotore, il gene è compreso tra i 2. (ipotetica domanda esame cos'è un gene o l'rna equivale al filamento di stampo?). Il promotore ha sequenze riconosciute dal sigma.

Dove inizia la trascrizione:

I primi sistemi studiati furono i sistemi batterici, quindi dei procarioti. Il fattore sigma è importante per far interagire l'RNA polimerasi, il promotore batterico comprende 2 zone sempre uguali in quasi tutti i geni, regione a -10 e a -5 e quando l'RNA si lega al DNA parte la trascrizione, si crea una bolla che scorre per cui non si ha più bisogno del fattore sigma che si stacca e si va ad attaccare ad un altro sistema, facendo ricominciare il ciclo. Alcuni geni vengono trascritti molto, quindi il promotore produrrà molto rna messaggero. Si forma l'ibrido nella bolla dopo l'rna viene scalzato e poi liberato in questo caso nel citoplasma. Questo processo è comune a molti sistemi batterici, ma non hai sistemi degli eucarioti (antibatterici agiscono sui sistemi di trascrizione e di traduzione batterici e non in quelli dell'uomo per esempio).

Regione di terminazione:

Rho-indipendenti che riconosce una sequenza specifica nell'RNA messaggero che blocca la trascrizione dell'RNA polimerasi, in altri casi è la struttura secondaria che blocca, che si va a formare quando ci sono zone complementari all'altre (le due zone rosa), si crea una struttura a forcina, che si avvolge nello spazio e blocca l'azione dell'RNA polimerasi che l'ha appena prodotta.

Abbiamo la bolla di trascrizione l'RNA forma la forcina con l'ansa tra i due c'è un'interazione molecolare, dopo di che l'RNA polimerasi si stacca e si blocca la trascrizione. Se in queste zone ci sono mutazioni la trascrizione continua, non termina, perché non si va a creare lo stem and loop.

L'info biologica non è solo la sequenza dell'acido nucleico, ma anche la struttura nello spazio delle molecole, che può permettere di veicolare l'informazione (che non è solo DNA dove viene comunque mantenuta).

Eucarioti

Negli eucarioti abbiamo 3 tipi di Rna polimerasi, 1-2-3 (1-3 trascrivono Rna strutturali, come rna ribosomiali) quella del tipo 2 serve per la trascrizione che porta alla sintesi di proteine. Un inibitore della polimerasi 2 è l'alfamanetina che si trova nei funghi, che porta ad intossicazione, blocca la sintesi dell'Rna messaggero quindi non si ha più la sintesi delle proteine, per cui il bersaglio in primo caso è il fegato, si bloccano le sintesi epatiche.

Negli eucarioti c'è un punto di inizio della trascrizione e una zona a monte, difficilmente delimitabile, prima dell'inizio c'è una sequenza riconosciuta da proteine TF (riconosciuta dall'Rna che non riconosce la TATAbox ma le TF) II, una zona è chiamata TATAbox (sequenza ricca in timina e adenina) zona che viene riconosciuta dai TF (fattori trascrizionali) che formano un complesso che richiama l'rna polimerasi, che inizia a trascrivere si ha una bolla si forma una doppia elica per poche paia di basi, una bolla che scorre lungo il DNA, dopo di che i TF con l'inizio della trascrizione si liberano come nel caso del fattore sigma. Un promotore batterico comprende una zona -10 (troviamo una sequenza ricca di adenina e timina, perché una sequenza di questo tipo forma 2 legami a H mentre guanina e citosina ne formano 3, per cui l'energia necessarie in sequenze TATA è minore rispetto a GU) e -35 (COINVOLTA SOLO NEL RICONOSCIMENTO E NON NELL'APERTURA DELL'ELICA), mentre un promotore eucariota abbiamo una TATAbox di solito a -25.

Gene eucariote. Non tutta la sequenza trascritta viene tradotta, subito dopo il promotore c'è una zona che viene trascritta, ma non tradotta, al 5-1 (qui ritroviamo la zona di attacco della subunità...), il gene procede in una regione non tradotta che si trova a 3-1. Quindi il gene è formato anche da zone non tradotte. (Il gene comprende solo il codone aug e termina con il codone di stop? = no)

Procarioti:

Non si ha un nucleo, si forma una catenella di ribosomi che traducono la proteina presente nella sequenza, tutto questo durante la trascrizione. I ribosomi scorrono nella zona in cui viene prodotto l'rna messaggero durante la sua trascrizione, quindi si ha contemporaneamente sia la trascrizione che la traduzione, questo si ha solo nei batteri, che possono controllare il livello di trascrizione del loro gene, non possibile negli eucarioti, dove c'è una separazione fisica, ossia il nucleo, dove si ha un processo più lungo, rispetto a quello dei batteri.

Eucarioti: (Tutti gli Rna sono poliadeninici, fatta eccezione per l'Rna stomale)

La modificazione negli eucarioti a 5-1 si chiama cappello, si ha l'aggiunta di poliadenine.

Il **capping** è l'aggiunta di guanin-trifosfato metilato che al 5-1 che da stabilità all'RNA messaggero, indica che non deve essere mediamente degradato, serve per riconoscere eventuali RNA non cellulari, come quelli virali.

L'Rna polimerasi II ARRIVA AL TERMINE DI TRASCRIZIONE LEGATO ALL'ANSA IN CUI DELLE proteine (portano all'idrolisi della parte terminale dell'Rna e introducono al posto della zona tagliata la coda di poliadenina) che riconoscono la sequenza di Rna alla fine della trascrizione, fanno un taglio ed attaccano adenine (coda di **poliadenine** al 3-1), importante dal punto di vista tecnico che permette di isolare l'Rna in un eucariote, Rna messaggeri si possono attaccare alle mie sonde di politimina, dopo quando sciacquo la provetta nella superficie avrò solo il mio Rna messaggero, così si purificano dal resto.

Ci sono regioni, **introni**, (scoperti intorno agli anni '70) che vengono poi eliminate durante la maturazione dell'Rna, i procarioti hanno perso gli introni. Il gene di un eucariote è più lungo dell'Rna messaggero, al contrario dei procarioti. Ciò che viene trascritto, che ha gli introni, non può essere chiamato Rna messaggero fino a quando non si avrà il capping (L'Rna viene traslocato dal nucleo al citoplasma, questo deve essere poliadelinato, inoltre si ha una modificazione al livello 5-1)

, il poli A e gli introni, ma si parlerà di premessaggero.

Dallo stesso gene si possono ricavare diverse proteine, perchè certe volte l'esone può diventare introne e viceversa.

Per questo l'eucariote ha molte funzioni in più rispetto al procariote.

5-1 e 3-1 (abbiamo una modificazione al 5-1 e al 3-1 negli eucarioti)

Non tutto l'Rna trascritto viene prodotto in proteina, la parte iniziale serve solo al legame con i ribosomi, questa parte viene trascritta ma non tradotta e si trova al 5-1, stessa storia avviene al 3-1, questo perché tutto ciò che è una biosintesi consuma energia, sintetizzare una porzione di Rna che non serve costa, quindi la selezione naturale cerca di non sprecare energia in funzione della riproduzione, la regione UTR 3-1 da stabilità, impedisce una degradazione troppo veloce, la rallentano, ma alcuni geni legati al turn over tenderanno ad essere degradate più velocemente perché si distruggono e si rigenerano in continuazione, quindi in questo caso il segnale di blocco sarà più leggero. Le ribonucleasi servono per riciclare l'Rna, le troviamo abbondanti nelle secrezioni delle mucose, perché servono a proteggerci dai virus Rna, come quello dell'influenza, incluso anche SARS. Le ribonucleasi non si degradano facilmente come enzimi, ma possono andare a degradare Rna.

Processo di splicing: porta alla rimozione degli introni

I fattori proteici individuano dove inizia e finisce l'introne che si piega e alla fine verrà liberato. Il Dna è formato da porzioni *endomiche e intromiche. Lo splicing porta la molecola di Rna ad essere più piccola ed una sola sequenza viene tradotta. Da uno stesso gene, possiamo avere proteine diverse, gli introni sono determinate da segnali che non sono univoci al 100%, il riconoscimento avviene attraverso le proteine la cui produzione può variare.

Nel moscerino della frutta, la determinazione del sesso dipende dallo splicing alternativo, che modula la proteina finale.

In termini molecolari si ha il riconoscimento dell'introne, viene riconosciuto perché inizia sempre con 2 basi GU al 5-1 e termina con AG al 3-1, poi troviamo un'adenina nella seconda metà dell'introne un sito di ramificazione, che lavora per eliminare l'introne, la particella di splicing viene riconosciuta. Le particelle di splicing avvicinano il GU al sito di ramificazione e qui avviene una reazione, i 2 reagiscono, il legame tra la porzione dell'esone e il GU viene spostato, perché il GU si lega con il sito di ramificazione, per cui il pezzo verde si troverà vicino al 2 esone e reagiscono, così il primo pezzo verde, il suo 3-1 si va a legare al secondo esone, i due si salderanno, il 2 esone non legerà più AG e così l'introne sarà libero formando una struttura a lazzo. (mentre nel DNA avremmo GT e AG)