

Come nella duplicazione, i due filamenti di DNA devono prima di tutto separarsi nel punto in cui il processo inizia. L'inizio della trascrizione è determinato da una speciale sequenza di DNA chiamata promotore o (primer). Un promotore è uno specifico sito a cui si lega l'RNA polimerasi, l'enzima che guida la trascrizione, e che indica da dove partire e quale dei due filamenti della doppia elica di DNA deve essere usato come stampo. I nucleotidi dell'RNA, quindi, vengono posizionate dall' RNA polimerasi uno alla volta lungo il filamento stampo di DNA, e formano legami idrogeno con le sue basi azotate. L'enzima di trascrizione RNA polimerasi, provvede quindi a legare tra loro i ribonucleotidi. Lungo il DNA, specifiche sequenze di nucleotidi segnano i punti di inizio di arresto della trascrizione di ciascun gene. Nella prima fase(inizio), l'RNA polimerasi si unisce al promotore sul DNA e inizia la sintesi dell'RNA. Nella seconda fase (allungamento), l'RNA si allunga; mentre la sintesi prosegue, il filamento di RNA si separa dal DNA stampo, i cui filamenti possono così appaiarsi nuovamente lungo il tratto già trascritto. Infine, nella terza fase (terminazione), l'RNA polimerasi raggiunge una sequenza di basi sul DNA stampo, detta sequenza di terminazione, che segnala la fine del gene.

L'RNA ottenuto dalla trascrizione è chiamato RNA messaggero (mRNA), perché trasmette l'informazione genetica dal DNA al dispositivo di traduzione della cellula. L'RNA messaggero viene trascritto a partire dal DNA stampo e il suo messaggio viene poi tradotto, nel citoplasma, in catene polipeptidiche. Nelle cellule procariote, che sono private di nucleo, trascrizione e traduzione avvengono entrambe nel citoplasma. Nelle cellule eucariote, invece, le molecole di mRNA necessarie per la traduzione devono uscire dal nucleo attraverso i pori nucleari e trasferirsi nel citoplasma, dove è situato l'apparato per la biosintesi dei polipeptidi. Negli eucarioti, prima di lasciare il nucleo, gli mRNA vengono modificati, o elaborati, in vario modo. Un tipo di elaborazione consiste nell'aggiunta di un breve "cappuccio" a un'estremità, formato da un unico nucleotide G, e di una lunga coda all'altra estremità, che contiene da 50 a 250 nucleotidi di adenina.

LO SPLICING DELL'RNA

Nelle piante e negli animali i geni includono di solito regioni intermedi non codificanti, chiamate introni. Le regioni codificanti, ossia le parti del gene che saranno poi espresse come amminoacidi, sono chiamate invece esoni. Tuttavia, prima l'RNA lascia il nucleo, gli introni sono rimossi mentre gli esoni si uniscono producendo una molecola di mRNA con una sequenza codificante continua. Questo processo di "taglia e cuci" è detto splicing. Nella maggior parte dei casi, lo splicing dell' RNA è catalizzato da un complesso di proteine e di piccole molecole di RNA, ma a volte sono gli stessi trascritti di RNA a catalizzare il processo. La sintesi dei polipeptidi prosegue a questo punto con il processo di traduzione, che coinvolge un apparato molto più complicato rispetto alla trascrizione e costituito da vari componenti: l'RNA di trasporto (tRNA), un altro tipo di molecola di RNA; i ribosomi, gli organuli nei quali avviene la traduzione, costituiti da proteine e da un tipo di RNA detto RNA ribosomiale (rRNA); enzimi e altri fattori proteici; fonti di energia chimica, come l'ATP.