

Soluzioni per il tuo controllo

1. Il codice genetico è degenerato, continuo e non sovrapposto. La degenerazione riduce l'impatto delle mutazioni puntiformi, mentre la lettura continua e ordinata garantisce una traduzione corretta. Queste caratteristiche contribuiscono alla robustezza e all'affidabilità della sintesi proteica.
2. I ribosomi sono complessi ribonucleoproteici formati da una subunità minore (decodifica) e una maggiore (catalisi). Presentano siti A, P ed E che coordinano l'ingresso dei tRNA, la formazione del legame peptidico e l'uscita. L'rRNA svolge funzione catalitica come ribozima.
3. I tRNA fungono da adattatori tra codoni e amminoacidi, grazie all'anticodone e al sito di legame CCA. La specificità è garantita dalle amminoacil-tRNA sintetasi, che riconoscono correttamente tRNA e amminoacido e possiedono meccanismi di editing per correggere errori.
4. I principali sistemi sono NMD (stop prematuro), NSD (assenza di stop) e NGD (stallo ribosomiale). Questi meccanismi degradano mRNA difettosi, prevenendo la produzione di proteine tronche o aberranti e mantenendo l'efficienza della sintesi proteica.
5. Le chaperoni assistono il ripiegamento delle proteine prevenendo l'aggregazione e stabilizzando intermedi di *folding*. Non determinano la struttura finale, ma favoriscono il corretto raggiungimento della conformazione nativa, spesso attraverso cicli ATP-dipendenti.
6. L'ubiquitinazione è una modificazione post-traduzionale che marca le proteine per diversi destini. Le catene poliubiquitina (ad es., K48) segnalano la degradazione proteasomiale, mentre altre forme regolano processi come traffico intracellulare e segnalazione.
7. Il proteasoma 26S degrada selettivamente proteine ubiquitinate, eliminando proteine danneggiate o mal ripiegate. Questo sistema mantiene la qualità proteica e regola processi cellulari chiave, come ciclo cellulare e risposta allo stress.
8. Gli antibiotici colpiscono i ribosomi batterici (70S), interferendo con diverse fasi della traduzione: inizio, ingresso del tRNA, formazione del legame peptidico o traslocazione. Questa selettività deriva dalle differenze strutturali rispetto ai ribosomi eucariotici.