

- Le prossime lezioni saranno incentrate sulla struttura delle principali macromolecole della cellula (DNA, RNA e proteine) e sul processo di traduzione della sequenza di DNA in proteine.
- Lo scopo è quello di dare una rapida visione a questi argomenti (che verranno poi ripresi molto più approfonditamente in corsi specifici) in modo da facilitare la comprensione dei successivi argomenti del corso.

Concetti Biologici basilari

Per approfondire <http://www.ebi.ac.uk/2can/biology/index.html> (in inglese)

Le -OMICS

La bioinformatica, in particolare, si occupa di gestire ed analizzare i dati che vengono prodotti in modo sistematico nelle numerose e più disparate discipline biologiche, quelle a cui spesso ci si riferisce, forse un po' esagerando, come **-OMICS**.

Ad esempio, la Genomica è la disciplina che si occupa di produrre, gestire ed analizzare i dati del genoma.

INSIEME DEI DATI	DISCIPLINA
GENOME	GENOMICS
PROTEOME	PROTEOMICS
TRASCRIPTOME	TRASCRIPTOMICS
METABOLOME	METABOLOMICS
BIBLIOME	BIBLIOMICS

Curiosità. Un sito che elenca tutte le -omics citate in letteratura:
<http://www.genomicglossaries.com/content/omes.asp>

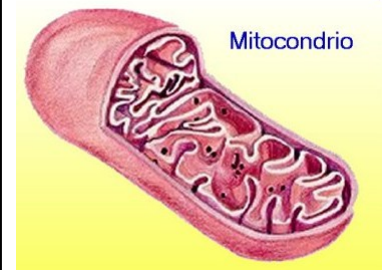
Procarioti ed Eucarioti

Procarioti (conosciuti anche come microbi) sono organismi unicellulari con una organizzazione relativamente semplice. Non contengono particolari organelli caratteristici degli eucarioti. Il materiale genetico (DNA) non è racchiuso in una particolare struttura.

Gli **Eucarioti** hanno un nucleo dove è contenuto il DNA ed hanno dei compartimenti interni, racchiusi da membrane, chiamati organelli, che assolvono a particolari compiti biologici (complesso del Golgi, lisosomi, **mitocondri** ecc.)

Mitocondri: Organelli cellulari, racchiusi da due membrane, posseggono un proprio DNA circolare a doppia elica (genoma mitocondriale). Una loro importante funzione è la produzione di energia (sotto forma di ATP) attraverso l'ossidazione di substrati organici.

Si pensa che, in origine, i mitocondri fossero dei batteri, inglobati dalle cellule eucariote con conseguente mutuo beneficio. Successivamente i batteri avrebbero trasferito gran parte del loro materiale genetico a quello cellulare, divenendo così, mitocondri (teoria endosimbiontica).



Principali molecole biologiche

-**Lipidi**: grazie alle loro caratteristiche chimiche formano membrane che racchiudono le cellule e gli organelli cellulari negli eucarioti.

-**Proteine**: svolgono quasi tutte le funzioni biologiche: formano strutture citoscheletriche; catalizzano alcune reazioni chimiche (enzimi); forniscono attività motorie alle cellule e nelle cellule; dirigono l'esportazione, l'importazione e lo spostamento di varie molecole; trasmettono particolari segnali tra i vari compartimenti cellulari, oppure come ormoni o fattori di crescita trasmettono segnali di controllo a differenti cellule; agiscono come anticorpi, enzimi digestivi; costituiscono tossine e veleni naturali; ecc.

-**Acidi Nucleici** (DNA e RNA) : Il DNA codifica l'informazione per costruire le proteine, l'RNA fornisce lo stampo per la sintesi delle proteine, interviene nella formazione di macromolecole complesse ed in particolari processi biologici.

Cosa sono le proteine:

- Le proteine sono polimeri lineari di **aminoacidi**, uniti chimicamente l'uno all'altro tramite legami **peptidici**.
- Sono costituite essenzialmente da 20 possibili aminoacidi diversi
- La **sequenza** con cui gli aminoacidi si succedono l'uno all'altro determina le proprietà di ogni proteina.
- Le differenti combinazioni dei 20 aminoacidi consentono la formazione di innumerevoli sequenze proteiche (es. proteina di 50 aa può avere 20^{50} sequenze differenti)
- Esistono proteine di lunghezze molto diverse, da pochi aminoacidi (in questo caso sono generalmente chiamate **peptidi**) a diverse migliaia di aminoacidi (Le proteine più comuni sono lunghe 50-1000 aa)

Dove trovare informazioni 'gratis'

breve corso sulla struttura delle proteine: <http://webhost.bridgew.edu/fgorga/proteins/default.htm>
A Review of Amino Acids <http://wbiomed.curtin.edu.au/teach/biochem/tutorials/AAs/AA.html>

La struttura e le proprietà dei 20 aminoacidi dovrete già conoscerle.

Struttura primaria, secondaria, terziaria, quaternaria

Aminoacidi idrofobici, idrofilici; polari, non polari; acidi, basici; aromatici e non

Sequenza di una proteina rappresenta la struttura primaria ed è l'ordine con cui gli aminoacidi si succedono nella molecola

La sequenza viene rappresentata con una 'stringa' di caratteri che rappresentano i simboli degli aminoacidi

es.: P R T W Q E R P R R T W C S S G R

In una proteina la sequenza di aminoacidi ha una direzione. Per convenzione la sequenza si scrive a partire dall'estremità **NH₂-(amino)terminale** all'estremità **COOH (carbossi)terminale** (corrisponde alla direzione di sintesi)

Quindi la sequenza 'ACDE' è diversa da 'EDCA'



I L D N A

Fino al 1944 si pensava che l'informazione biologica fosse conservata nelle proteine. Si sapeva che il DNA è costituito da 4 diverse basi, ma si pensava che avesse una funzione strutturale.

Avery, McLeod e McCarty scoprirono che il DNA del batterio *Pneumococcus* contiene l'informazione per conferire ai batteri la patogenicità.

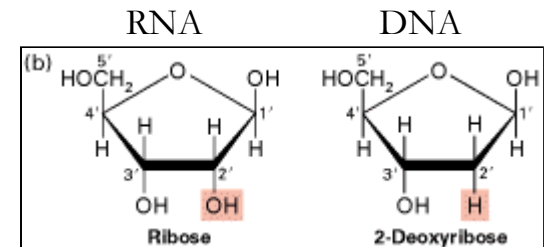
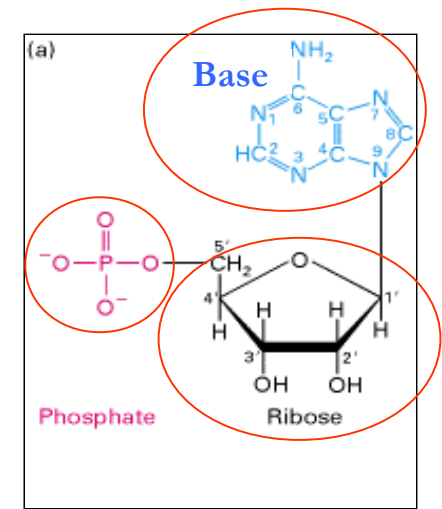
Il 25 Aprile del 1953, sulla rivista "Nature" furono pubblicati diversi lavori storici: in primo luogo quello di **Watson e Crick** che proposero la struttura a doppia elica del DNA, per cui due filamenti antiparalleli di DNA si appaiano a formare una doppia elica. Le A stanno appaiate con le T e le G con le C.

Nello stesso fascicolo di "Nature" furono anche pubblicati altri lavori tra i quali soprattutto il quello di **Rosalind Franklin** che fu la persona che produsse i dati di diffrazione ai raggi X del DNA, che portarono alla determinazione della struttura a doppia elica.

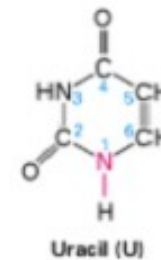
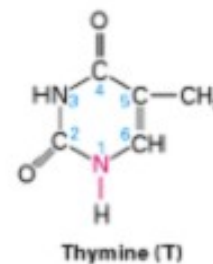
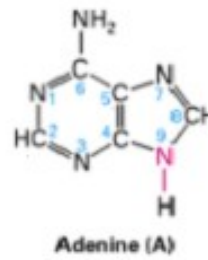
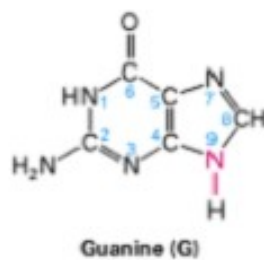
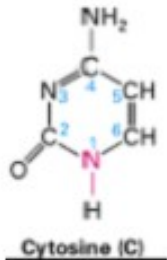
Acidi nucleici (DNA e RNA)

Gli acidi nucleici (DNA: *acido deossiribonucleico* e RNA: *acido ribonucleico*) sono dei polimeri organici costituiti da monomeri chiamati **nucleotidi**.

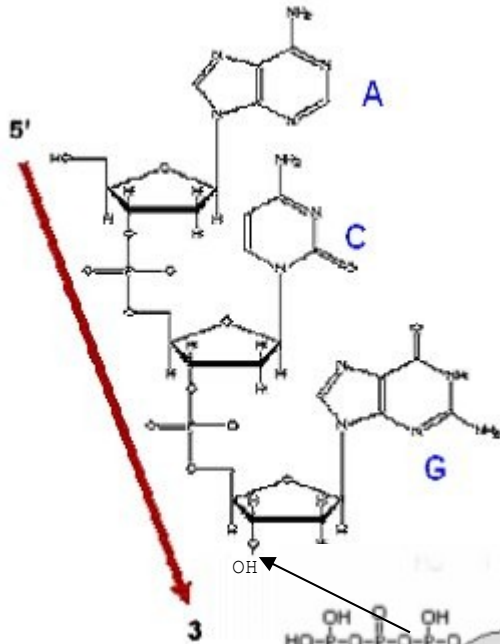
Tutti i nucleotidi sono costituiti da tre componenti fondamentali: un **gruppo fosfato**, una molecola di **zucchero pentoso** (**deossiribosio nel DNA o ribosio nell'RNA**) e una **base azotata** che si lega allo zucchero con legame N-glicosidico.



Gli acidi nucleici possono essere formati da solo quattro possibili basi azotate: **adenina**, **guanina**, **citrosina** (comuni al DNA e all'RNA), la **timina** presente solo DNA mentre l'**uracile** solo nel RNA.



Direzionalità delle sequenze di acidi nucleici



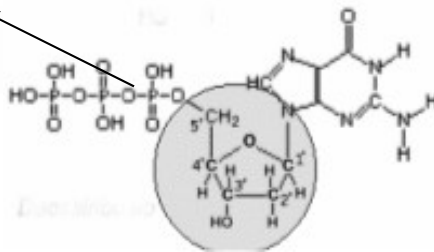
La sequenza di DNA (o RNA) rappresenta l'ordine con cui i differenti nucleotidi si succedono nella catena

Le sequenze hanno una direzione, sono generalmente scritte in direzione 5'- 3' (direzione di sintesi)

Ogni nuovo nucleotide viene aggiunto al 3' dello zucchero attraverso il gruppo fosfato. Quindi la catena cresce in direzione 5'→3' (facendo riferimento agli atomi di carbonio dello zucchero)

La sequenza in figura viene quindi scritta come segue:

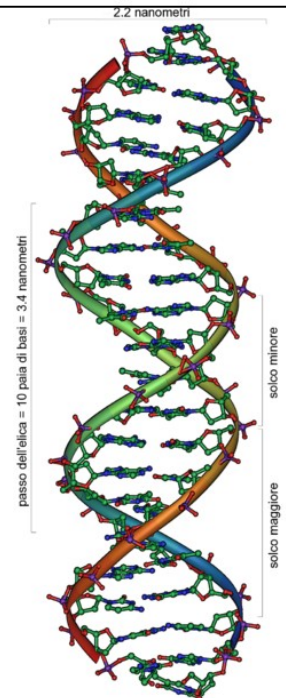
5'-ACG-3'



DOPPIA ELICA

Il DNA esiste prevalentemente in forma di doppia elica (2 molecole di DNA appaiate ed avvolte tra loro).

Questa forma rende il DNA chimicamente più 'stabile' e più facilmente 'compattabile' nelle cellule



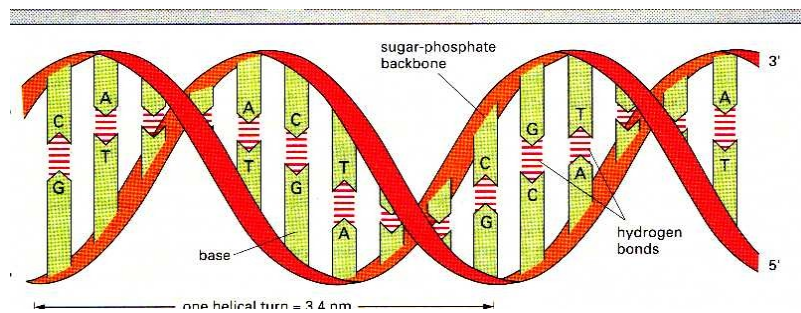
Nel DNA la doppia elica si forma per l'appaiamento delle basi (mediante legami idrogeno) dei due differenti filamenti

In particolare:

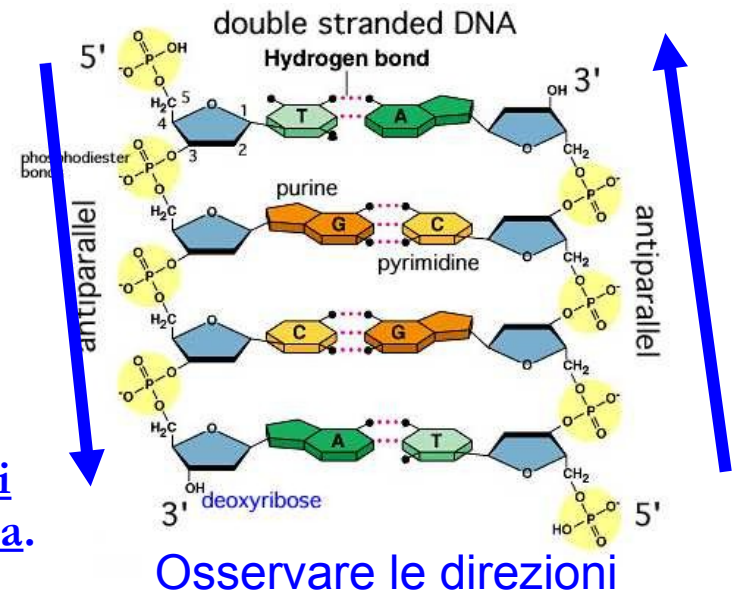
-Una adenina si appaia con una timina (appaiamento A-T o T-A)

-Una citosina si appaia con una guanina (appaiamento C-G o G-C)

Le basi che si appaiano tra loro si dicono **complementari** (C è complementare a G e viceversa, ecc.)



Nota: Se si conosce la sequenza di un'elica si può ricavare anche la sequenza dell'altra elica.



Osservare le direzioni

Negli eucarioti, il DNA si dispone all'interno del nucleo in strutture chiamate **cromosomi**.

Negli altri organismi, privi di nucleo, esso può essere organizzato in cromosomi o meno e risiede nel citoplasma

Osservare che l'appaiamento C-G avviene mediante 3 ponti idrogeno, mentre AT avviene solo con 2 ponti idrogeno.

Conseguenza: la stabilità dell'appaiamento delle basi azotate dipende dalla composizione in basi del DNA

Esercizio:

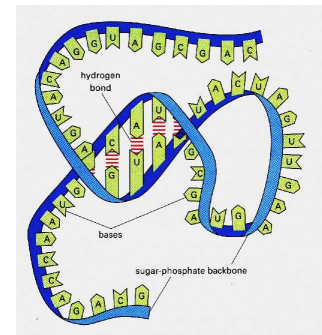
Le due sequenze qui sotto riportate appartengono, una ad un angelo del paradiso, l'altra ad un diavoleto dell'inferno (vive in un posto molto caldo)

segnare (in base alla stabilità termica) quali delle due eliche appartiene al diavoleto:

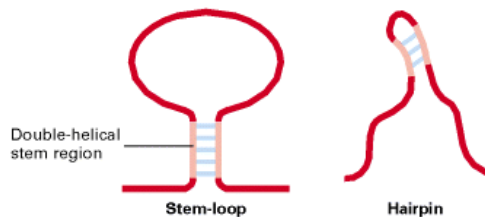
- 1) ATCTTCAGGATTCTTAATCTTG
- 2) GGCTCCGATCGGCCTAGCCTT

RNA

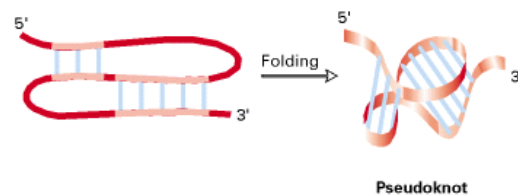
Anche le basi dell'RNA possono appaiarsi tra loro (C-G e A-U), generalmente però non formano la doppia elica, ma solo strutture particolari.



(a) Secondary structure



(b) Tertiary structure



Genoma: indica l'intero patrimonio genetico (DNA) di un organismo vivente che si trova all'interno del nucleo di tutte le sue cellule o in particolari organelli (mitocondri o cloroplasti).

Genomica: la scienza che studia, definisce e caratterizza il corredo genico nel suo complesso

DUPLICAZIONE, TRASCRIZIONE E TRADUZIONE

DNA $\xleftrightarrow{\text{Duplicazione}}$ DNA

Trascrizione

RNA

Traduzione

Proteina

- Il processo di **DUPLICAZIONE** porta alla formazione di copie delle molecole di DNA ed al trasferimento del materiale genetico.

- Il processo di **TRASCRIZIONE** è il trasferimento dell'informazione dal DNA alle molecole di RNA.

- La **TRADUZIONE** è il processo mediante il quale dall'RNA si passa alla sintesi delle proteine

TRASCRIZIONE (Transcription)

Processo nel quale l'RNA è sintetizzato a partire dal DNA stampo.

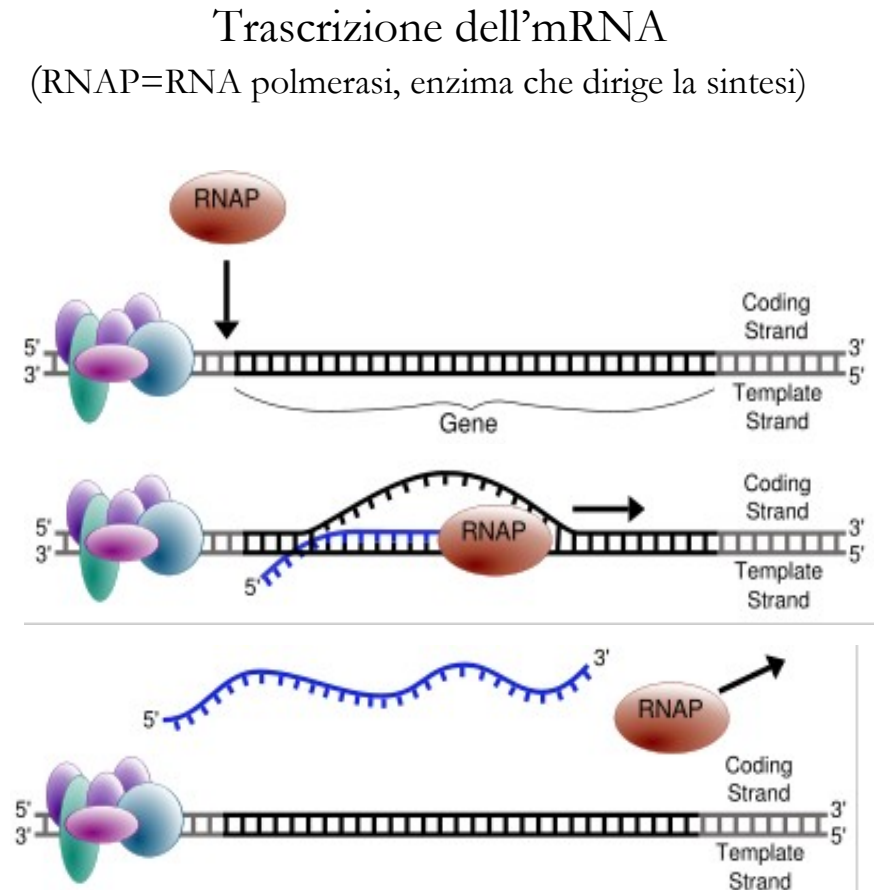
Con la trascrizione si ottengono molecole di RNA con differenti funzioni (es. intervengono nella sintesi proteica, nel silenziamento di geni, nella regolazione della trascrizione stessa):

mRNA (RNA messaggero), tRNA (RNA transfert), rRNA (RNA ribosomale), miRNA (micro RNA), snRNA (small nuclear RNA), ecc.

In particolare **l'mRNA (RNA messaggero)** rappresenta la molecola in cui è copiato il codice del DNA e che serve come stampo per la sintesi delle proteine

Gene (o cistrone): sequenza del DNA che determina la sequenza aminoacidica di una proteina.

DNA
↓
RNA
↓
Protein



Junk-DNA? (DNA spazzatura?)

Non tutto il DNA viene trascritto in RNA. Alcune parti del DNA forniscono informazioni su:

- inizio (**segnale d'inizio**) e fine (**segnale di stop**) della trascrizione,
- regolazione della trascrizione (nello stesso organismo, non tutti i geni vengono trascritti in tutte le cellule) → **promotori**, **repressori** della trascrizione

Generalmente, particolari sequenze segnale indicano la fine della trascrizione.

Negli eucarioti, un particolare sito provoca il taglio dell'mRNA nascente e innesca una reazione di poli-adenilazione. Generalmente gli mRNA eucarioti finiscono con una sequenza di 'A' ripetute (**poli A**).

Noterete questo particolare in laboratorio quando effettuerete le ricerche di trascritti nei database.

.....CTGCGCGAACTGCAAAACAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA (coda di poliA)

La funzione di molte regioni del DNA non è ancora conosciuta → junk-DNA?

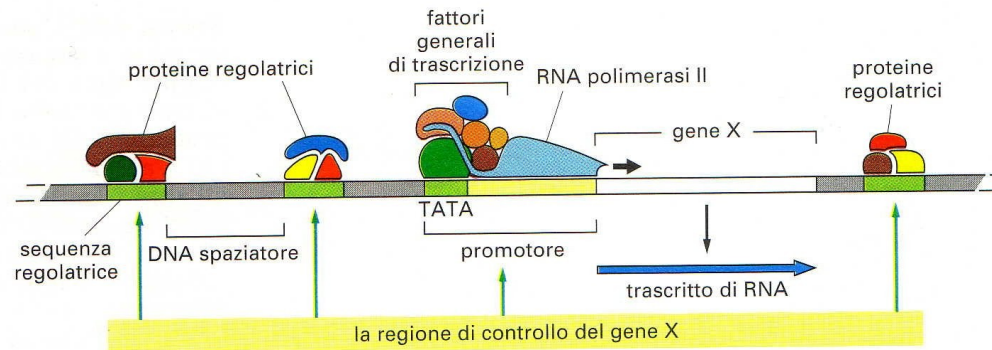
Regolazione della trascrizione (espressione genica)

La trascrizione della maggior parte dei geni è regolata in modo specifico.

Il **promotore** è la regione di DNA che si trova subito a monte dell'inizio della trascrizione.

Nel promotore sono presenti sequenze particolari che legano, oltre che l'RNA-polimerasi, anche specifici **fattori di trascrizione** che permettono all'RNA polimerarsi di legarsi e/o di iniziare la trascrizione.

Nel DNA (a monte e/o a valle del gene) possono esistere regioni regolatrici che legano proteine con funzione di **repressore** e/o **attivatore** della trascrizione



La bioinformatica ci aiuta a scoprire i particolari segnali caratteristici dei promotori

Es. <http://www.gene-regulation.com/pub/databases.html> e <http://tfbind.ims.u-tokyo.ac.jp/>

La traduzione (translation)

Consideriamo la sequenza lineare di DNA: 5'-ATGATCAGAATCG.....3'

Quante basi servono per poter definire 20 aminoacidi:

- 1 base (A, T, G, A, T, C,.....) : solo 4 aminoacidi
- 2 basi (AT, GA, TC, AG,.....): 4^2 combinazioni = 16 aminoacidi, *non basta!*
- 3 basi (ATG, ATC, AGA,.....): 4^3 combinazioni = 64 aminoacidi, *anche troppi*, ma è proprio così.

Il codice genetico:

fu decifrato negli anni '60.

Tutti gli organismi hanno essenzialmente lo stesso codice genetico con qualche piccola eccezione in casi molto particolari (ad esempio i mitocondri): viene perciò definito universale.

Il codice genetico è letto interpretando tre basi alla volta, *senza sovrapposizioni*: ogni gruppo di tre basi viene chiamato tripletta o più propriamente **codone**.

	T	C	A	G
T	TTT Phe (F) TTC " TTA Leu (L) TTG "	TCT Ser (S) TCC " TCA " TCG "	TAT Tyr (Y) TAC TAA Ter TAG Ter	TGT Cys (C) TGC TGA Ter TGG Trp (W)
C	CTT Leu (L) CTC " CTA " CTG "	CCT Pro (P) CCC " CCA " CCG "	CAT His (H) CAC " CAA Gln (Q) CAG "	CGT Arg (R) CGC " CGA " CGG "
A	ATT Ile (I) ATC " ATA " ATG Met (M)	ACT Thr (T) ACC " ACA " ACG "	AAT Asn (N) AAC " AAA Lys (K) AAG "	AGT Ser (S) AGC " AGA Arg (R) AGG "
G	GTT Val (V) GTC " GTA " GTG "	GCT Ala (A) GCC " GCA " GCG "	GAT Asp (D) GAC " GAA Glu (E) GAG "	GGT Gly (G) GGC " GGA " GGG "

Dei 64 possibili **codoni**, 61 sono detti **codoni senso**, in quanto specificano degli aminoacidi, gli altri 3 (Ter) sono di terminazione della sintesi proteica.

Ci sono 61 codoni per 20 aminoacidi; questo comporta che la maggioranza degli aminoacidi è rappresentata da più di un codone:

il codice genetico è detto degenerare

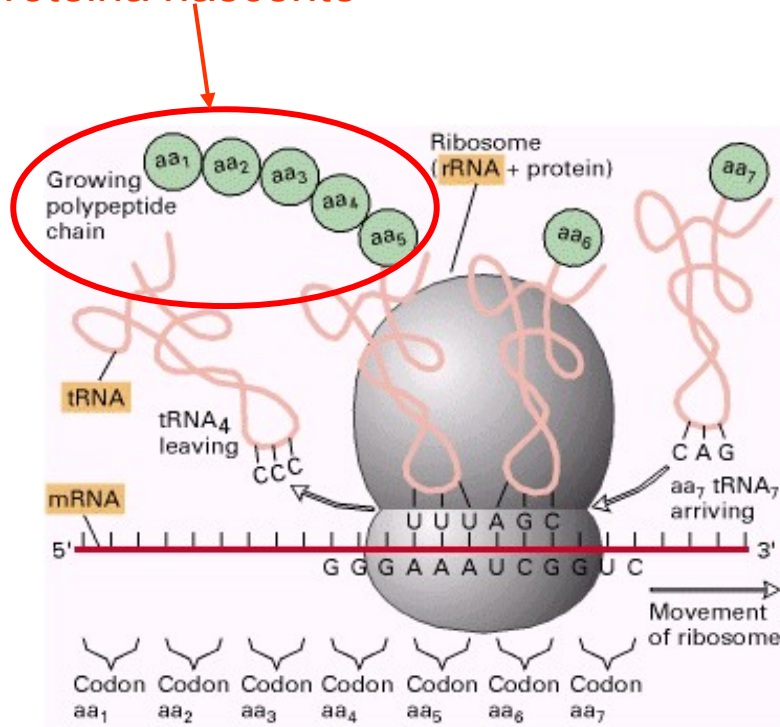
Metionina e triptofano dispongono ciascuno di un solo codone, ed infatti rappresentano gli aminoacidi meno abbondanti nelle proteine.

Il codone ATG (AUG nell'RNA), della metionina, è il codone di inizio più comune, specifica l' AA all' N-terminale della catena proteica.

Questa conoscenza è importante per la ricerca di sequenze codificanti all'interno di lunghe sequenze di DNA

Sintesi delle proteine

Proteina nascente



Sono trascritte anche regioni non tradotte

Sequenza di un trascritto (MYOZ 1) in formato FASTA ottenuta interrogando un database di sequenze nucleotidiche

```
>gi|21359948|ref|NM_021245.2| Homo sapiens myozenin 1 (MYOZ1), mRNA
GTTTCTCCCTAAGTGCTTCTTTGGATCTCAGGCTCTAGGTGCAATGTGAAGGGGAGTCCCTGGGCAGACTGATCCCTGGCTCAGAC
AGTTCAGTGGGAGAATCCCAAAGGCCTTTTCCCTCCTTCCCTGAGCCTCCGGGCAAGGAGGGAGGGATCTTGGTTCAGGGTCTCAG
TACCCCTGTGCCATTTGAGCTGCTTGCCTCATCATCTCTATTAATAACCAACTTCCCTCCCCACTGCCAGTGTGCCCCACG
CCTGCCAGCTCGTGTCTCCGGTACAGCAGCTCAGTCTCCAAAGCTGCTGGACCCAGGGAGAGCTGACCACTGCCCGAGCAG
CCGGCTGAATCCACCTCCACAATGCCGCTCTCAGGAACCCCGGCCCTAATAAGAAGAGGAAATCCAGCAAGCTGATCATGGAACT
CACTGGAGGTGGACAGGAGAGCTCAGGCTTGAACCTGGGCAAAAAGATCAGTGTCCCAAGGGATGTGATGTTGGAGGAACTGTCGC
TGCTTACCAACCGGGGCTCCAAGATGTTCAAACCTGCGGCAGATGAGGGTGGAGAAGTTTATTTATGAGAACCACCTGATGTTTTC
TCTGACAGCTCAATGGATCACTTCCAGAAGTTCCTTCCAACAGTGGGGGGACAGCTGGGCACAGCTGGTCAGGGATTCTCATACAG
CAAGAGCAACCGGCAGAGGCGGCAGCCAGGCAGGGGGCAGTGGCTCTGCCGGACAGTATGGCTCTGATCAGCAGCACCATCTGGGCTC
CTGGGTCTGGAGCTGGGGGTACAGGTGGTCCCGCGGGCCAGGCTGGCAGAGGAGGAGCTGCTGGCACAGCAGGGGTTGGTGAGACAG
GGATCAGGAGACCAGGCAGGCGGAGAAGGAAAACATATCACTGTGTTCAAGACCTATATTTCCCATGGGAGCGAGCCATGGGGGTT
TGACCCCCAGCAAAAAATGGAACCTTGGCATTGACCTGCTGGCCTATGGGGCCAAAGCTGAACTTCCCAAATATAAGTCTTCAACAA
GGACGGCAATGCCCTATGGTGGATATGAGAAGGCCTCAAACGCATGACCTTCCAGATGCCCAAGTTTGACCTGGGGCCCTTGCTGT
AGTGAACCCCTGGTCTCTACAACCAAAACCTCTCCAACAGGCCTTCTTTCAATCGAACCCCTATTCCCTGGCTGAGCTCTGGGGAG
GCCTGTAGACTACAACGTGGATATTGGCATCCCCTTGGATGGAGAAACAGAGGAGCTGTGAGGTGTTTTCCCTCCTCTGATTTGCATC
ATTTCCCTCTCTGGCTCCAATTTGGAGAGGGAATGCTGAGCAGATAGCCCCATTGTTAATCCAGTATCCTTATGGGAATGGAGG
GAAAAAGGAGAGATCTACCTTTCCATCCTTTACTCCAAGTCCCCACTCCACGCATCCTTCCCTACCAACTCAGAGCTCCCCTTCTA
CTTGCTCCATATGGAACCTGCTCGTTTATGGAATTTGCTCTGCCACCAGTAACAGTCAATAAACTTCAAGGAAAATGAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
```

Solo la parte centrale (in blu e sottolineata) codifica per la relativa proteina (MYOZENIN 1). **La regione a monte si definisce 5'UTR, la regione a valle si definisce 3'UTR (UTR=UnTraslate Region)**

Notare il poliA finale

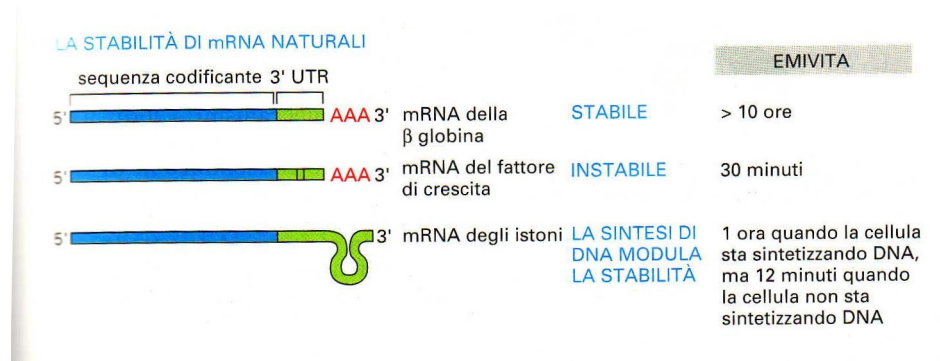
Sono trascritte anche regioni non tradotte

L'inizio della trascrizione è solitamente 50-200 bp a monte dell'inizio della regione codificante, la fine della trascrizione è invece, mediamente 200 – 1000 bp a valle della regione codificante.

Queste regioni vengono denominate rispettivamente **5'UTR** e **3'UTR**.

(UTR=UnTraslate Region)

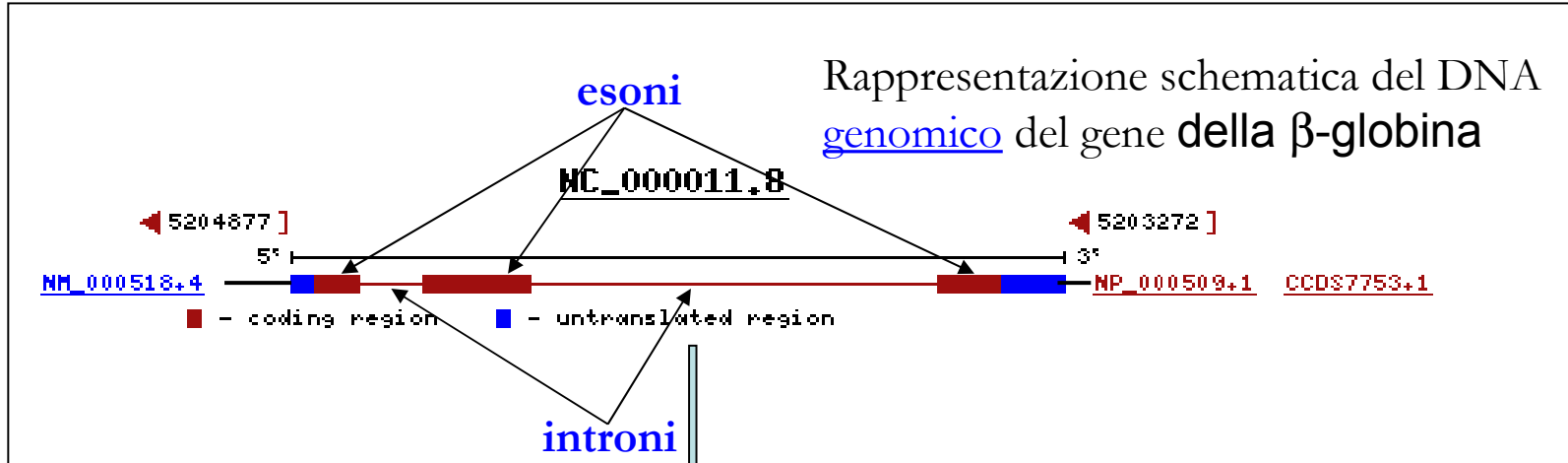
Anche se non codificano per le proteine, queste regioni svolgono importanti ruoli di controllo e regolazione (es. stabilità del mRNA, localizzazione cellulare, regolazione della traduzione ecc.ecc.)



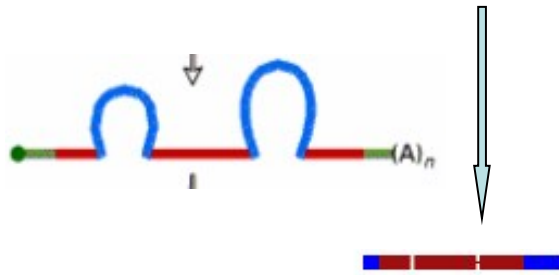
Esempio dell'influenza della regione 3'UTR sulla stabilità dell'mRNA

ESONI – INTRONI

Generalmente i geni degli eucarioti (in particolare degli eucarioti superiori) sono interrotti da introni.



Trascrizione, poliadenilazione, taglio al 3'
→ trascritto primario



Messaggero maturo

Maturazione dell'RNA

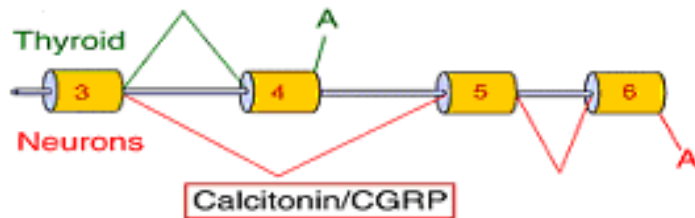
Ad opera di un complesso ribonucleoproteico: *splicing* degli **introni** (la loro eliminazione), e l'unione degli **esoni** a formare il trascritto maturo (**RNA messaggero maturo**).

Splicing alternativo

Durante lo splicing, gli esoni degli eucarioti possono essere combinati in modo differente.

Si ottengono così differenti mRNA che codificano differenti proteine a partire dallo stesso gene

Questo meccanismo consente di amplificare la quantità di informazione contenuta nel genoma. (nell'uomo si stimano circa 30-40000 geni che, con questo meccanismo, possono codificare per più di 100.000 differenti proteine.



Esempio di splicing alternativo

L'uso alternativo dello *splicing* nel gene dei vertebrati per la calcitonina e CGRP (Calcitonin Gene Related Peptide), genera un ormone che regola l'omeostasi del calcio nella ghiandola tiroide (in verde) o un neuropeptide vasodilatatore nel sistema nervoso (in rosso).

Database di splicing alternativi: <http://www.ebi.ac.uk/astd> ; <http://bioinformatics.ucla.edu/ASAP2/>



[All Databases](#)
[PubMed](#)
[Nucleotide](#)
[Protein](#)
[Genome](#)
[Structure](#)
[OMIM](#)
[PMC](#)
[Journals](#)
[Books](#)

Search for

Display

1: **CALCA** calcitonin-related polypeptide alpha [*Homo sapiens*]

GeneID: 796

updated 16-Apr-2010

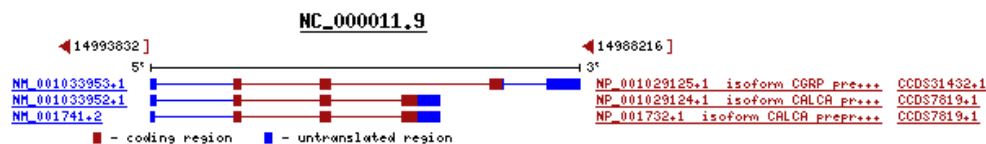
Summary ↑ ?

Official Symbol	CALCA	provided by HGNC
Official Full Name	calcitonin-related polypeptide alpha	provided by HGNC
Primary source	HGNC:1437	
See related	Ensembl:ENSG00000110680 ; HPRD:00238 ; MIM:114130	
Gene type	protein coding	
RefSeq status	REVIEWED	
Organism	Homo sapiens	
Lineage	<i>Eukaryota</i> ; <i>Metazoa</i> ; <i>Chordata</i> ; <i>Craniata</i> ; <i>Vertebrata</i> ; <i>Euteleostomi</i> ; <i>Mammalia</i> ; <i>Eutheria</i> ; <i>Euarchontoglires</i> ; <i>Primates</i> ; <i>Haplorrhini</i> ; <i>Catarrhini</i> ; <i>Hominidae</i> ; <i>Homo</i>	
Also known as	CT; KC; CGRP; CALC1; CGRP1; CGRP-I; MGC126648; CALCA	
Summary	This gene encodes the peptide hormones calcitonin, calcitonin gene-related peptide and katecalcin by tissue-specific alternative RNA splicing of the gene transcripts and cleavage of inactive precursor proteins. Calcitonin is involved in calcium regulation and acts to regulate phosphorus metabolism. Calcitonin gene-related peptide functions as a vasodilator while katecalcin is a calcium-lowering peptide. Multiple transcript variants encoding different isoforms have been found for this gene.	

Genomic regions, transcripts, and products ↑ ?

(minus strand) Go to [reference sequence details](#)

[Try our new Sequence Viewer](#)



Traduzione in silico

Data una sequenza nucleotidica, è possibile tradurla utilizzando sei differenti frame di lettura, tre per ogni filamento (senso e antisenso), allo scopo di individuare una **Open Reading Frame (ORF)** cioè una sequenza nucleotidica che potenzialmente codifica per una proteina completa (di solito non meno di 70-100 aa).

Con appositi programmi, che scansionano tutto un genoma, è possibile trovare tantissime proteine PUTATIVE, cioè possibili ma non verificate.

Esempio (Traduzione con <http://www.expasy.ch/tools/dna.html>)

```
ACATGATGACCAAGAACCTGGCAGGAAAGACCCCGACGGACCTGGTGCAGCTCTGGCAGGCTGATACCCGGCACGCCCTGGAGCATCCTGA
GCCGGGGGCTGAGCATAACGGGCTGGAGGGGCCTAATGATAGTGGGCGAGAGACCCCTCAGCCTGTGCCAGCCCAGTGAATGCGTCAATAA
AAAAGCTGTTTTTGGCTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA
```

```
T Stop Stop P R T W Q E R P R R T W C S S G R L I P G T P W S I L S R G L S I T G W R G L Met I V G E R
P L S L C Q P S E C V N K K A V F A K K K K K K
```

```
H D D Q E P G R K D P D G P G A A L A G Stop Y P A R P G A S Stop A G G Stop A Stop R A G G A Stop Stop
Stop W A R D P S A C A S P V N A S I K K L F L L K K K K K K
```

```
Met Met T K N L A G K T P T D L V Q L W Q A D T R H A L E H P E P G A E H N G L E G P N D S G R E T P Q
P V P A Q Stop Met R Q Stop K S C F C Stop K K K K K
```

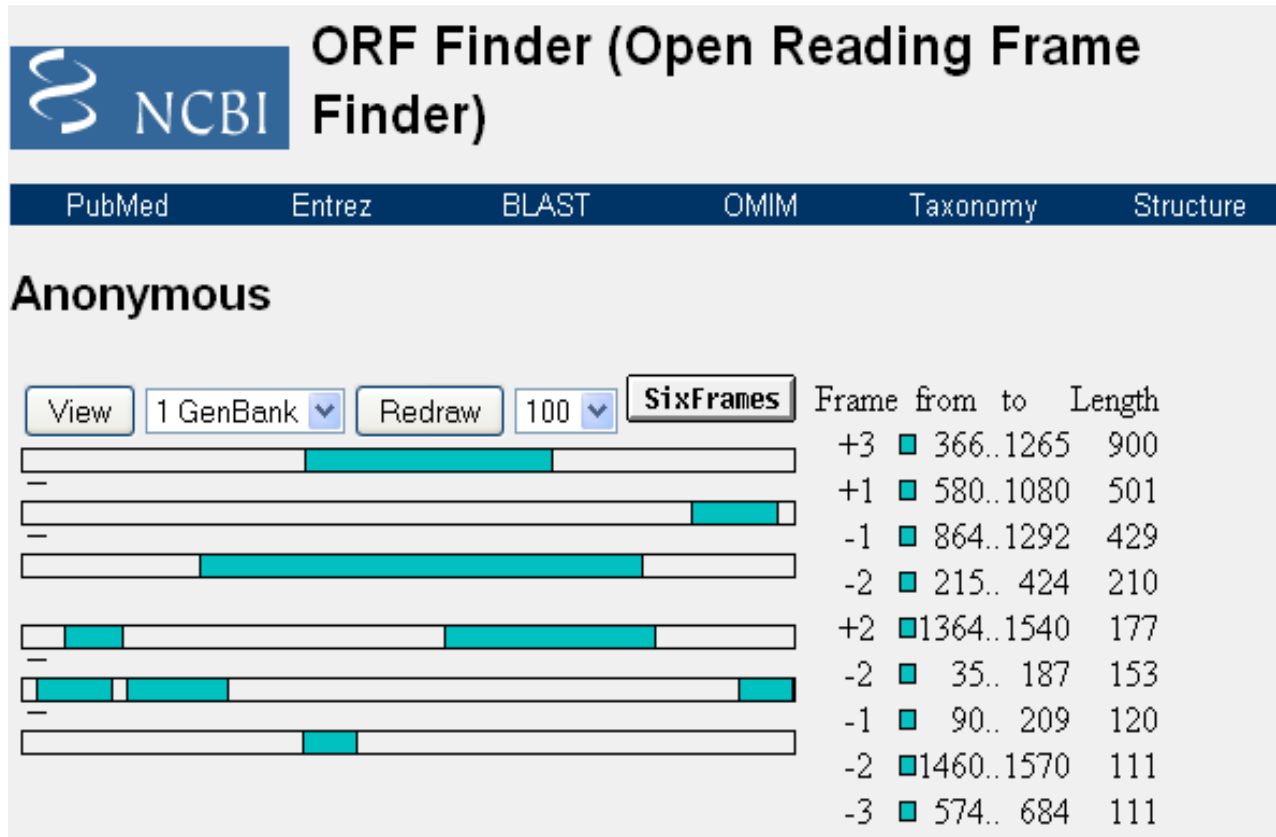
```
F F F F F F Stop Q K Q L F Y Stop R I H W A G T G Stop G V S R P L S L G P S S P L C S A P G S G C S R A
C R V S A C Q S C T R S V G V F P A R F L V I Met
```

```
F F F F F F S K N S F F I D A F T G L A Q A E G S L A H Y H Stop A P P A R Y A Q P P A Q D A P G R A G Y
Q P A R A A P G P S G S F L P G S W S S C
```

```
F F F F F L A K T A F L L T H S L G W H R L R G L S P T I I R P L Q P V Met L S P R L R Met L Q G V P G
I S L P E L H Q V R R G L S C Q V L G H H
```

Vedere esercizio completo di traduzione nel file traduzione.pdf

Esistono anche altri programmi (come ORF Finder all'NCBI) che offrono una veste grafica alla traduzione in silico



Altri Siti interessanti (anche con animazioni)

Trascrizione e traduzione:

www.vcbio.sci.kun.nl/eng/virtuallessons/cellcycle/trans/

Trascrizione:

<http://vcell.ndsu.edu/animations/transcription/movie.htm>

Traduzione:

<http://vcell.ndsu.edu/animations/translation/movie.htm>