

Soluzioni per il tuo controllo

1. Il CTD della RNA polimerasi II funziona come una piattaforma dinamica di reclutamento. La sua fosforilazione durante il ciclo trascrizionale modifica le interazioni dell'enzima con complessi distinti, permettendo il reclutamento sequenziale dei fattori coinvolti nel *capping*, nello *splicing* e nella poliadenilazione. In questo modo, la maturazione dell'RNA avviene in stretta continuità con la sua sintesi.
2. Nella prima reazione, il 2'-OH dell'adenina del sito di ramificazione attacca il legame fosfodiesterico al sito di *splicing* 5', staccando l'esone a monte e formando il *lariat*. Nella seconda reazione, il 3'-OH libero dell'esone a monte attacca il sito di *splicing* al 3', unendo i due esoni e rilasciando l'introne.
3. Nei tessuti intestinali, l'enzima APOBEC1 deamina una specifica **citidina in uridine** nell'mRNA di ApoB, trasformando il codone di glutammina (CAA) in un codone di stop precoce (UAA). Si ottiene così l'isoforma tronca ApoB48, mentre nel fegato (dove l'editing non avviene) si traduce la proteina intera ApoB100.
4. Il *no-go decay* (NGD) riconosce i ribosomi in stallo citoplasmatico su molecole di mRNA danneggiate o contenenti strutture secondarie insormontabili. Il suo scopo è scindere l'mRNA bloccato e favorire il disassemblaggio e il riciclo delle subunità ribosomiali.
5. I piRNA agiscono prevalentemente nella linea germinale silenziando i trasposoni e contribuendo alla stabilità genomica mediante degradazione dei trascritti o modificazioni epigenetiche. Gli yRNA, invece, interagiscono con la proteina Ro60 e partecipano alla sorveglianza e stabilità di specifiche popolazioni di RNA, contribuendo al controllo qualità dell'RNA cellulare.