

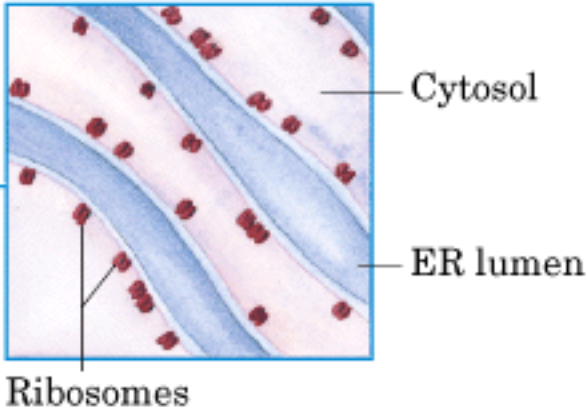
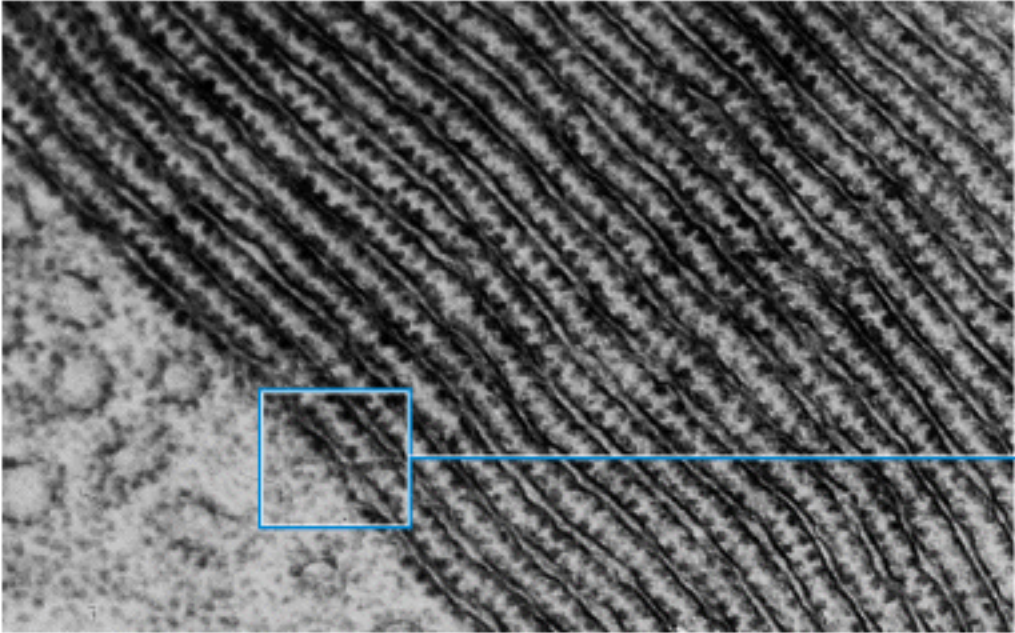
# *Codice Genetico*

E' l'insieme dei codici a tripletta nel DNA (o nell'RNA) che codifica gli amminoacidi delle proteine

## *Le tre grandi scoperte*

- *Identificazione della localizzazione della sintesi proteica (Zamecnik, 1950):*
  - *iniezione di AA radioattivi nei ratti;*
  - *a diversi intervalli, rimozione, omogeneizzazione e frazionamento del fegato;*
  - *analisi delle frazioni subcellulari al fine di determinare la presenza di proteine radioattive.*

*Se si lasciavano trascorrere diversi giorni, tutte le frazioni contenevano proteine radiomarcate; se il fegato veniva rimosso pochi minuti dopo l'inoculazione degli AA radioattivi, le proteine radiomarcate si trovavano solo in una frazione ricca di particelle ribonucleoproteiche (**RIBOSOMI**)*



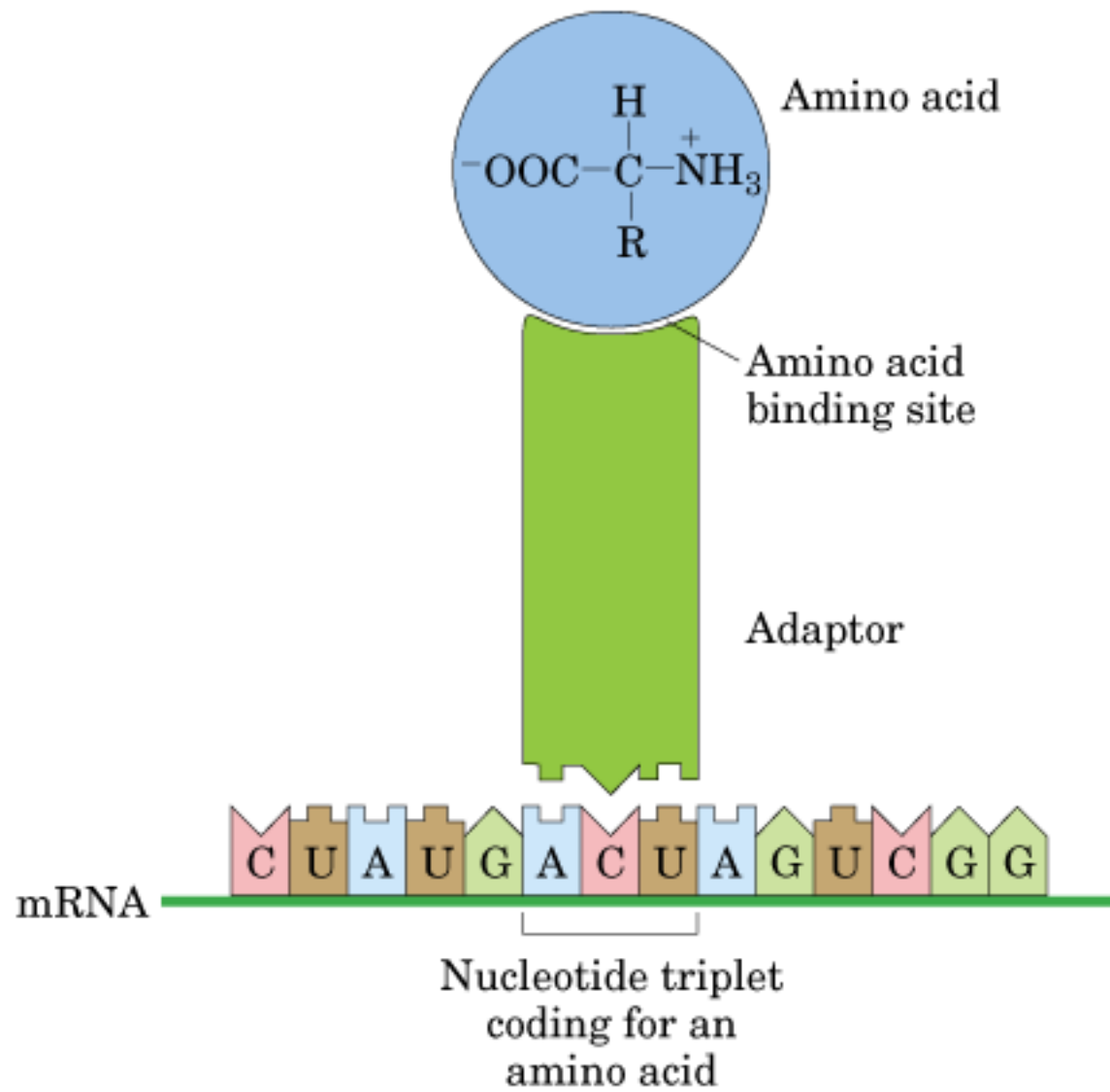
- ***Identificazione dell'amminoacil-tRNA***

***(Hoagland and Zamecnik):***

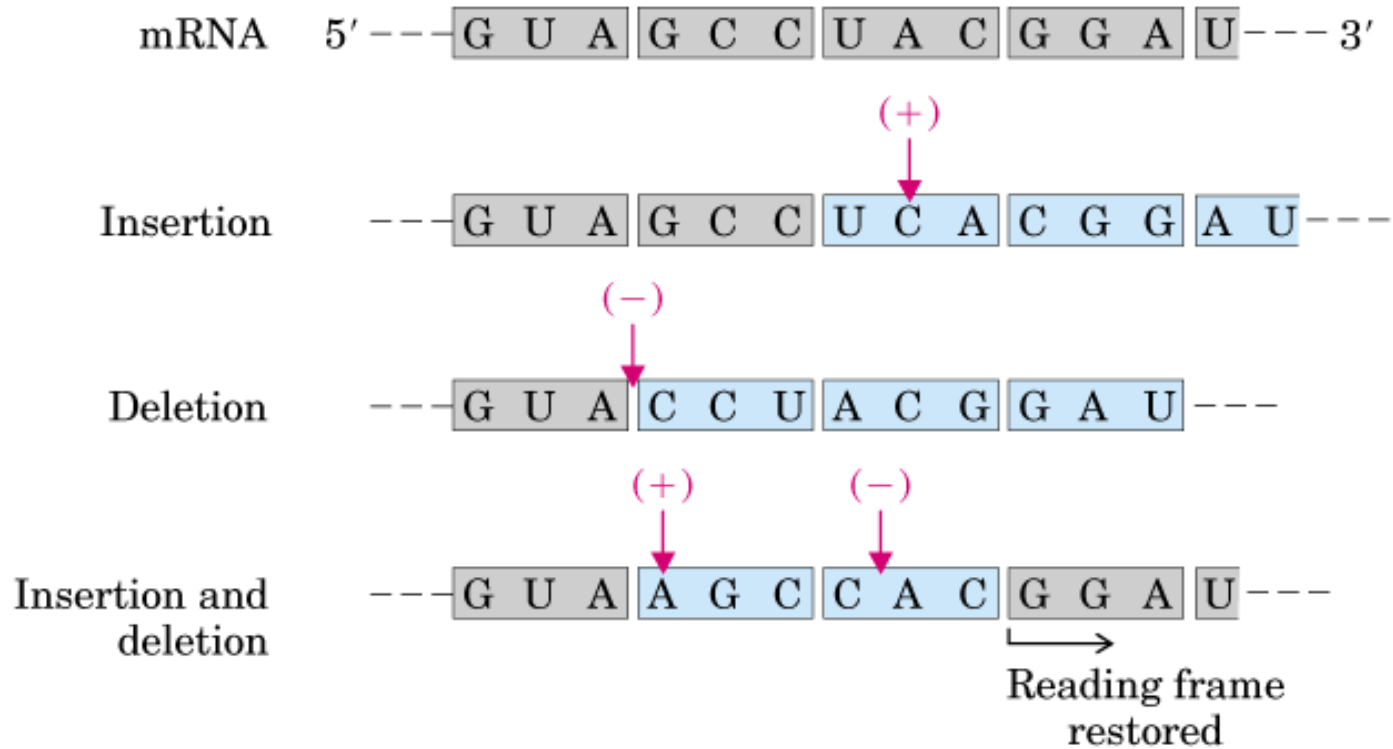
- *Gli AA vengono “attivati” se sono incubati in presenza di ATP e della frazione citosolica degli epatociti;*
- *Essi sono uniti ad un particolare tipo di RNA (tRNA) con cui formano un complesso (**amminoacil-tRNA**);*
- *Gli enzimi che catalizzano questo processo sono le **amminoacil-tRNAsintetasi**.*

- ***Identificazione della funzione di “adattatore” del tRNA (Crick)***
  - *Un piccolo acido nucleico (presumibilmente l’RNA) deve servire da “adattatore” e deve essere così strutturato:*
    - *Una porzione deve legare un amminoacido specifico*
    - *Un’altra porzione che riconosce un breve segmento di mRNA codificante per lo specifico amminoacido.*

*Il processo della sintesi proteica guidata dall’ mRNA viene definito*  
**TRADUZIONE.**



## *Codice a triplete non sovrapposte*



*In grigio le triplete codificanti; in azzurro sono i nuovi codoni che risultano dalle mutazioni per inserzione e delezione*

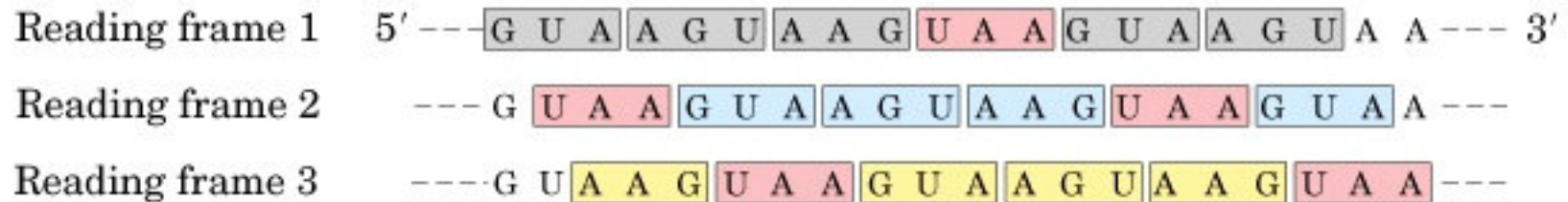
## *Potenziati quadri di lettura di un mRNA*

Reading frame 1 5'--UUCUCGGAC CUGGAGAUUCACAGU---3'  
Reading frame 2 ---UUCUCGG ACCUGGAGAUUCACA GU---  
Reading frame 3 ---UUCUCGG ACCUGGAGAUUCA CAGU---

*In un codice non sovrapposto, tutti gli mRNA hanno 3 potenziali quadri di lettura*



## ***Effetto di un codone di terminazione inserito in una sequenza ripetitiva***



*I tre diversi quadri di lettura sono raffigurati in colori diversi. I codoni di terminazione (in rosso). I codoni i rosso sono quelli di terminazione.*

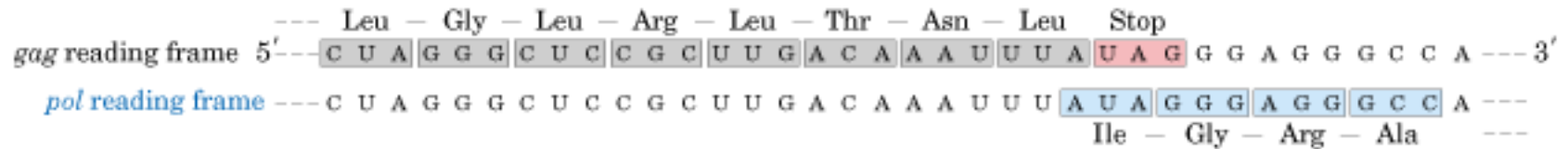
## ***Codoni con funzioni specifiche***

- ***Codone d'inizio (AUG):*** segnala l'inizio delle catene polipeptidiche in tutte le cellule; codifica per l'AA **METIONINA**
- ***Codoni di terminazione:*** sono tre (UAA, UAG, UGA) e non codificano per alcun AA. Essi segnalano la fine della catena polipeptidica
- ***Open Reading Frame (ORF)*** denominata anche ***Quadro di Lettura aperto***. Si ha se un quadro non presenta un codone di terminazione per più di 50 nucleotidi consecutivi
- ***Degenerazione del codice:*** è, forse, la caratteristica più sorprendente del codice genetico. Ad ogni singolo AA può corrispondere più di un codone. La differenza si realizza di solito a carico del terzo nucleotide.

Second letter of codon

		Second letter of codon							
		U		C		A		G	
First letter of codon (5' end)	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	

## *Scorrimento della cornice di lettura*

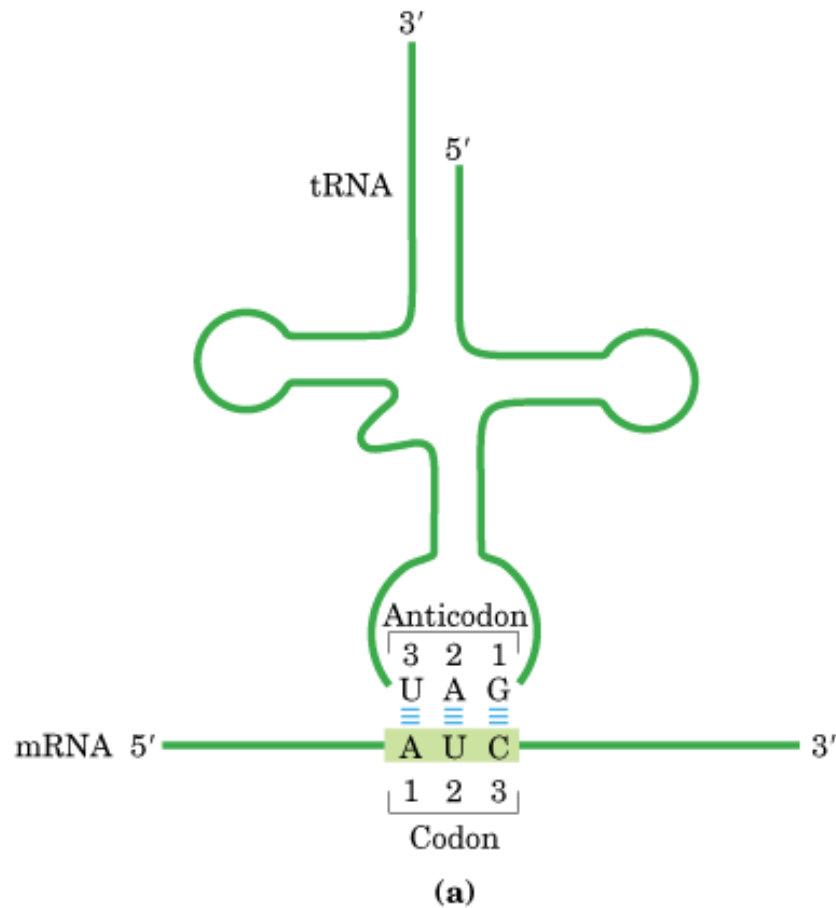


*E' possibile identificare, nell'ambito della medesima sequenza, due distinte cornici di lettura, entrambe perfettamente funzionali.*

table 27-4

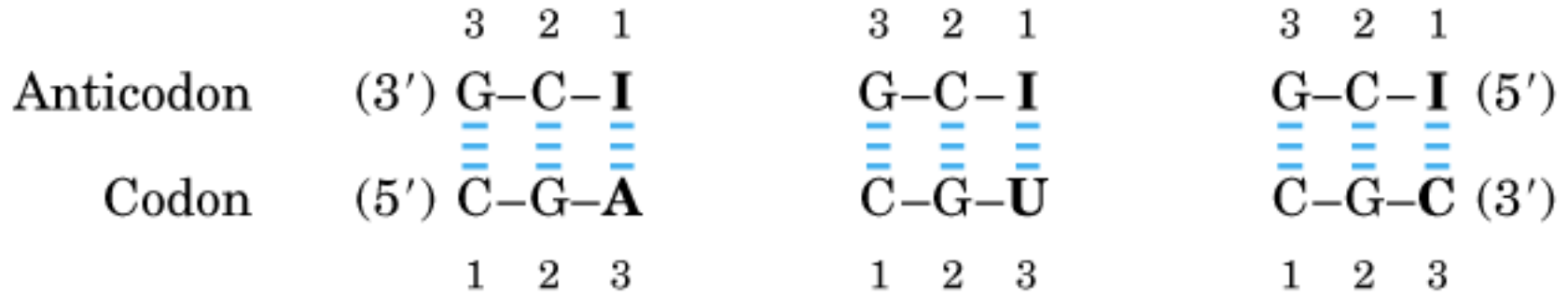
<b>Degeneracy of the Genetic Code</b>	
<b>Amino acid</b>	<b>Number of codons</b>
Ala	4
Arg	6
Asn	2
Asp	2
Cys	2
Gln	2
Glu	2
Gly	4
His	2
Ile	3
Leu	6
Lys	2
Met	1
Phe	2
Pro	4
Ser	6
Thr	4
Trp	1
Tyr	2
Val	4

## *Appaiamento di codoni ed anticodoni*



*Il tRNA è provvisto di una estremità particolare, denominata **anticodone**.*

*Questa estremità è in grado di leggere la sequenza dell'mRNA e di "comunicare" alla estremità opposta l'AA possibile.*



**(b)**

## ***Ipotesi dell'Oscillazione***

*E' una ipotesi formulata da Crick sulla base dei numerosi appaiamenti codone-anticodone.*

*Secondo tale ipotesi, la terza base della maggior parte dei codoni si appaia in modo piuttosto "libero" con la base corrispondente del proprio anticodone.*

- 1) Le prime due basi di un codone di mRNA formano sempre solidi appaiamenti e conferiscono gran parte della specificità di codificazione.*
- 2) Quando un AA viene specificato da più codoni diversi, i codoni che differiscono in una delle prime basi necessitano di tRNA diversi.*
- 3) Per la traduzione di tutti i 61 codoni sono necessari come minimo 32 tRNA*
- 4) La base oscillante (terza base) del codone contribuisce alla specificità di codificazione.*