

Fisica Biologica

M. B. Jackson “*Molecular and Cellular Biophysics*” Cambridge University Press 2006

Altre letture:

M. Daune “*Molecular Biophysics: Structures in motion*” Oxford University Press 1999

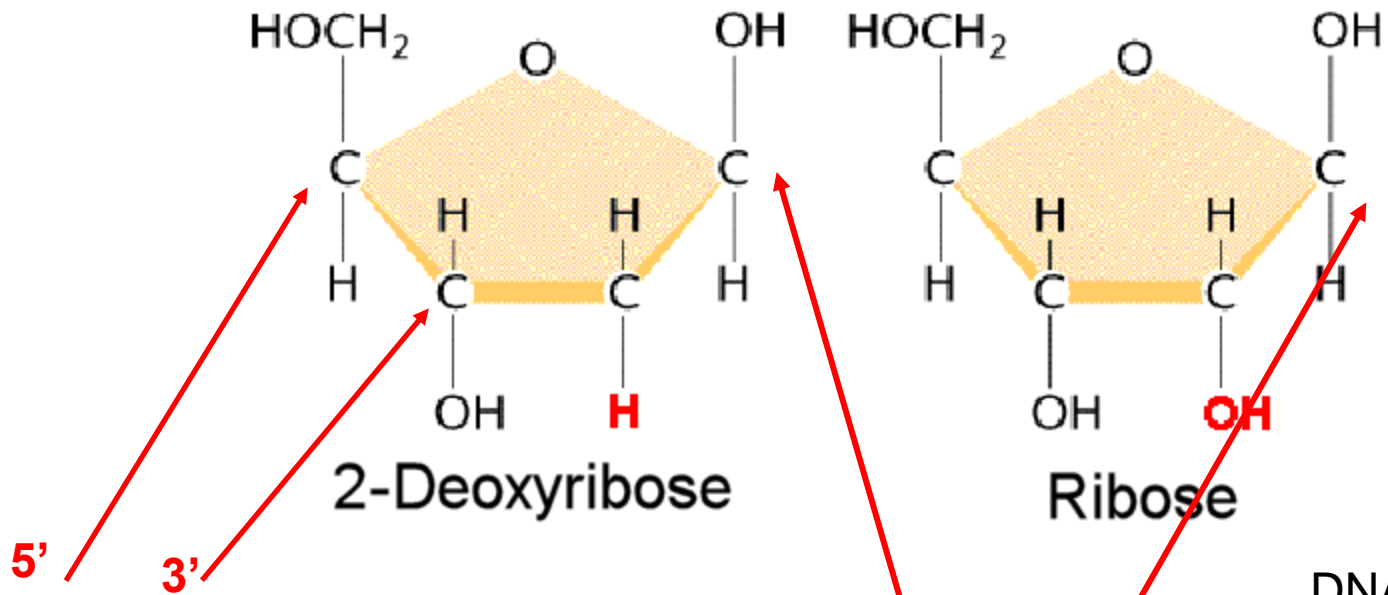
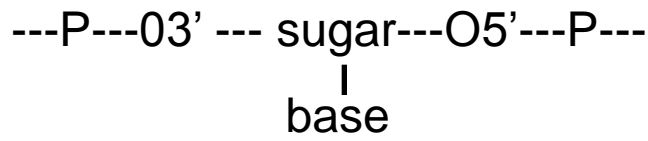
M. Kurzynski “*The Thermodynamic Machinery of Life*” Springer 2006

A. V. Finkelstein, O. Ptistyn “*Protein Physics*” Academic Press, 2002

P. Nelson “*Biological Physics: Energy, Information and Life*” Freeman 2004

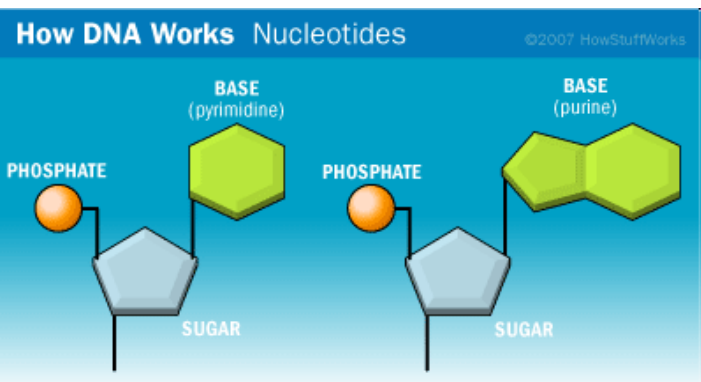
K. Sneppen, G. Zocchi “*Physics in Molecular Biology*” Cambridge University Press 2005

M. Rubinstein, R.H. Colby “*Polymer Physics*” Oxford University Press 2003



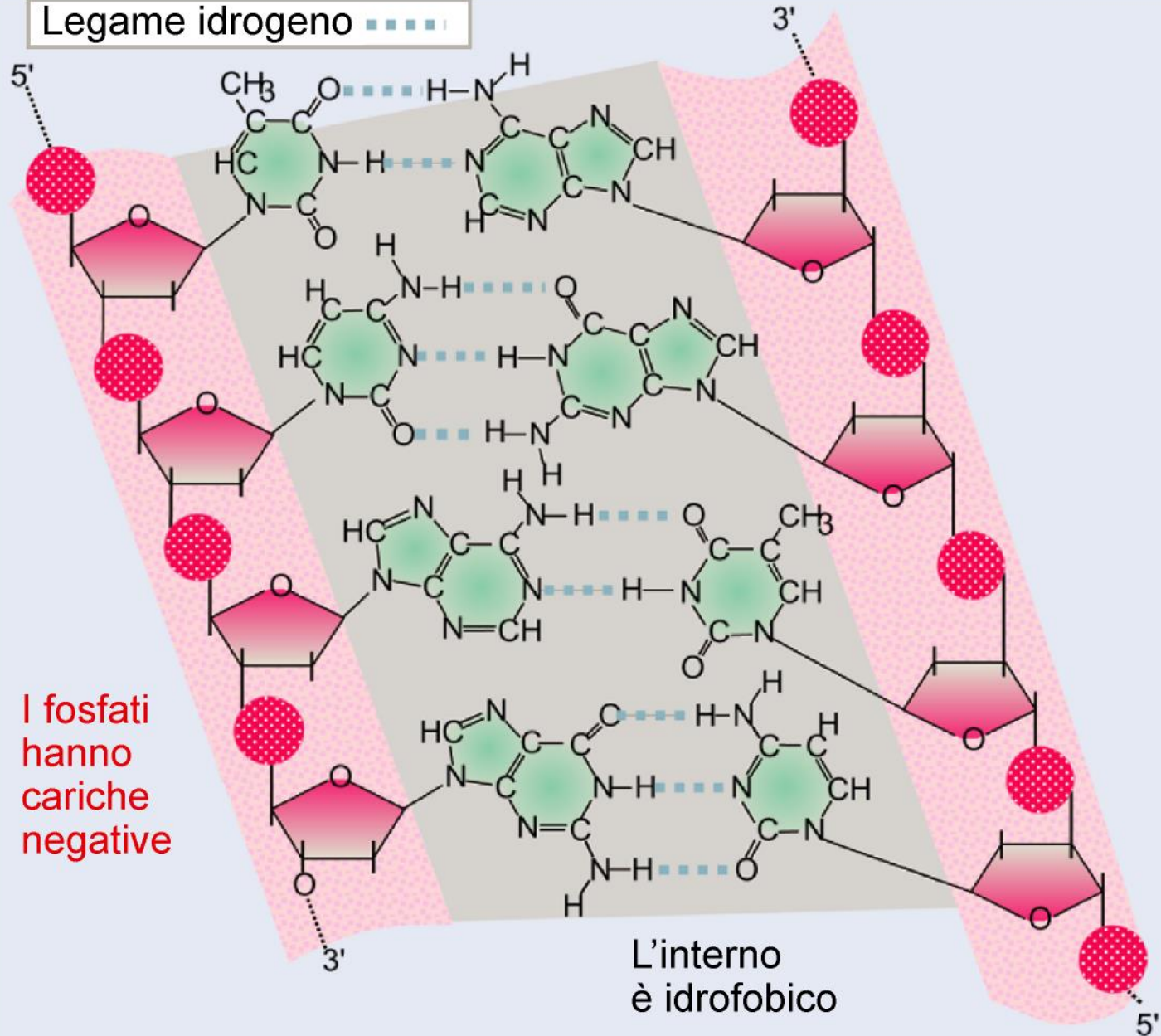
basi

DNA
 Polimerase
 Forma il legame
 nella biosintesi



La doppia elica ha una larghezza costante

Legame idrogeno



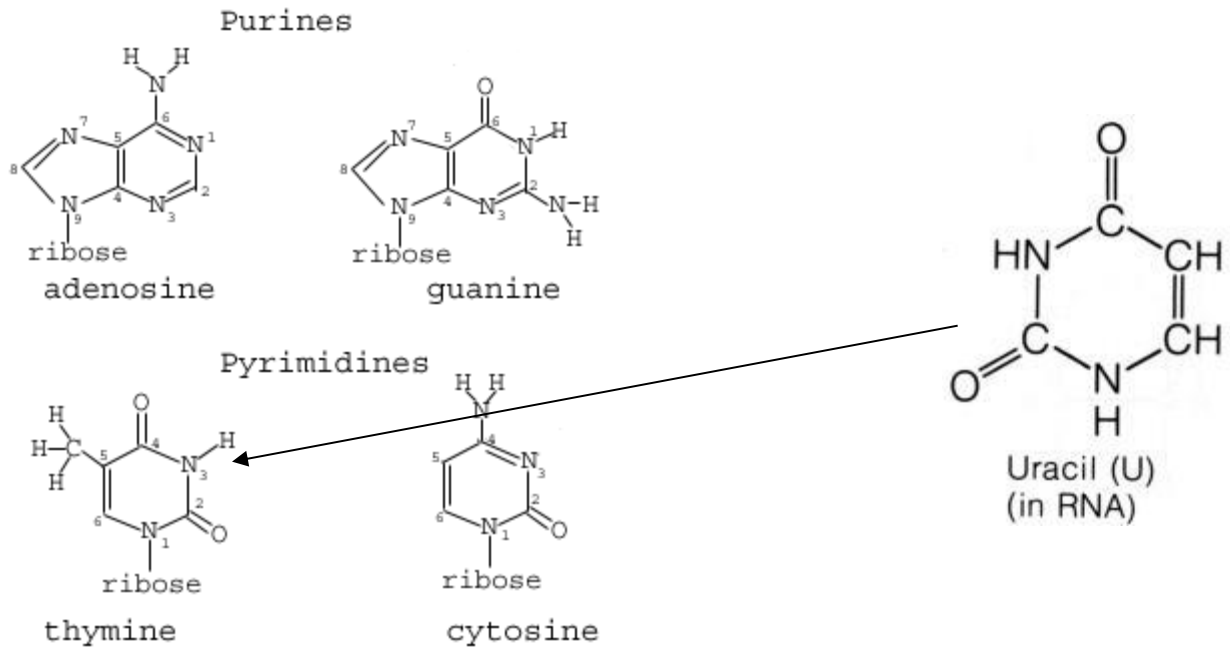
Chargaff's Rules (1951):

Amount of adenine always equalled to the amount of thymine

And the same for G and C

I fosfati hanno cariche negative

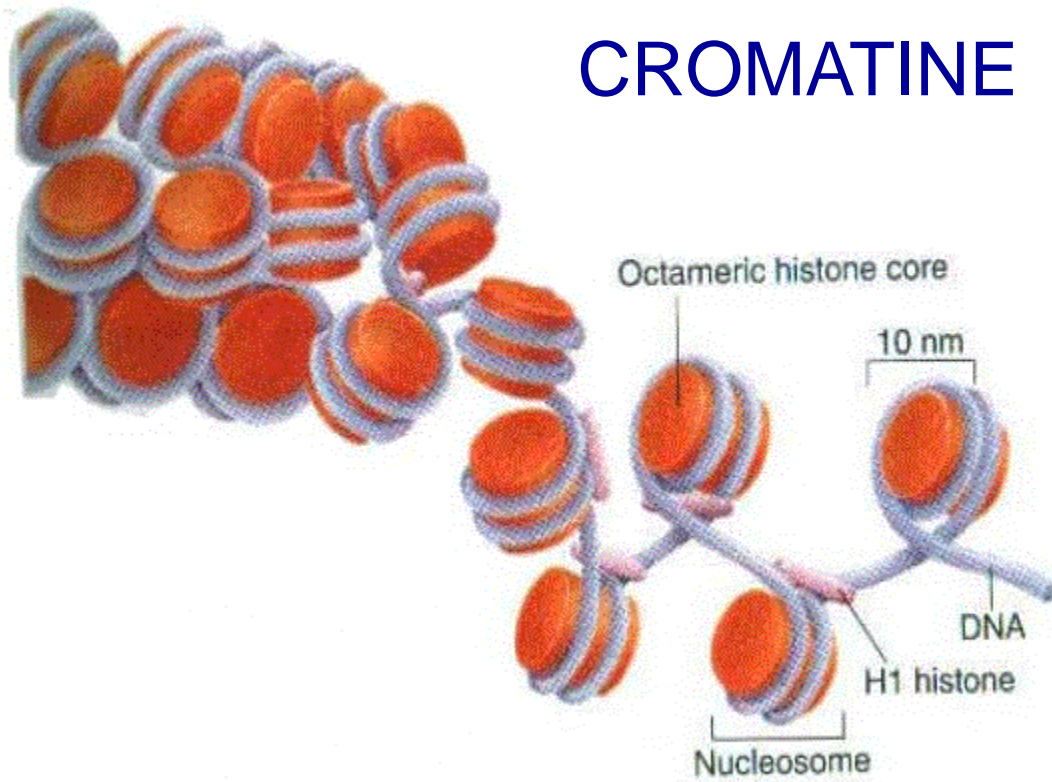
L'interno è idrofobico



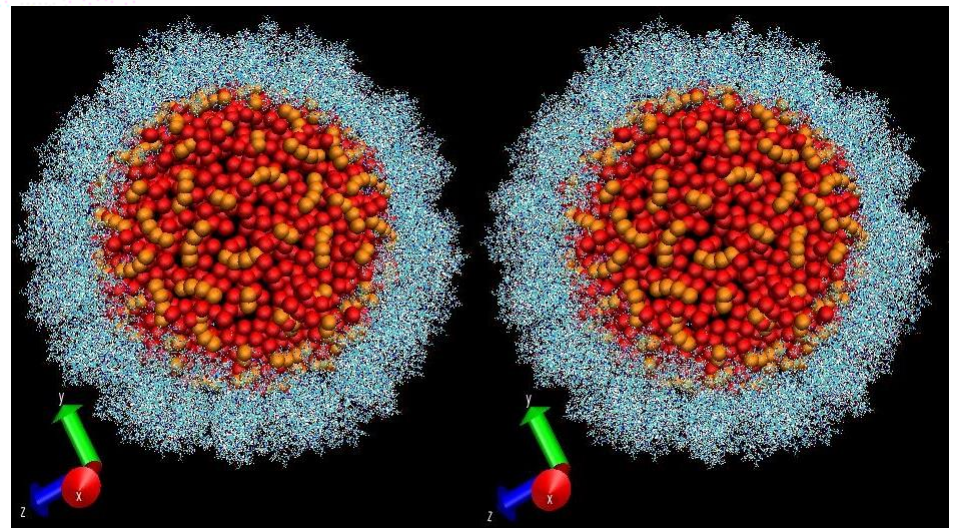
Unita monomerica: Nucleotide
1 carica negativa

10^7 basi nel DNA dei batteri Genoma Umano 2 nm spessore
 10^{10} eucarioti 1.5 m lunghezza

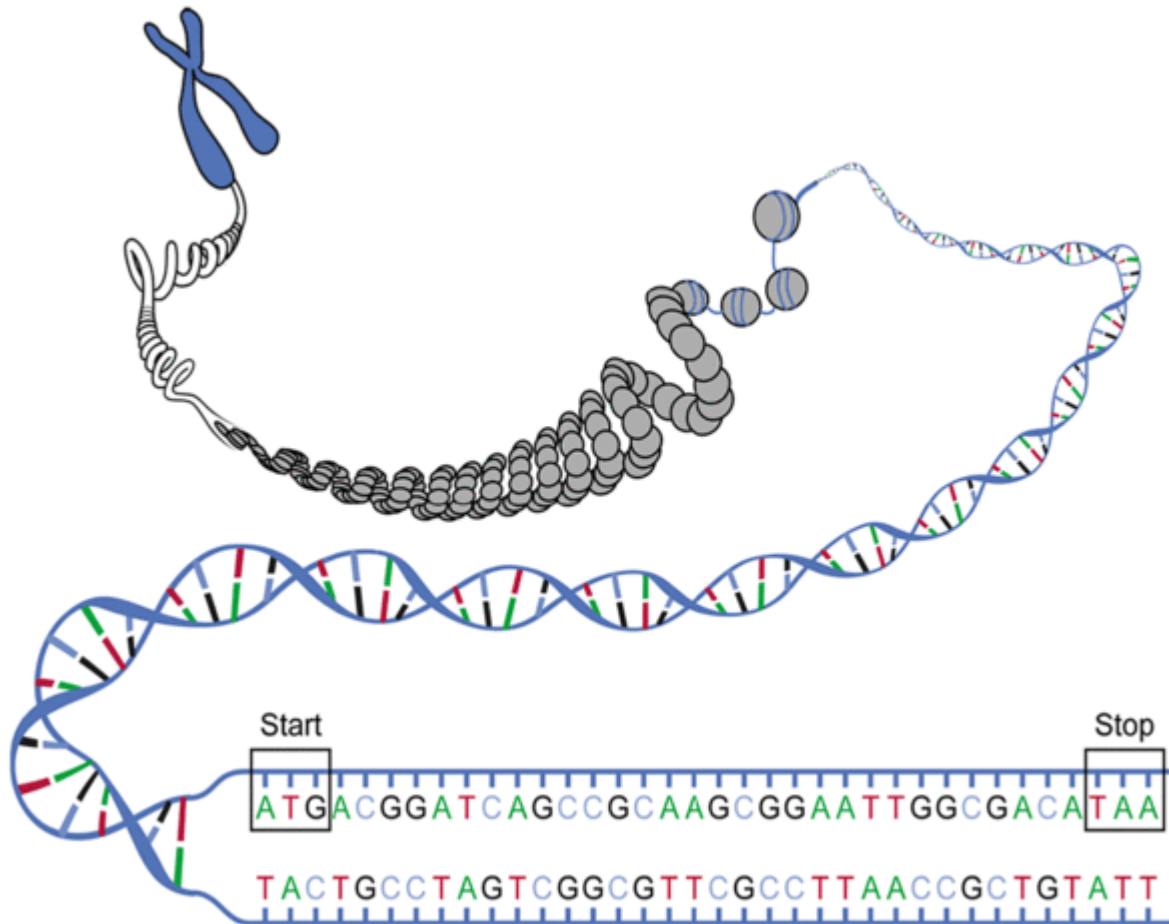
CROMATINE



Nei virus il DNA entra nei capsidi



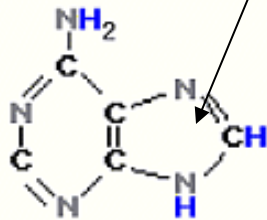
Dalla doppia elica ai cromosomi



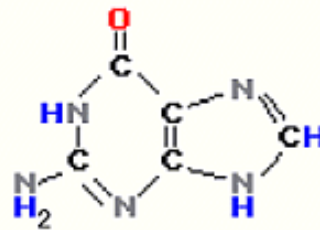
BASI

Anello imidazolo

PURINE

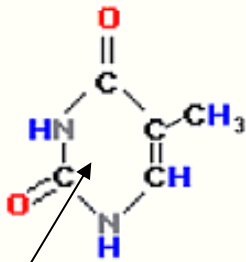


Adenina

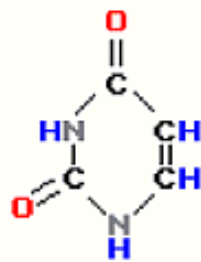


Guanina

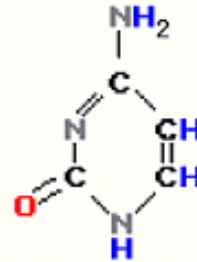
PIRIMIDINE



Timina



Uracile



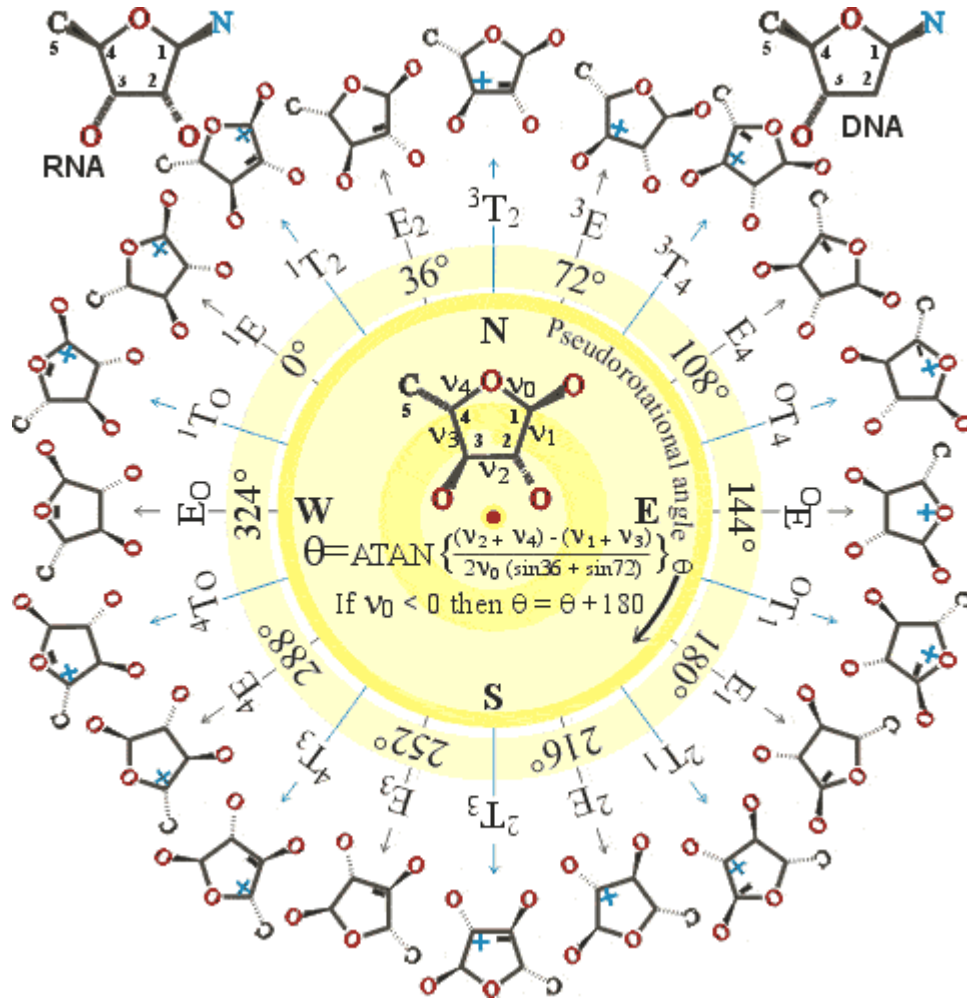
Citosina

I ring sono quasi planari

Gli atomi fuori dal piano si discostano dallo stesso di una distanza compresa fra i 0.05 ed i 0.2 Å.

Anello pirimidinico(2 Azoti)

ZUCCHERI



Non planarity

(0.5 Å):

E (envelope form)

(1 atom out of the plane)

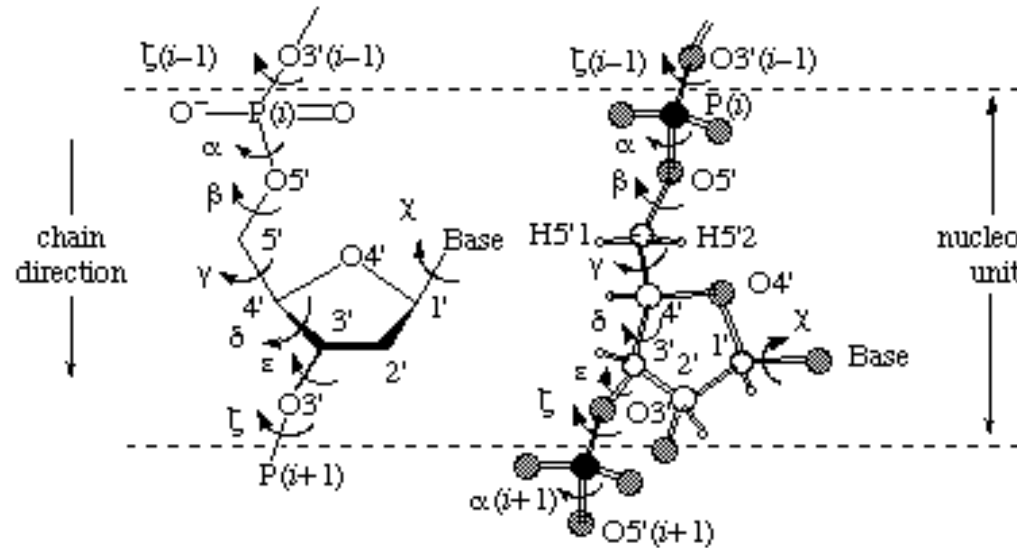
T (twist form)

(2 atoms out of the plane, consecutive)

Angoli di rotazione della catena

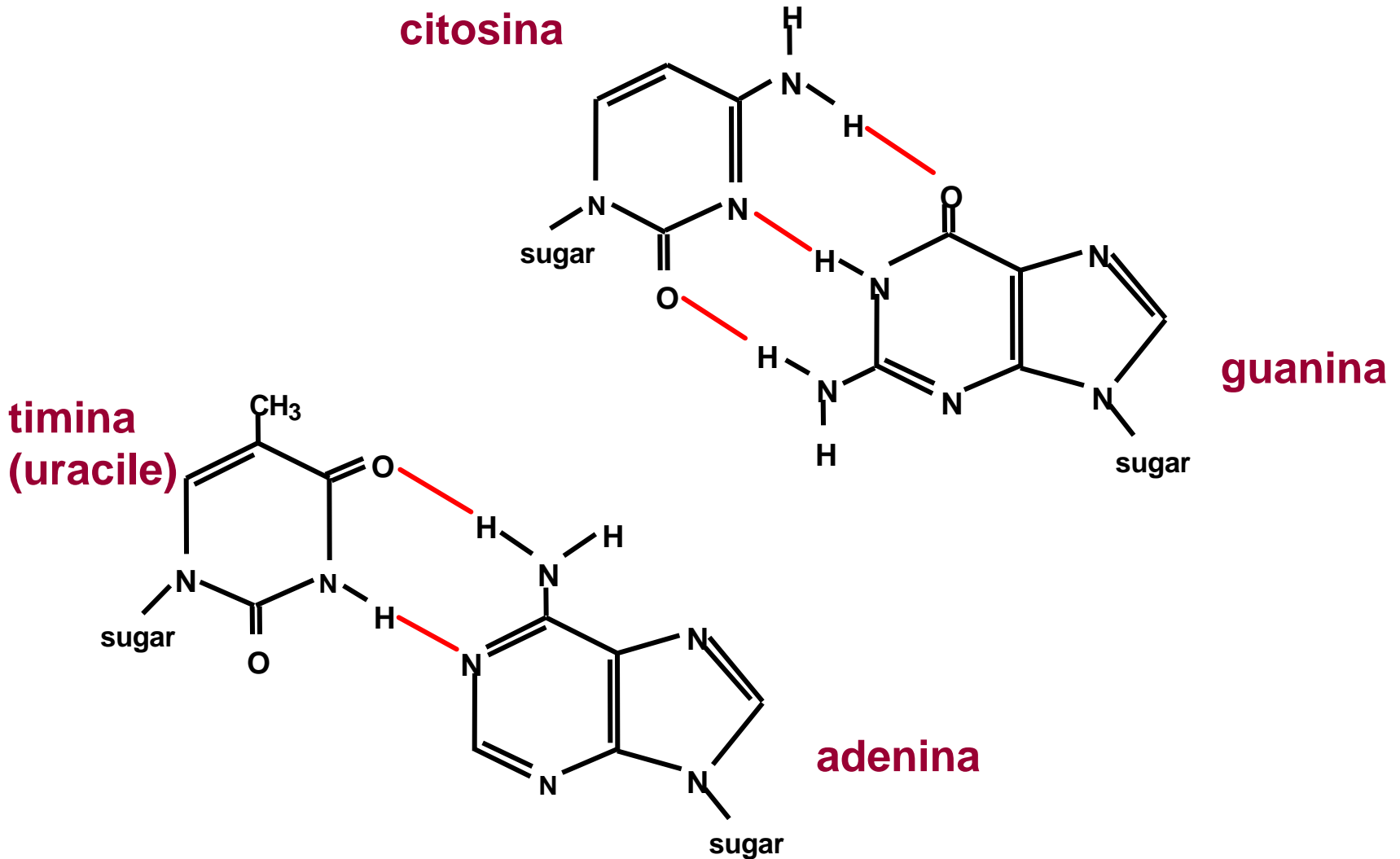
- 6 angoli di rotazione

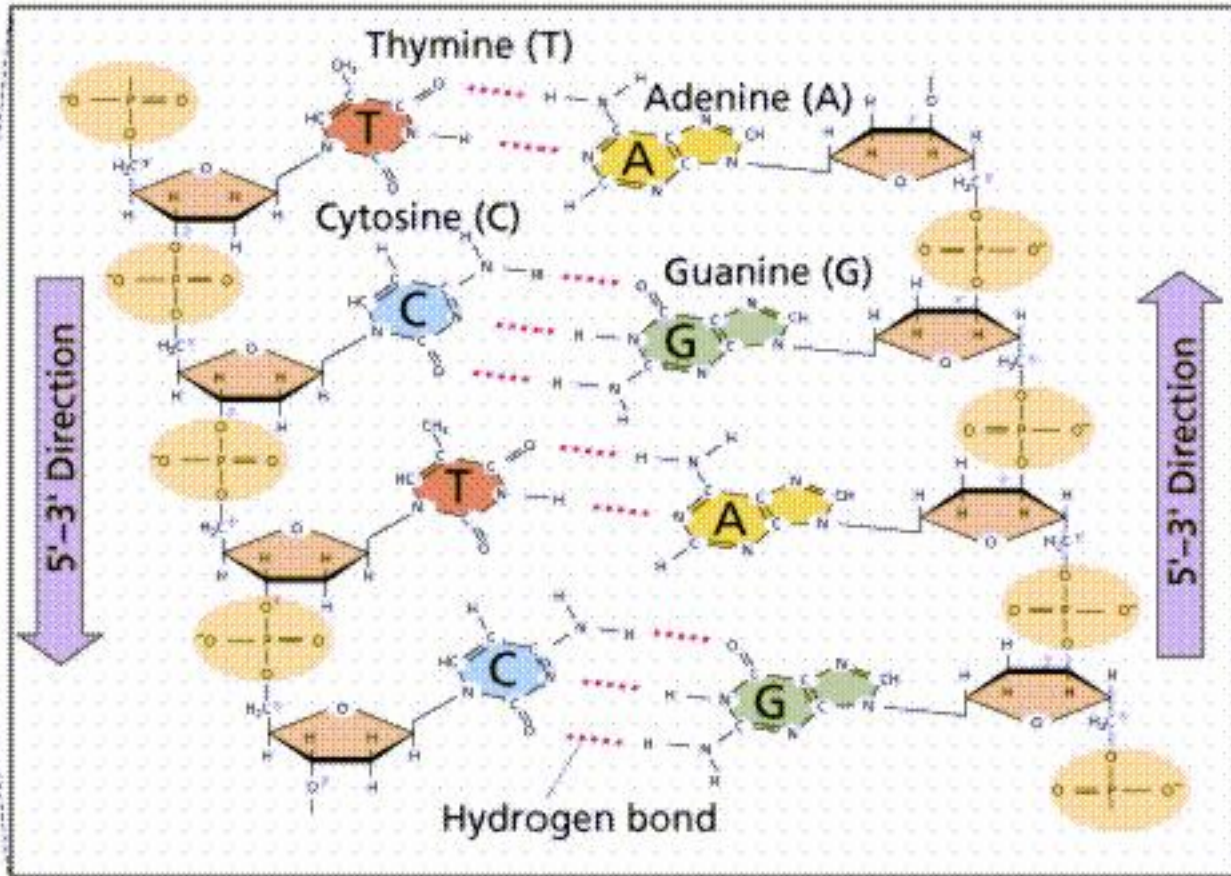
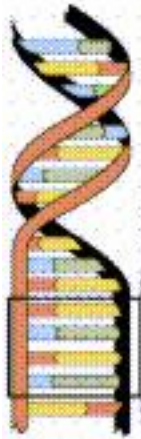
α	P - O5'
β	O5' - C5'
γ	C5' - C4'
δ	C4' - C3'
ε	C3' - O3'
ζ	O3' - P



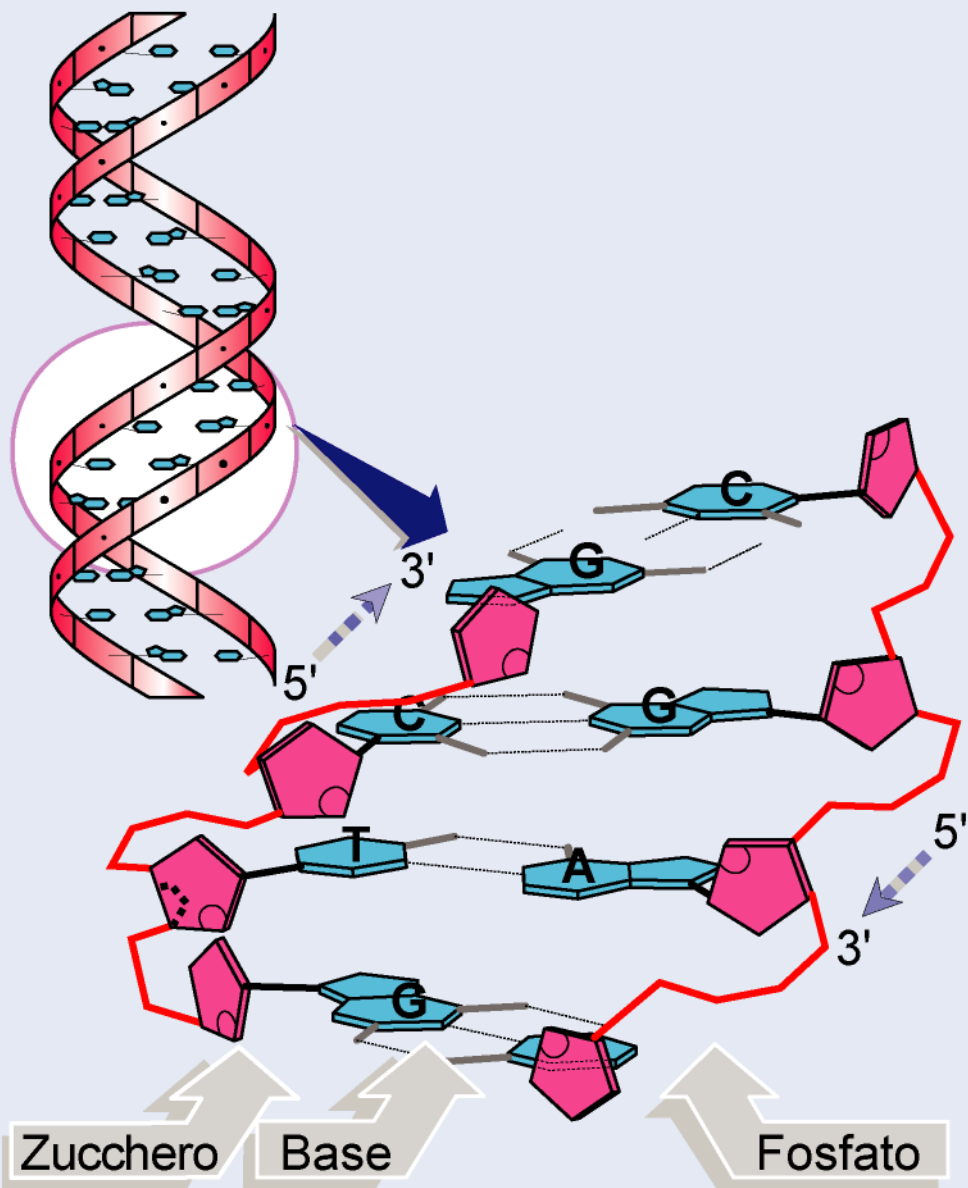
χ Rotazione della base rispetto allo zucchero N - C1'

L'appaiamento delle basi implica la formazione di legami idrogeno

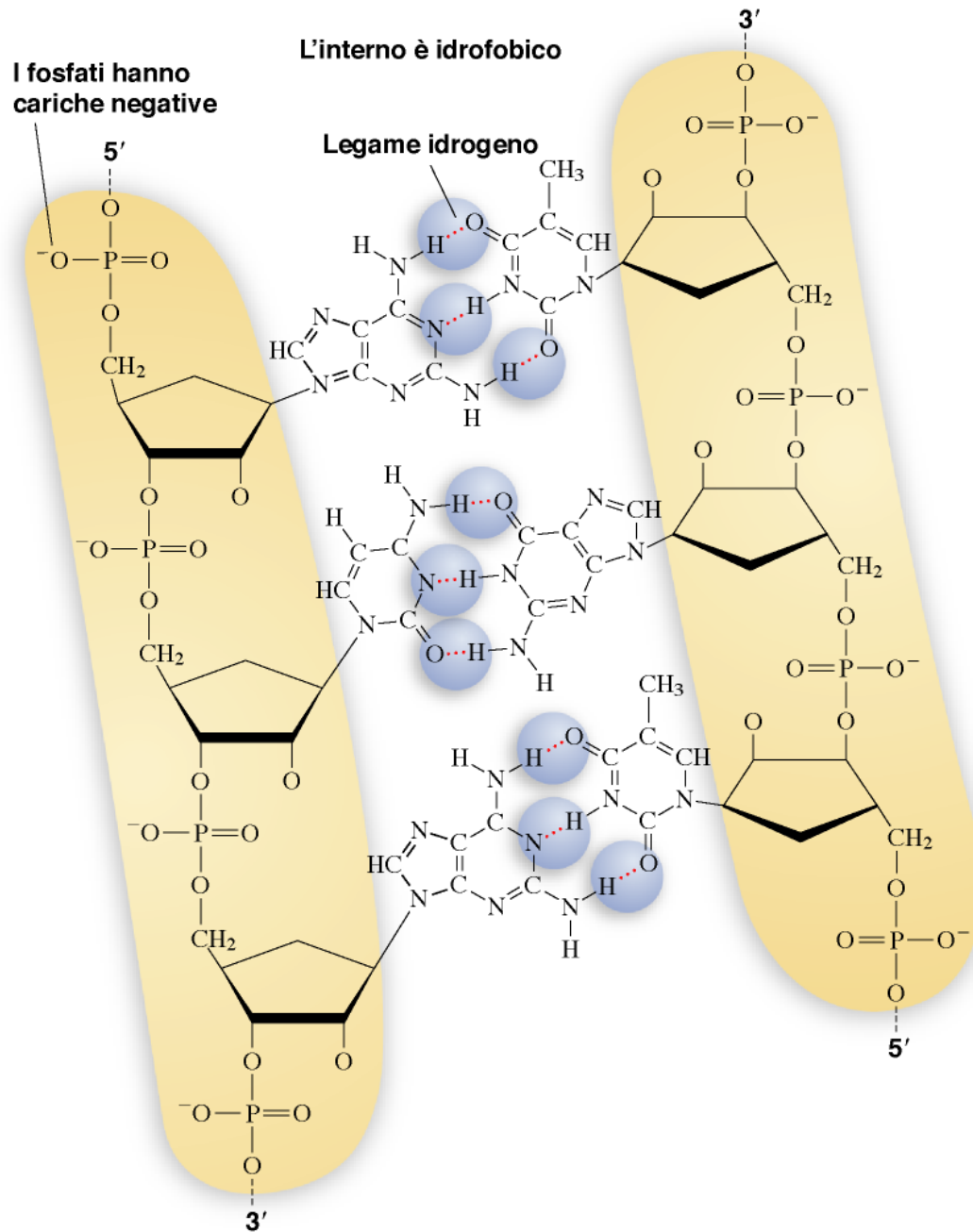




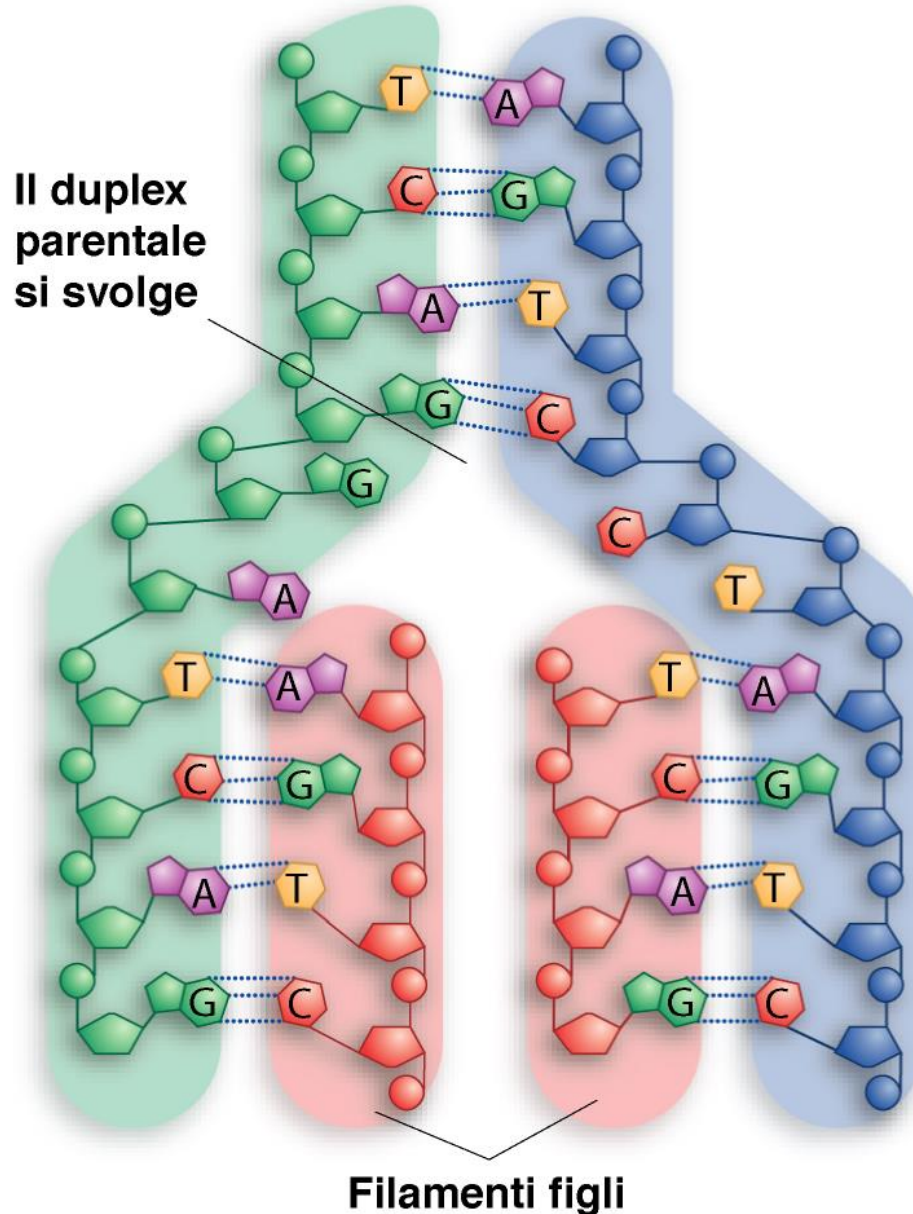
Copie piatte di basi connettono i filamenti del DNA



La doppia elica ha larghezza costante



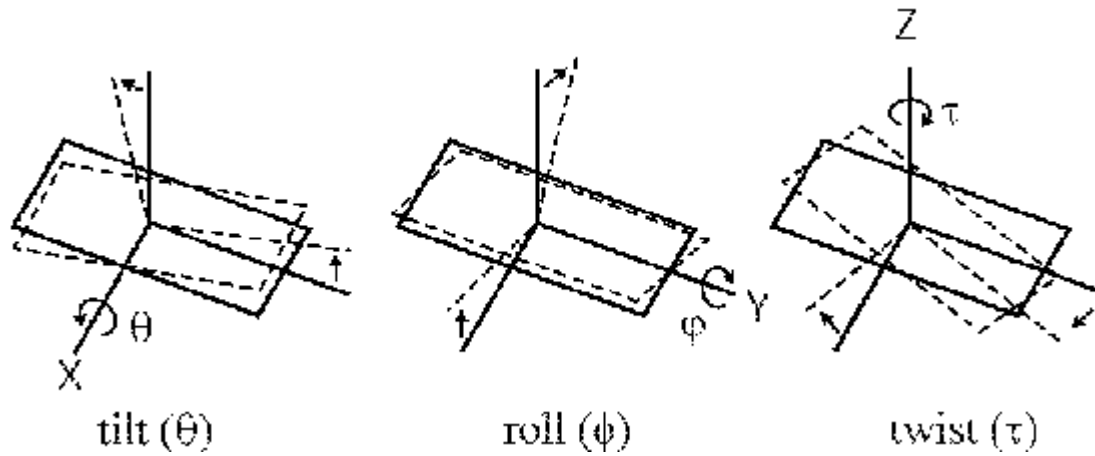
L'appaiamento delle basi spiega la specificità della replicazione



L'enzima basilare della replicazione è la DNA polimerasi.

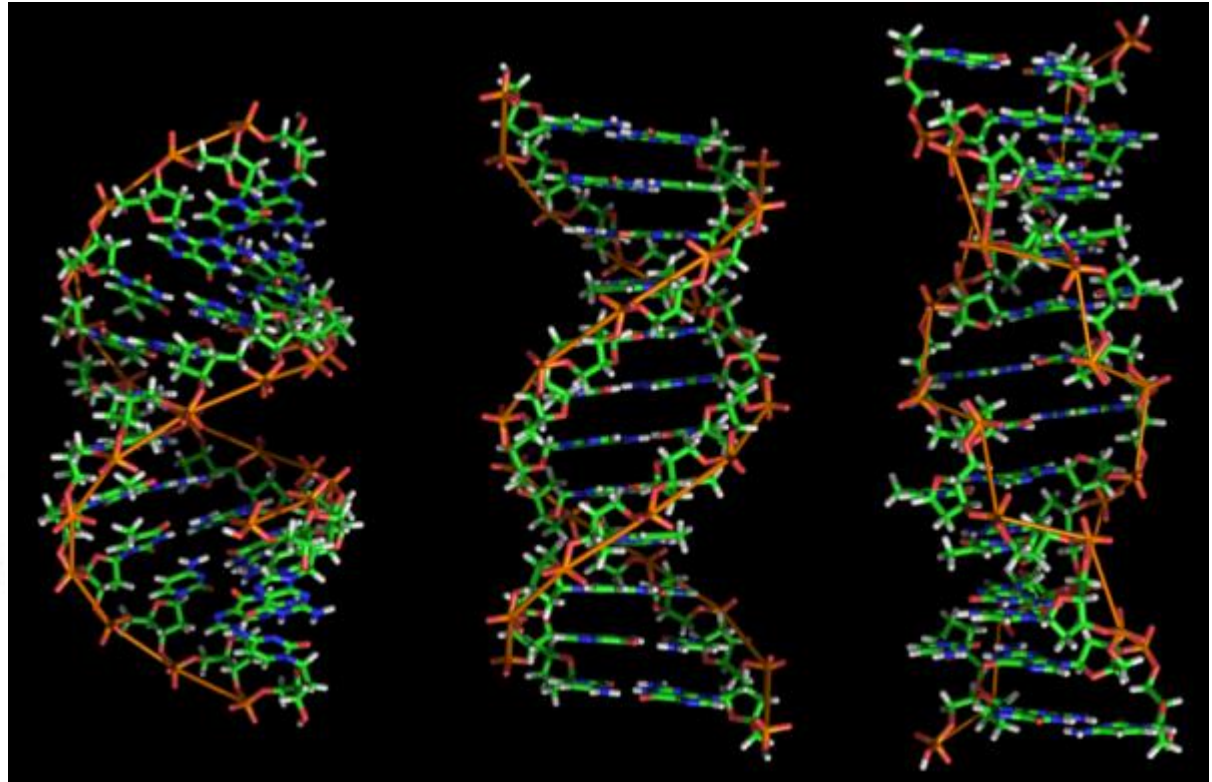
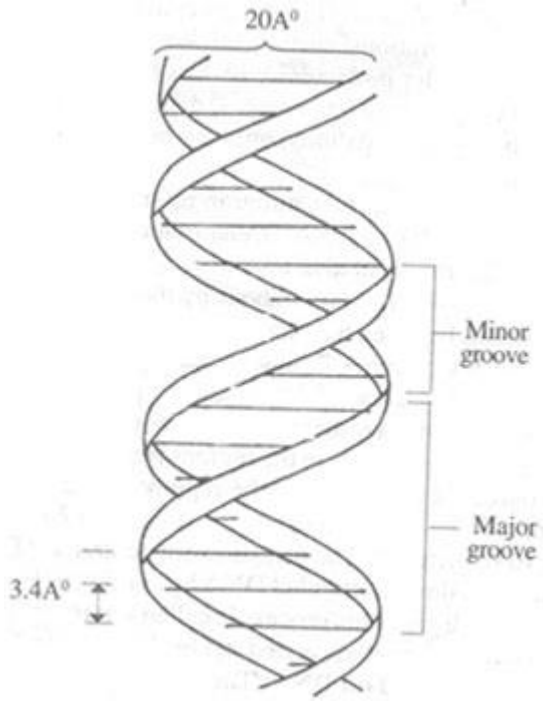
I procarioti possiedono cinque tipi di DNA polimerasi:

Angoli caratteristici per le forme canoniche



La struttura del DNA (B)

- Il DNA ha una forma ad elica regolare, diametro 20\AA , passo 34\AA
- Legami idrogeno tra le basi
- L'impilamento delle basi è determinato da interazioni idrofobiche
- Ogni coppia è ruotata di 36°
- Solchi maggiore (22\AA) e minore (12\AA)
- Avvolgimento in senso orario (elica destrorsa)



A

B

Z

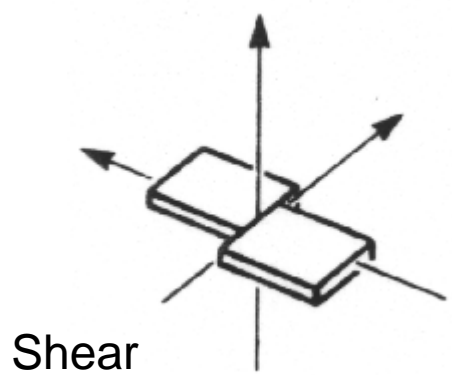
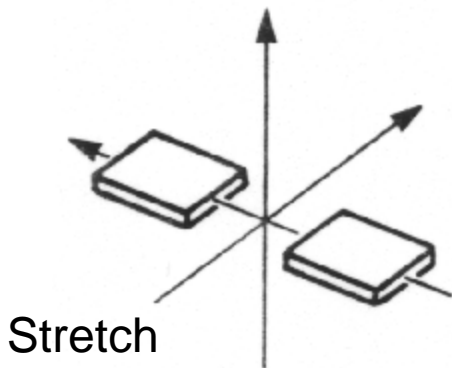
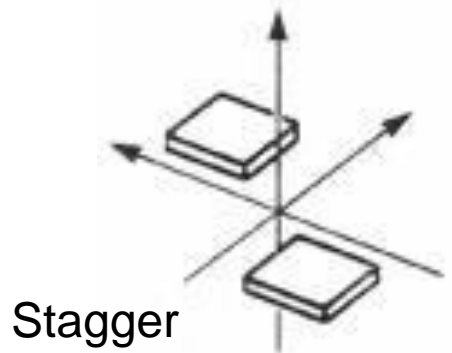
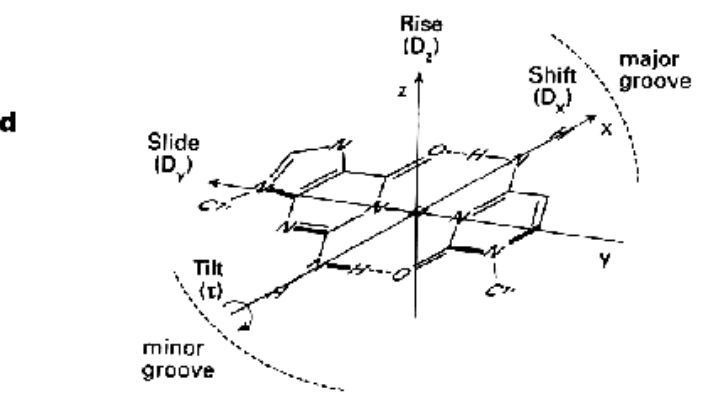
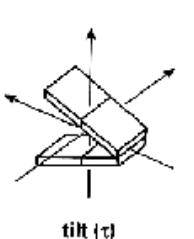
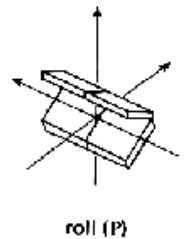
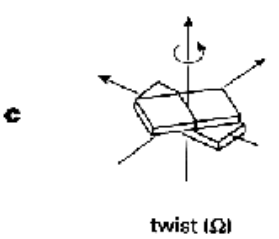
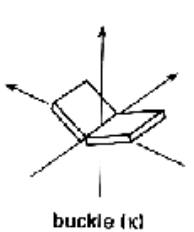
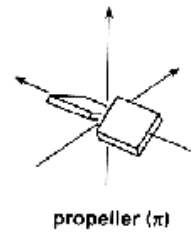
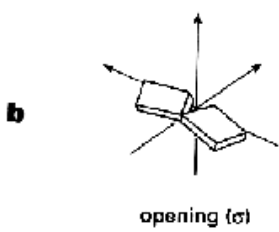
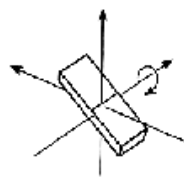
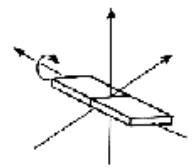
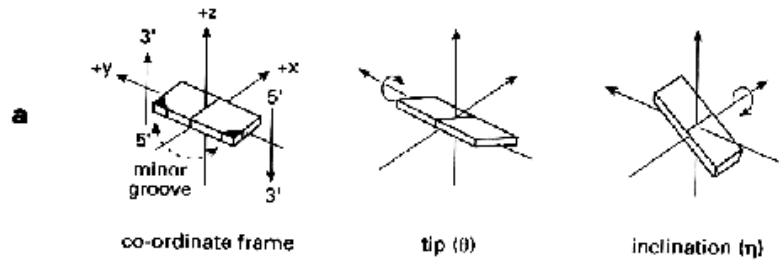
Rich of GC

Interaction with
protein

Geometry attribute:	A-form	B-form	Z-form
Helix sense	right-handed	right-handed	left-handed
Repeating unit	1 bp	1 bp	1 bp
Rotation/bp	33.6°	35.9°	60°/2
Mean bp/turn	11	10.5	12
Inclination of bp to axis	+19°	-1.2°	-9°
Rise/bp along axis	2.4 Å (0.24 nm)	3.4 Å (0.34 nm)	3.7 Å (0.37 nm)
Rise/turn of helix	24.6 Å (2.46 nm)	33.2 Å (3.32 nm)	45.6 Å (4.56 nm)
Mean propeller twist	+18°	+16°	0°
Glycosyl angle	anti	anti	pyrimidine: anti, purine: syn
Sugar pucker	C3'-endo	C2'-endo	C: C2'-endo, G: C2'-exo
Diameter	26 Å (2.6 nm)	20 Å (2.0 nm)	18 Å (1.8 nm)

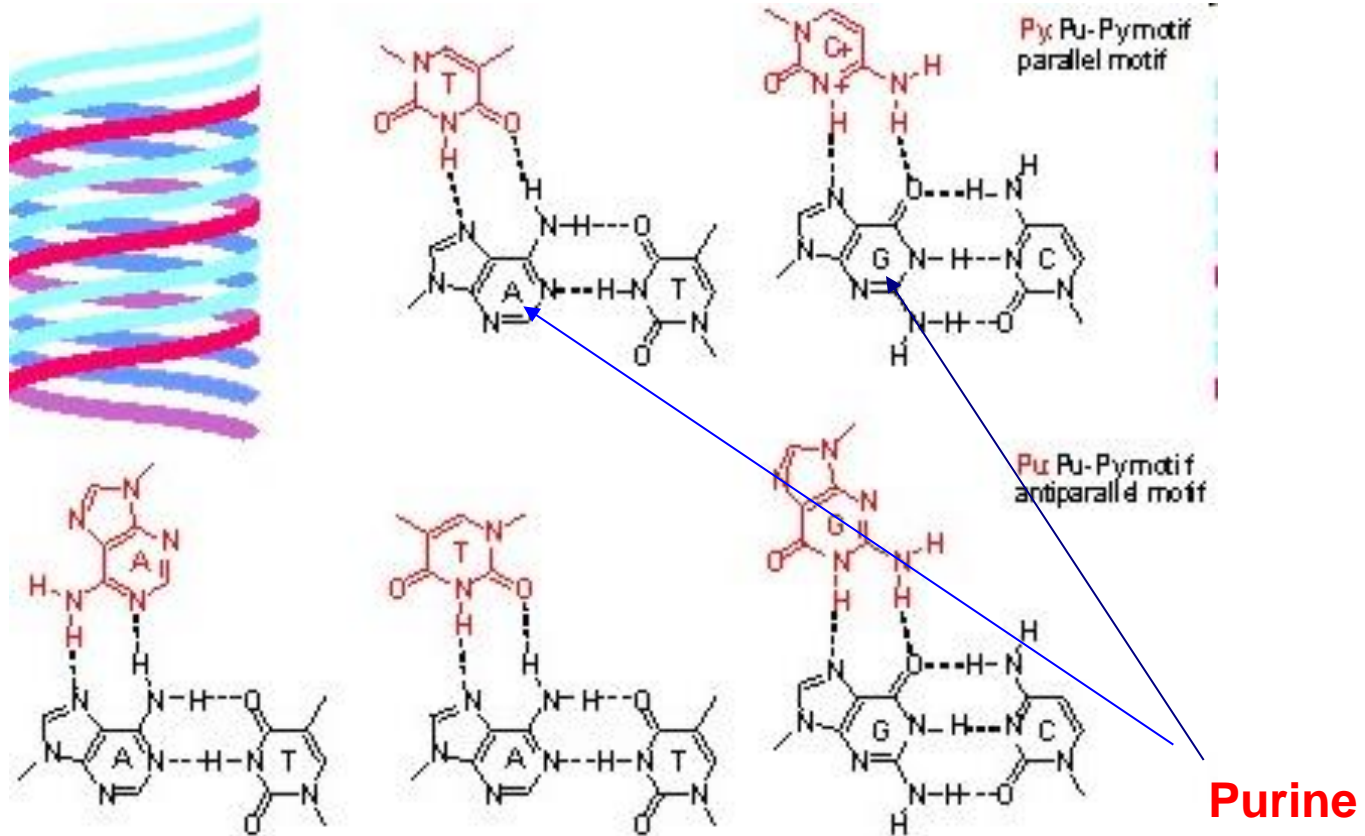
7 angoli del backbone ben definiti

DISTORSIONE DELLE ELICHE E NUOVI PARAMETRI (polimorfismo funzionale?)



C-DNA, D-DNA, E-DNA, H-DNA, L-DNA, S-DNA e P-DNA. S-DNA?

Accoppiamento di Hoogsteen



Triplex DNA : ipotizzato 1950 visto 1957

Repair?

Review

Efimov physics: a review

Pascal Naidon¹ and Shimpei Endo²¹ RIKEN Nishina Centre, RIKEN, Wako, 351-0198, Japan² School of Physics and Astronomy, Monash University, Clayton, VIC, 3800, AustraliaRep. Prog. Phys. **80** (2017) 056001

Review

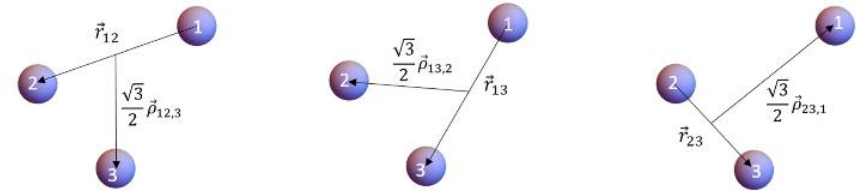
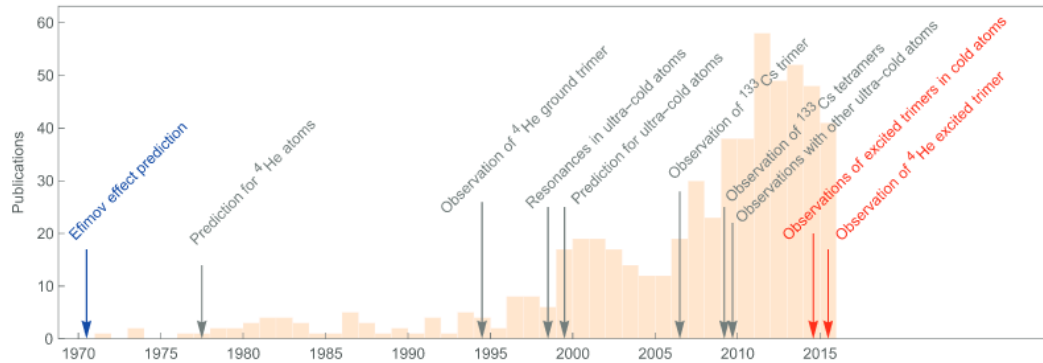


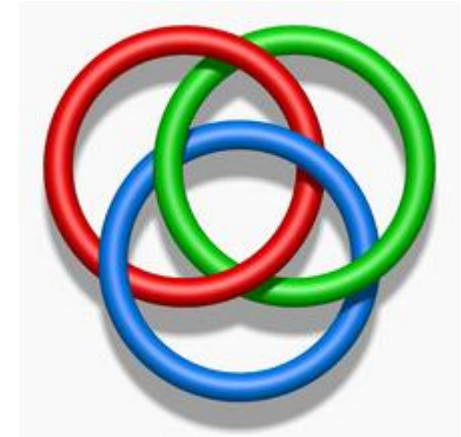
Figure 2. The three sets of Jacobi coordinates describing the relative positions of three identical particles.

Rep. Prog. Phys. **80** (2017) 056001

Review

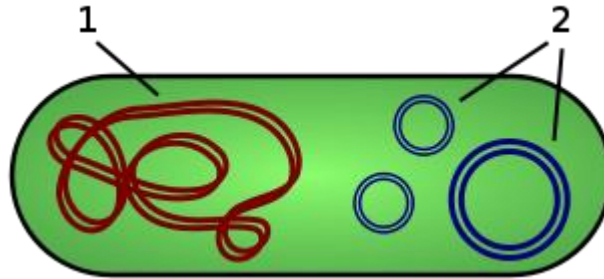


16]. Interestingly, thanks to the formal connection between quantum theory and statistical physics, it may also apply to the thermal equilibrium of classical systems, such as three-stranded DNA [17].



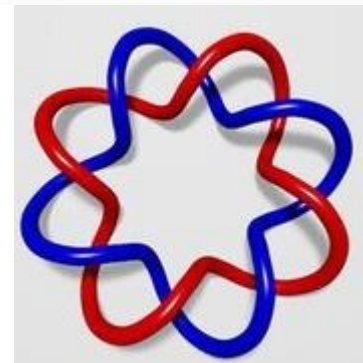
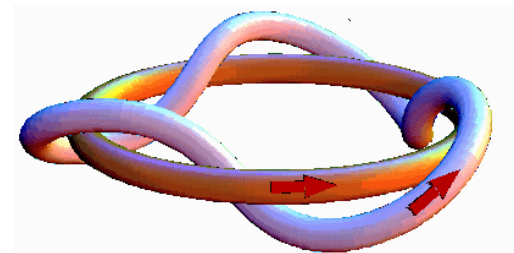
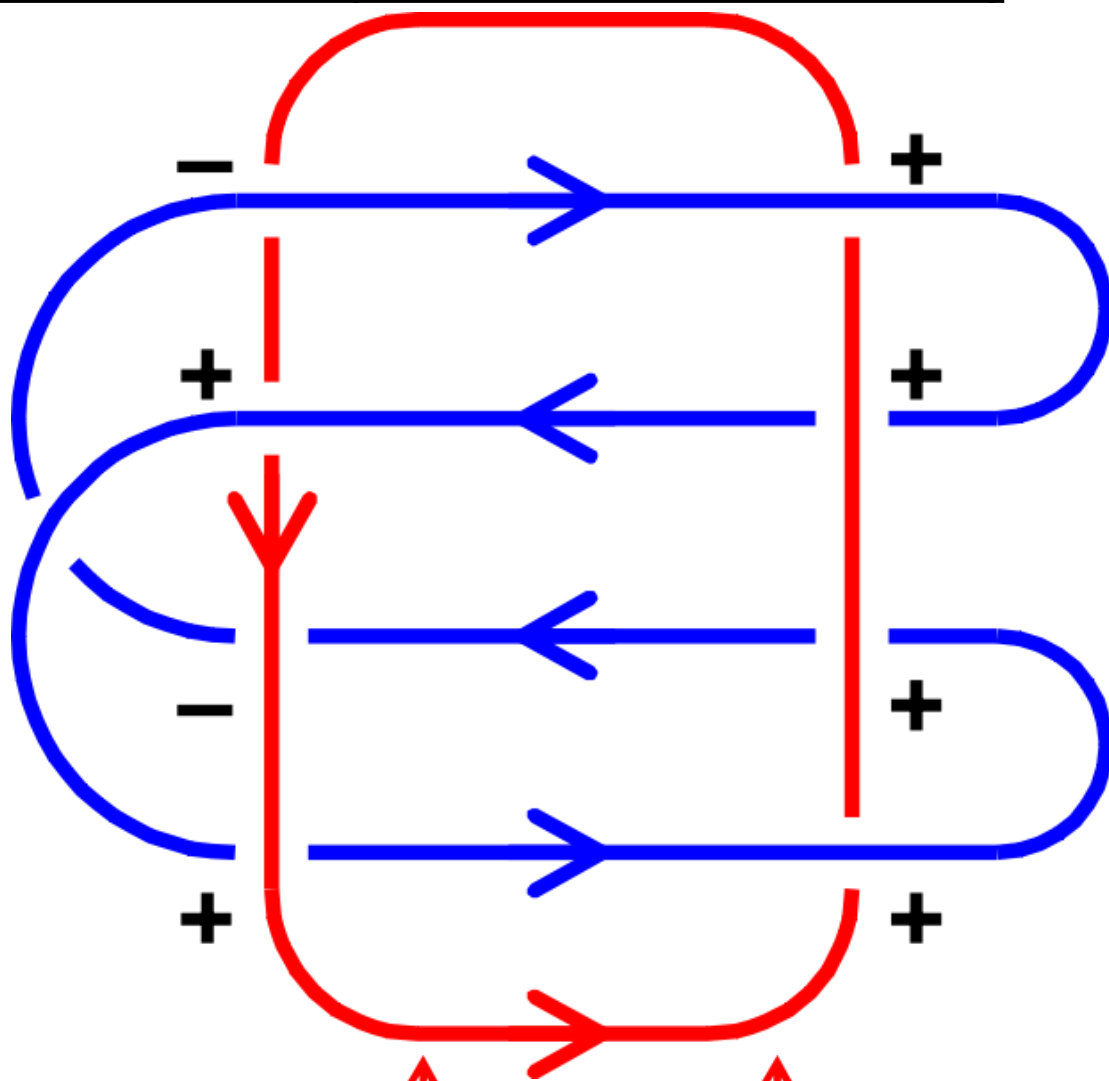
DNA CIRCOLARE

Nella maggior parte delle cellule batteriche il DNA è disposto su un unico cromosoma circolare (e presenta, come molti altri batteri, un'unica [origine di replicazione](#)),



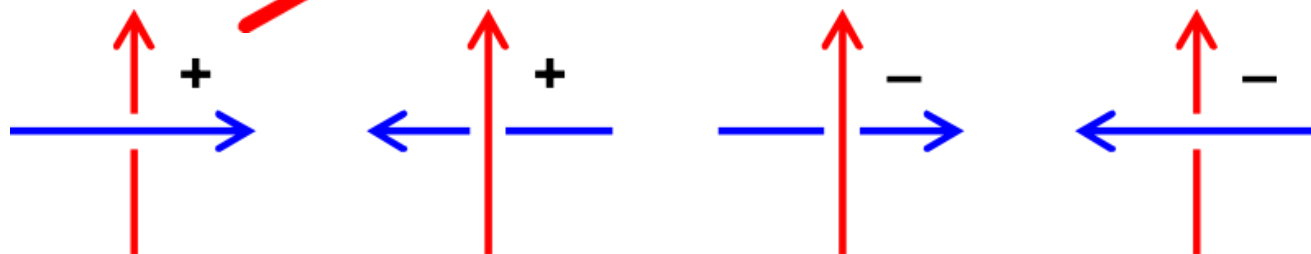
I **plasmidi** sono piccoli filamenti circolari di [DNA](#) superavvolto a doppia elica, presenti nel [citoplasma](#) e distinguibili dal [cromosoma](#) batterico per le loro dimensioni ridotte. Il materiale genetico che li contraddistingue permette all'organismo ospite di svolgere varie funzioni non essenziali, ma conferiscono alla cellula proprietà speciali (a volte proprietà metaboliche uniche). I plasmidi sono capaci di spostarsi tra le [cellule](#) (anche non uguali, ma filogeneticamente affini) influenzando sulla [variabilità genetica](#).

LINKING NUMBER (TOPOLOGICAL PROPERTY)

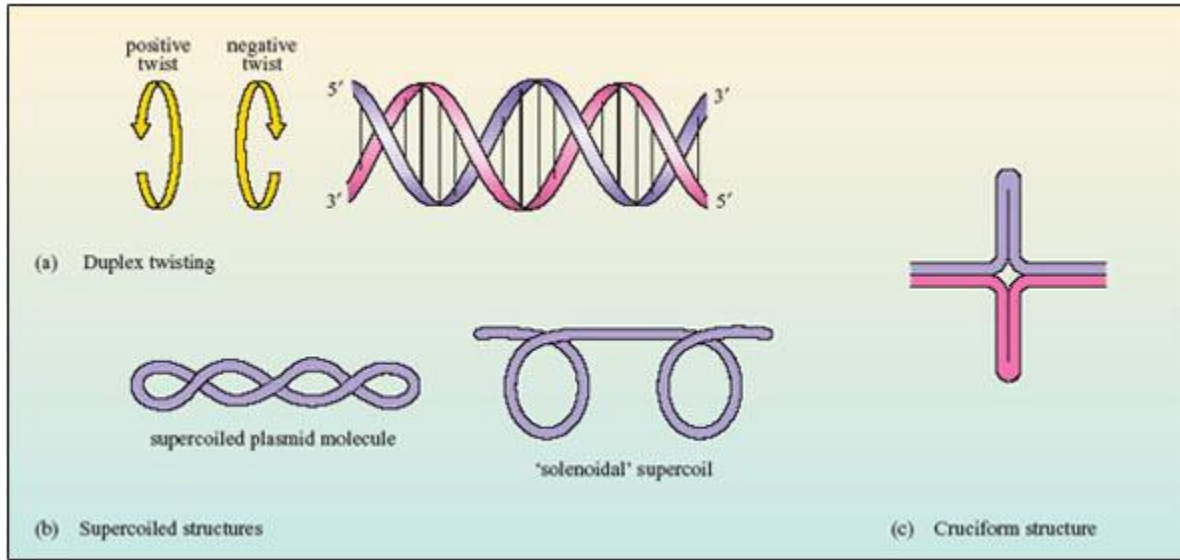


$$L = (6 - 2) / 2 = 2$$

RULES:



TWIST NUMBER (METRIC PROPERTY)



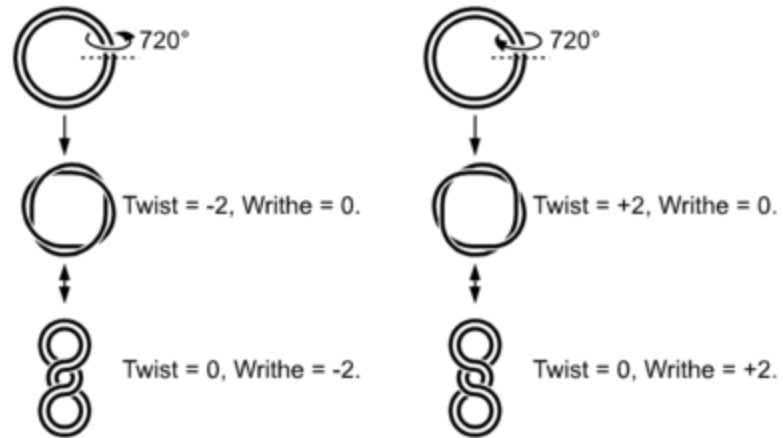
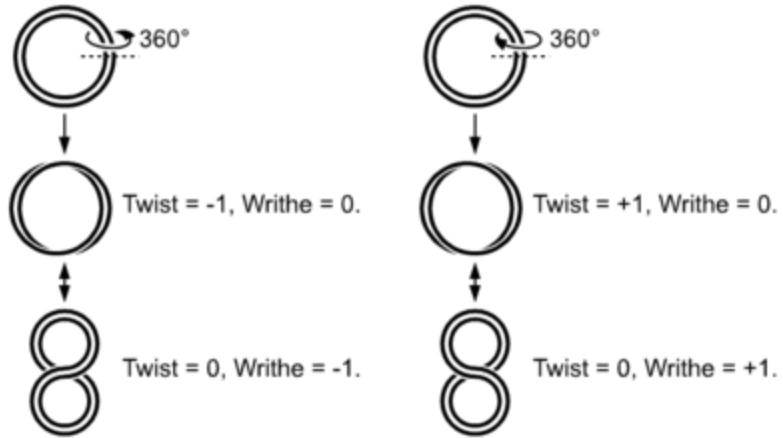
$$T_{AB} + T_{BC} +$$

WRITHING NUMBER (Geometrical property)

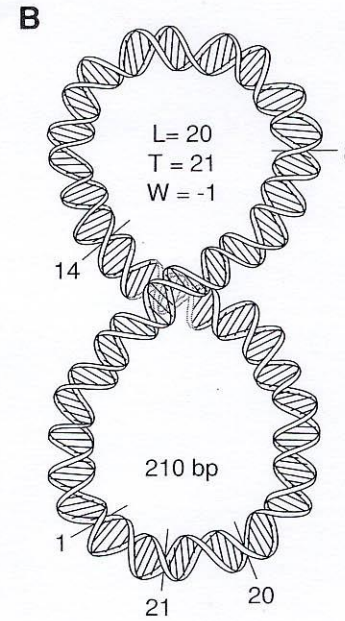
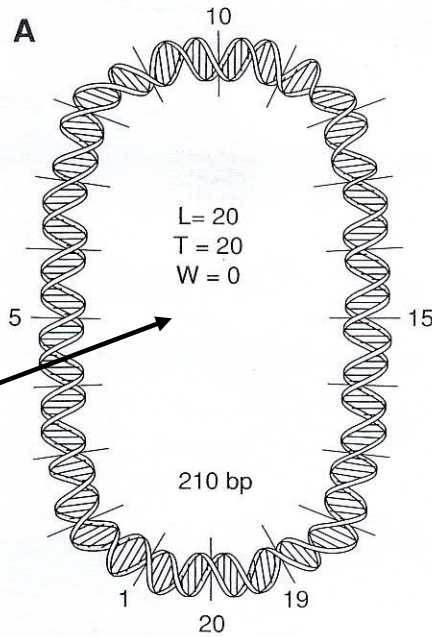
$$W=L-T$$

VALE SEMPRE!!!

FOR A RELAXED DNA $L=T$ AND $W=0$

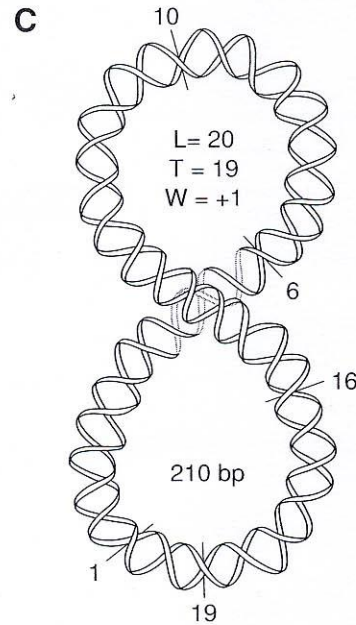


Relaxed DNA

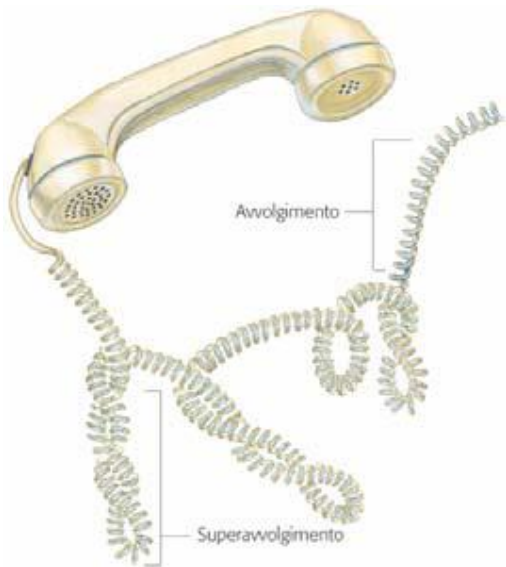


Negative
supertwist

L non puo cambiare almeno
che la catena non si rompa

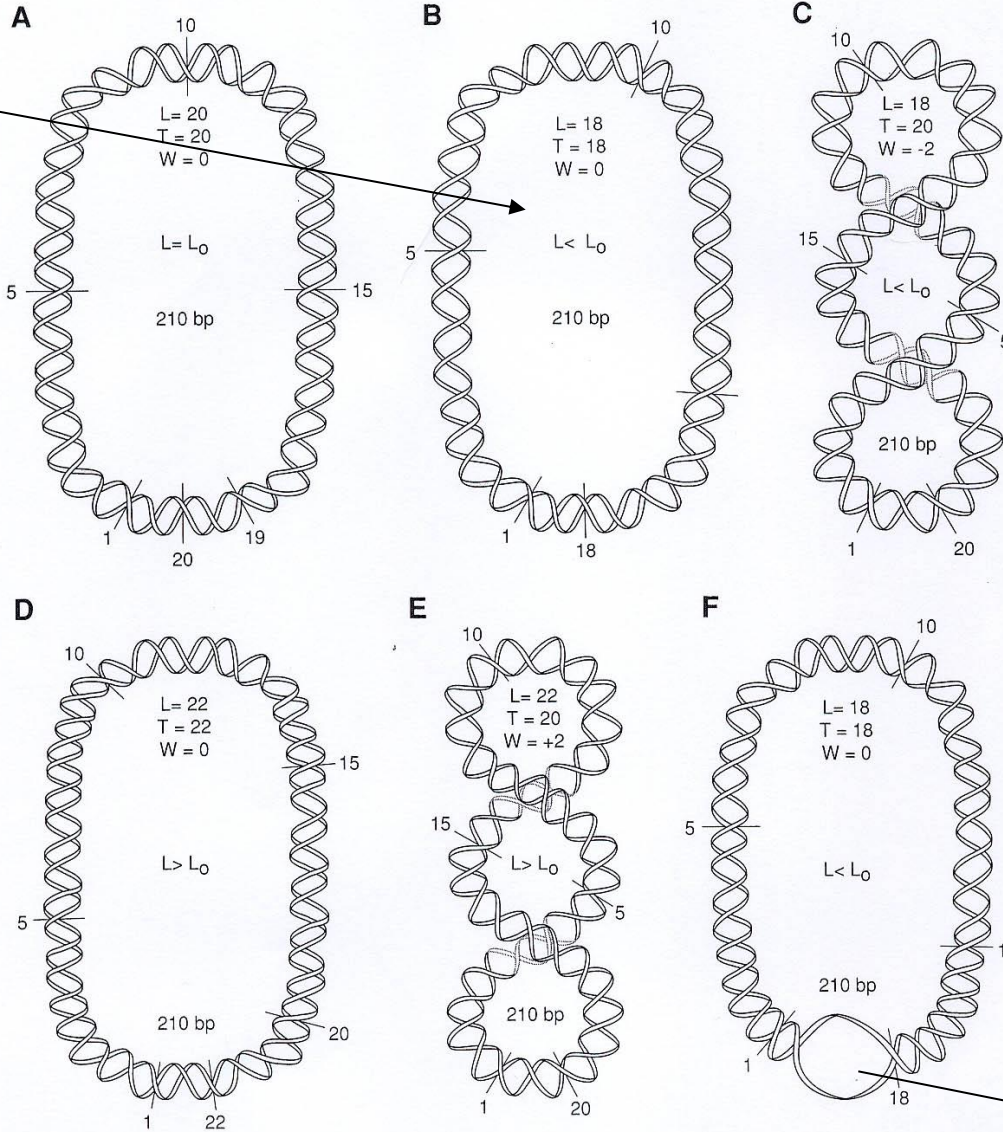


Positive
supertwist



Negatively supercoiled DNA $L < L_0$

Torsional
Tension



Denaturation

Topoisomerasi e girasi tagliano DNA e cambiano L

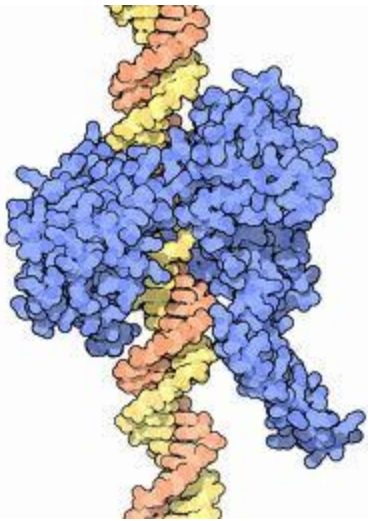
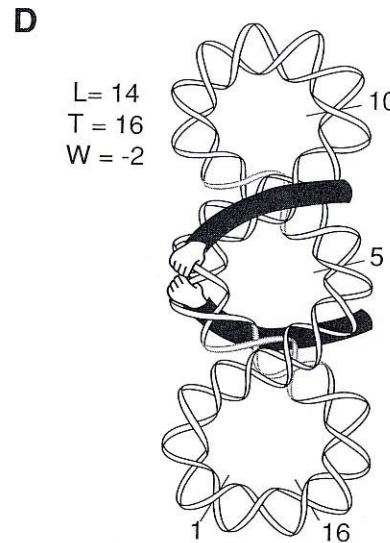
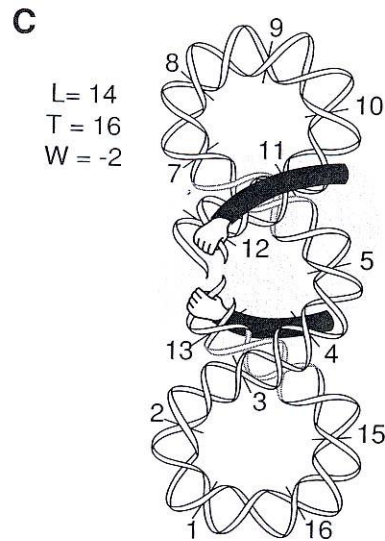
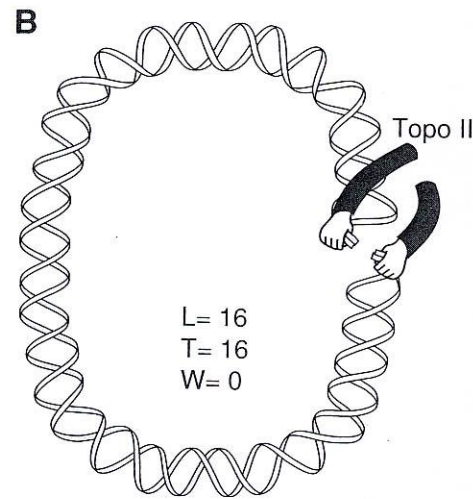
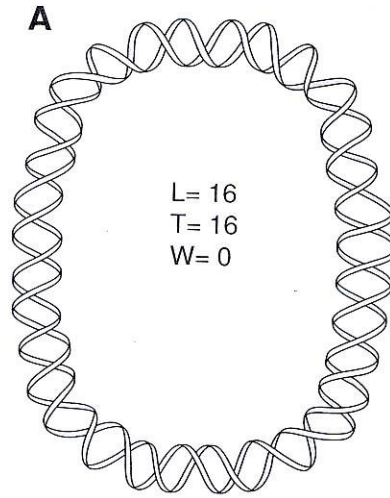
Girasi
(batteri)

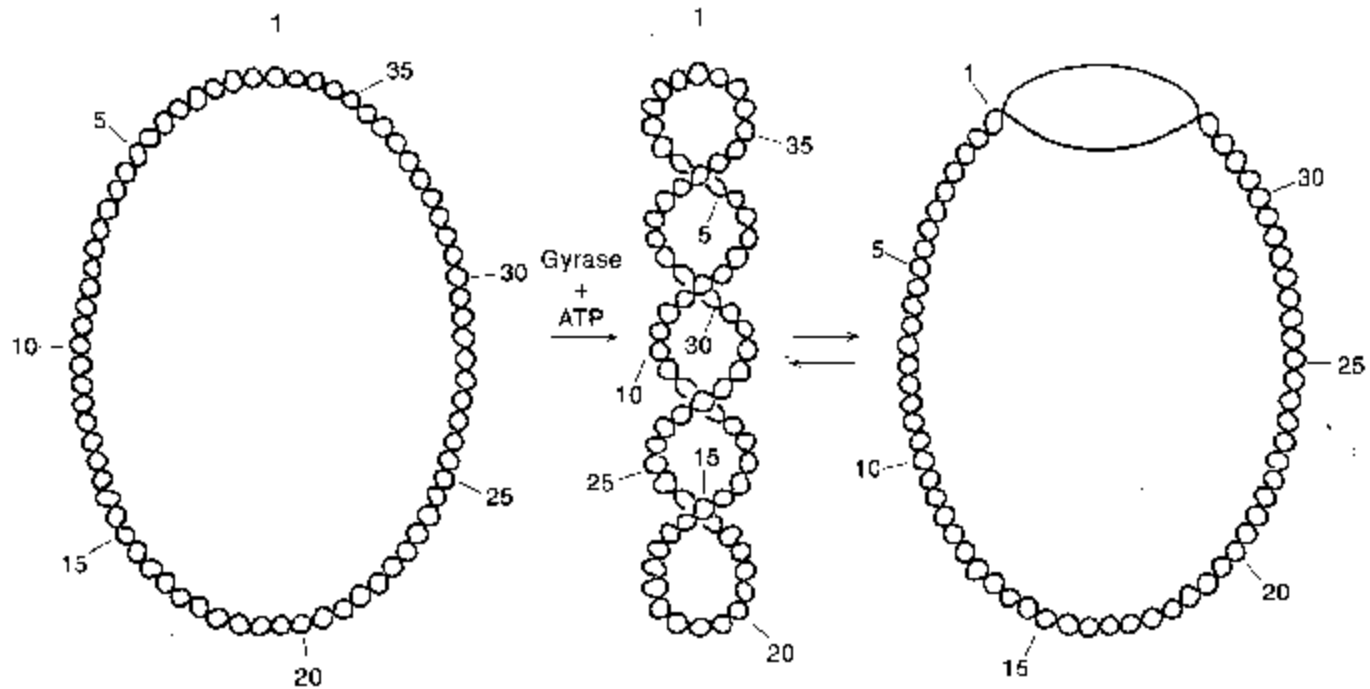
Topoisomerasi I

Taglia 1 bonds

Topoisomerasi II

Taglia 2 bonds





Base pairs (bp): 360
 Linking number (L): 36
 Twist (T): 36
 Supercoiling (S): 0

(1) Relaxed

360
 32
 36
 -4

(2) Strained: supertwisted

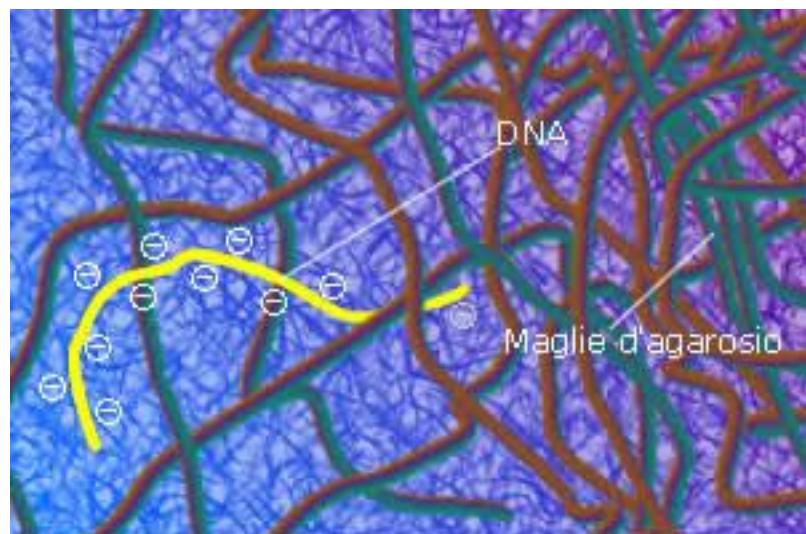
360
 32
 32
 0

(3) Strained: disrupted base pairs

Elettroforesi su gel di agarosio

L'**elettroforesi** è una tecnica analitica e separativa basata sul movimento di particelle elettricamente cariche immerse in un fluido per effetto di un campo elettrico applicato mediante una coppia di elettrodi al fluido stesso.

L'elettroforesi su gel di agarosio è una tecnica classicamente utilizzata per analizzare e separare acidi nucleici. Questa tecnica sfrutta le cariche presenti nelle molecole di DNA o RNA (caricate negativamente) per farle migrare, in un campo elettrico, attraverso un gel di agarosio. Il gel funge da setaccio, essendo costituito da una rete di pori, i quali consentono di separare le molecole in base alla loro grandezza, quelle più piccole attraversano più velocemente i pori rispetto a quelle più grandi quindi si avrà una separazione in funzione della velocità.



Campo elettrico

- +

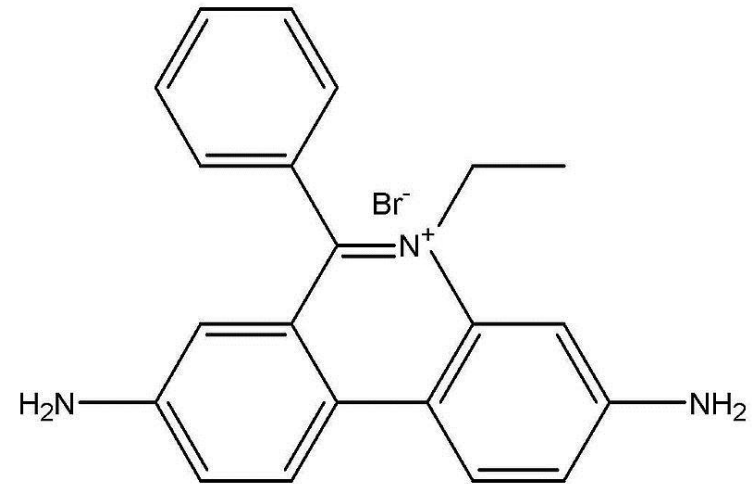
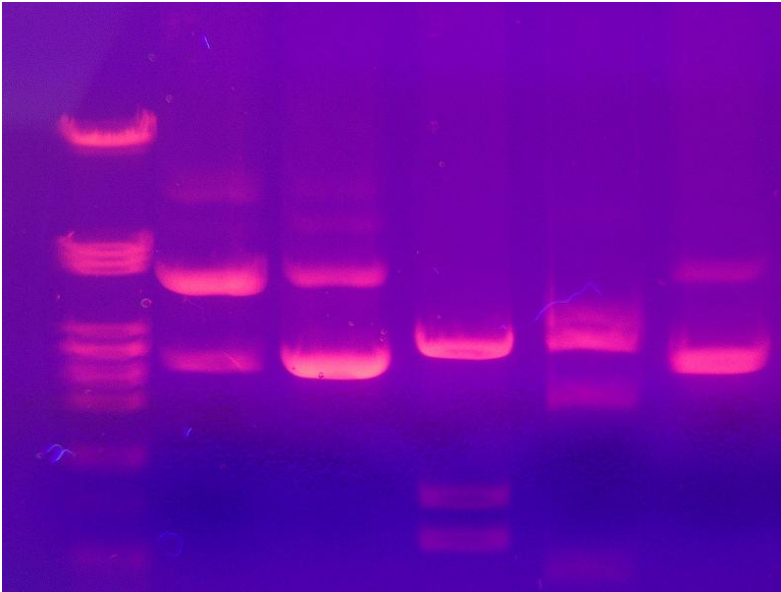


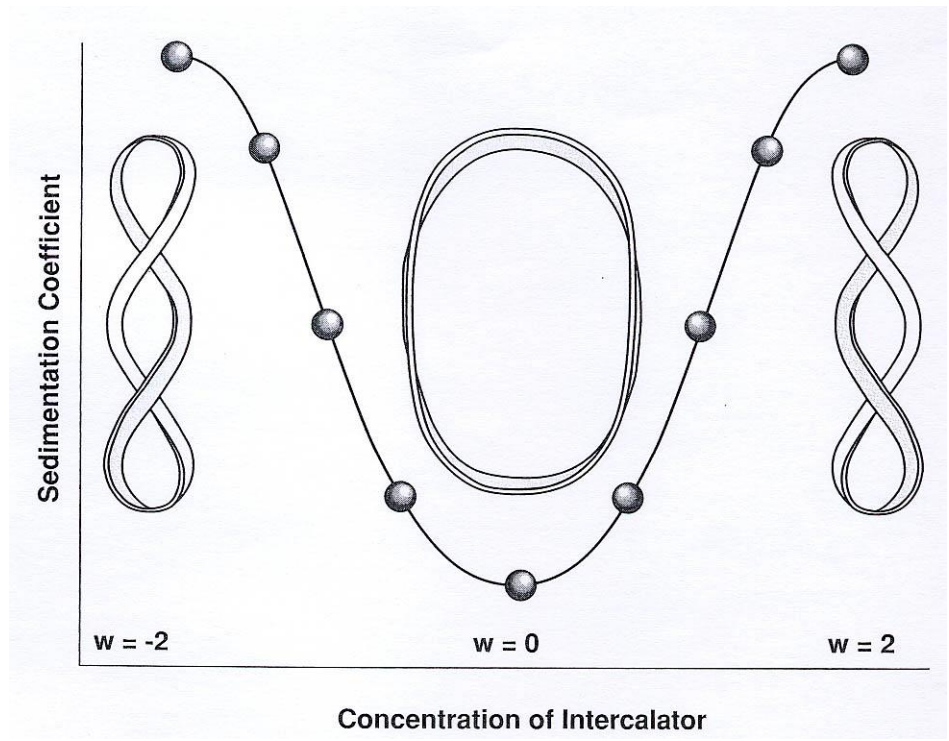
Prima



Dopo

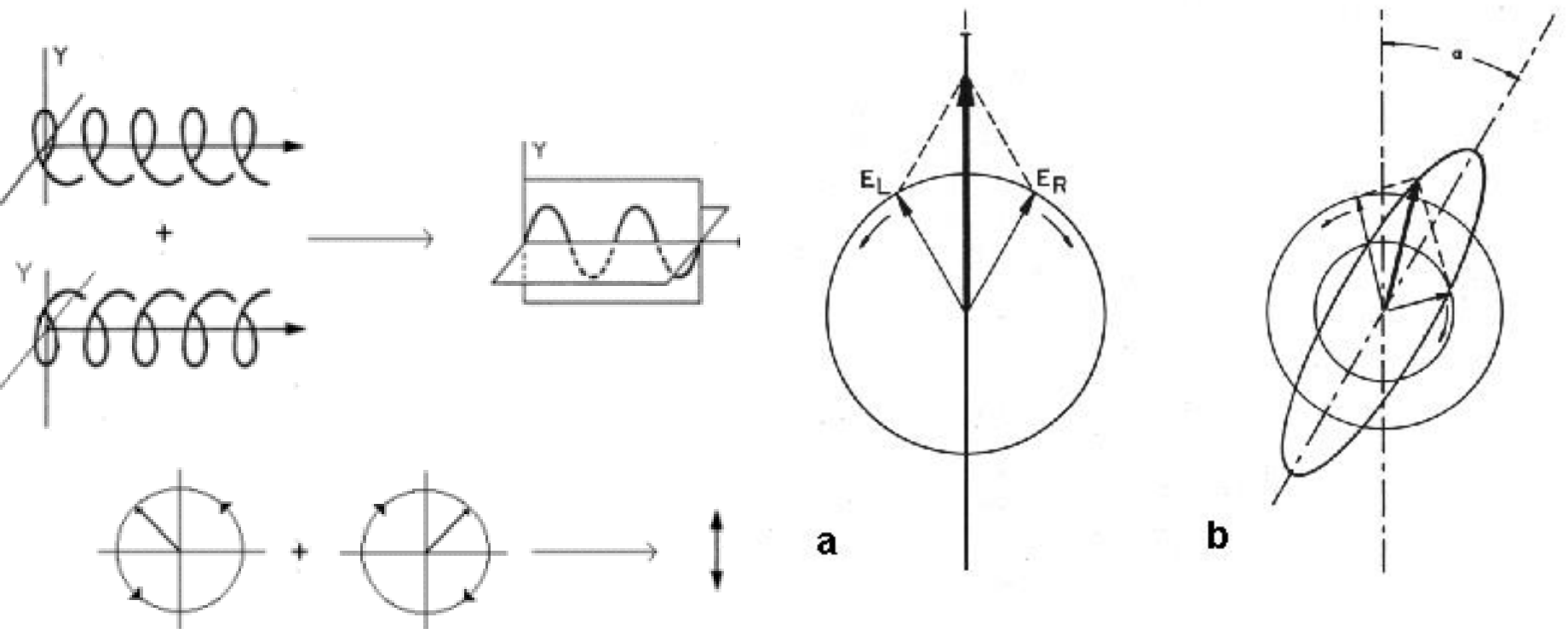
Per consentire la visualizzazione degli acidi nucleici migrati si possono utilizzare diversi tipi di coloranti; quello più usato in assoluto è l'etidio bromuro. Questa molecola planare si inserisce (intercala) tra le basi dell'acido nucleico a doppio filamento, ed emette luce fluorescente quando irradiata con luce ultravioletta (300 nm). L'etidio bromuro può essere aggiunto direttamente al gel (la velocità di migrazione si riduce del 10-15 %), al campione, o, alternativamente, dopo l'elettroforesi.





DICROISMO CIRCOLARE

La luce linearmente polarizzata può essere considerata essere composta da luce circolarmente polarizzata a destra sovrapposta a luce circolarmente polarizzata a sinistra, entrambe con uguale intensità'. La combinazione delle due componenti circolarmente polarizzate in direzione opposta, quindi risulta in luce linearmente polarizzata che oscilla in un piano perpendicolare alla direzione di propagazione. Quando questa luce incontra un campione otticamente attivo, con un diverso assorbimento per una delle due componenti di luce circolarmente polarizzata (a destra o a sinistra), l'intensità di una delle viene ridotta maggiormente rispetto all'altra. Il risultato sarà che quando ricombinati, questi due componenti danno luogo a luce che non è più linearmente polarizzata ma a luce ellitticamente polarizzata. Questo effetto viene chiamato Dicroismo Circolare.



The mechanics of a semiflexible polymer

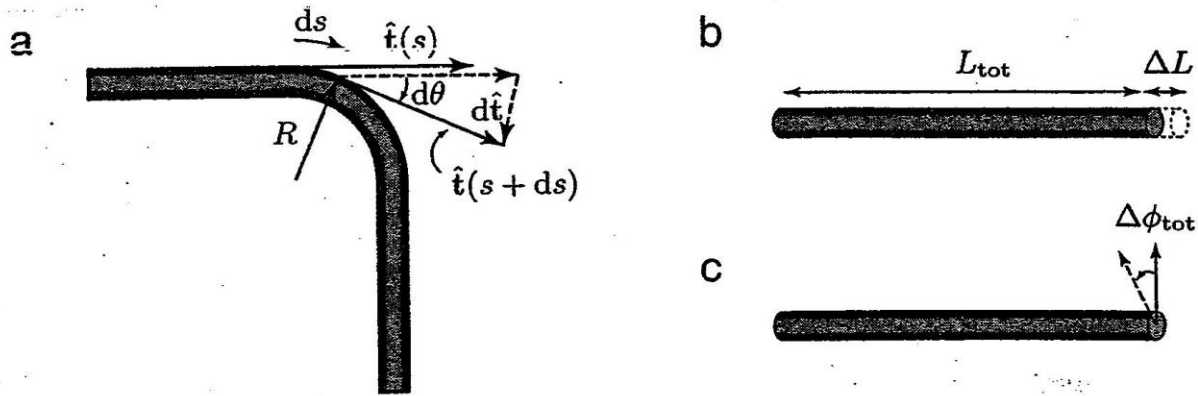


Figure 9.1: (Schematic.) Deformations of a thin elastic rod. (a) Definition of the bend vector, $\beta = d\hat{t}/ds$, illustrated for a circular segment of a thin rod. The parameter s is the contour length (also called arc length) along the rod. The tangent vector $\hat{t}(s)$ at one point of the rod has been moved to a nearby point a distance ds away (*dashed arrow*), then compared with the tangent vector there, or $\hat{t}(s+ds)$. The difference of these vectors, $d\hat{t}$, points radially inward and has magnitude equal to $d\theta$, or ds/R . (b) Definition of stretch. For a uniformly stretched rod, $u = \Delta L/L_{tot}$. (c) Definition of twist density. For a uniformly twisted rod, $\omega = \Delta\phi_{tot}/L_{tot}$.

Elastic energy cost of deforming a cylindrical hose

(or any long, thin elastic rod)

Divide the rod into short segments ds . G should be the sum of terms $dG(s)$ coming from the deformation of the segment at each position s .

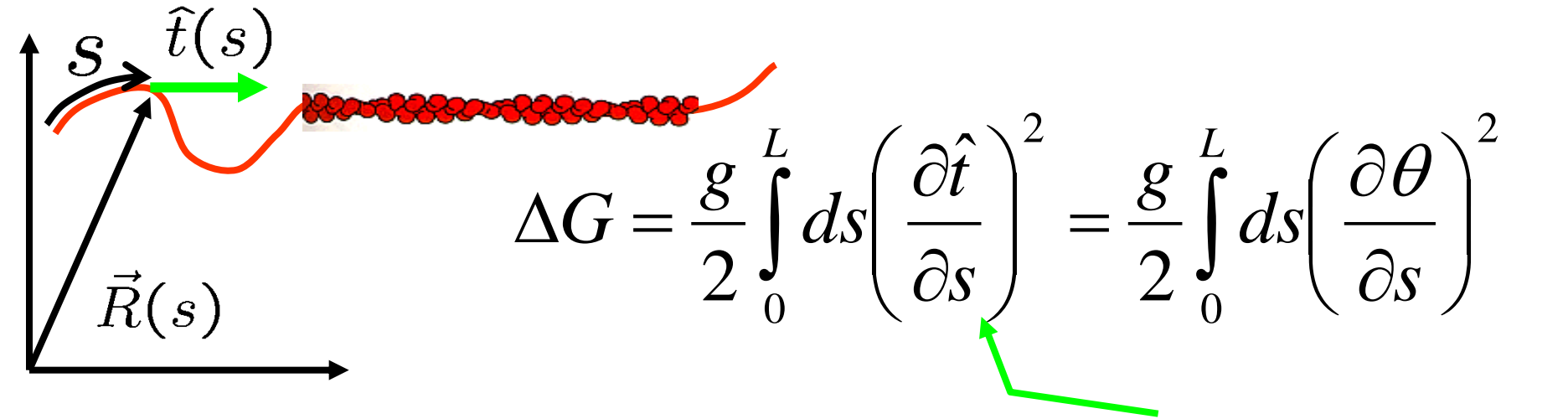
$$\omega = \frac{d\varphi}{ds} \quad dG(s) = \frac{1}{2} \left[g \vec{\beta}^2 + Bu^2 + C\omega^2 + 2Du\omega \right] ds$$
$$u = \frac{\Delta(ds)}{ds} \quad \beta = \frac{(d\hat{t})}{ds} \quad \vec{\beta}\omega \text{ absent! is a vector}$$

Many polymers consist of monomers joined by single chemical bonds. The monomers can then rotate about these bond, destroying any memory of the twist variable

$$C = D = 0$$

If we pull on the polymer with an applied force not too strong, the corresponding u will be negligible we can treat the molecule as an **inextensible rod**.

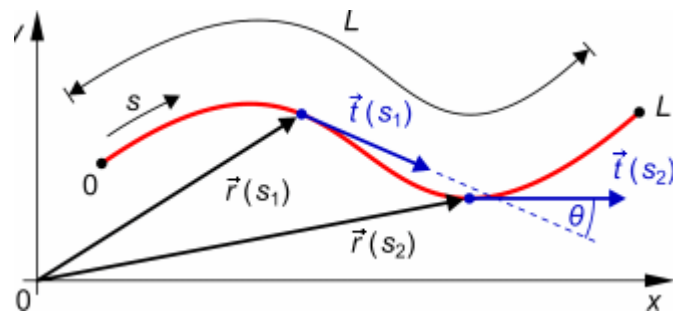
The mechanics of a semiflexible polymer: Bending



$$\hat{t}(s) = \frac{\partial \vec{R}}{\partial s} / \left| \frac{\partial \vec{R}}{\partial s} \right|$$

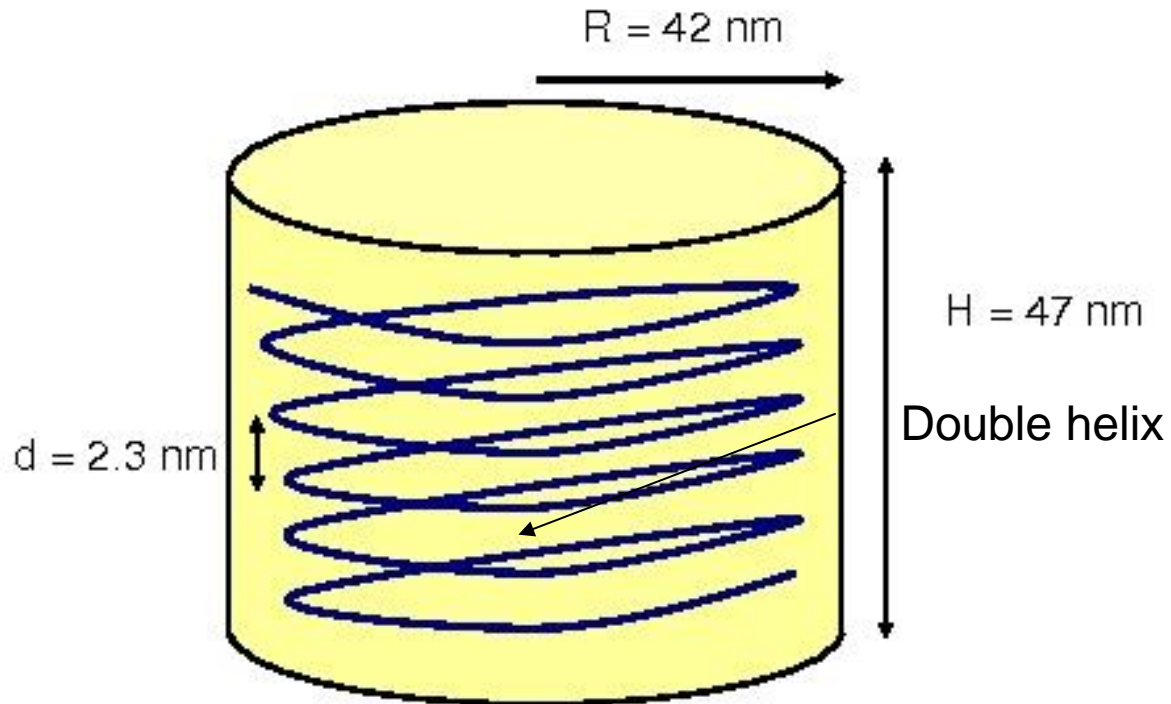
$$\ell_p = \kappa / k_B T$$

Bending modulus g



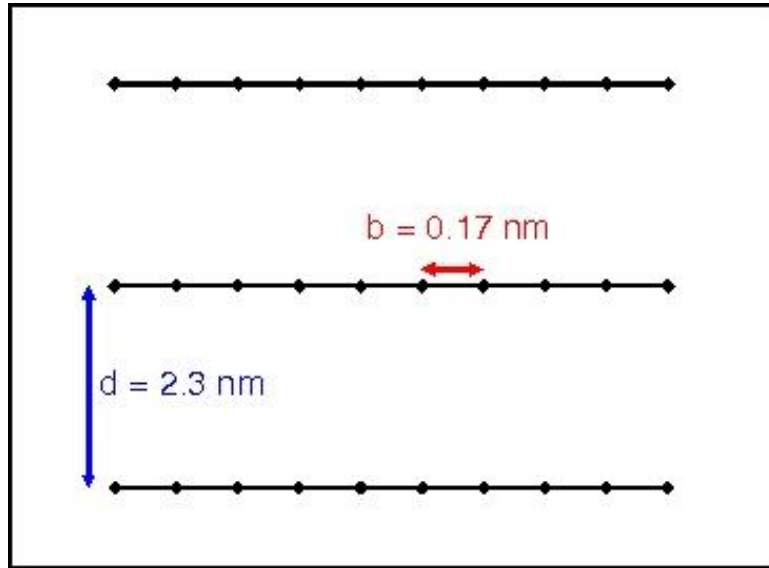
The Energy Cost of DNA Packing in Biological Systems (Kardar's webpage)

Bacteriophage Phi29.
20000 basi
 $L=20000*0.34=6800$ nm



Single molecule experiment: packing requires energy of the order of 10^5 RT

The Energy Cost of DNA Packing in Biological Systems : Electrostatics



If the DNA were in a vacuum, the calculation of electrostatic energy would be straightforward -- using Coulomb's law, we could determine that the electrostatic energy is simply a sum of e^2/r for all of the charges interacting with one another. However, DNA in a capsid is immersed in a solution of water and various ions derived from common biological salts (Na^+ , Ca^{2+} , etc.).

In the simple scenario of a charge in a dielectric medium, we use the Poisson equation:

$$\nabla^2 \varphi = -\frac{1}{\epsilon} \cdot 4\pi\rho$$

With ions in solution, however, we must use the Poisson-Boltzmann:

$$\nabla^2 \varphi = -\frac{1}{\epsilon} \cdot 4\pi\rho + \frac{\varphi}{\lambda^2}$$

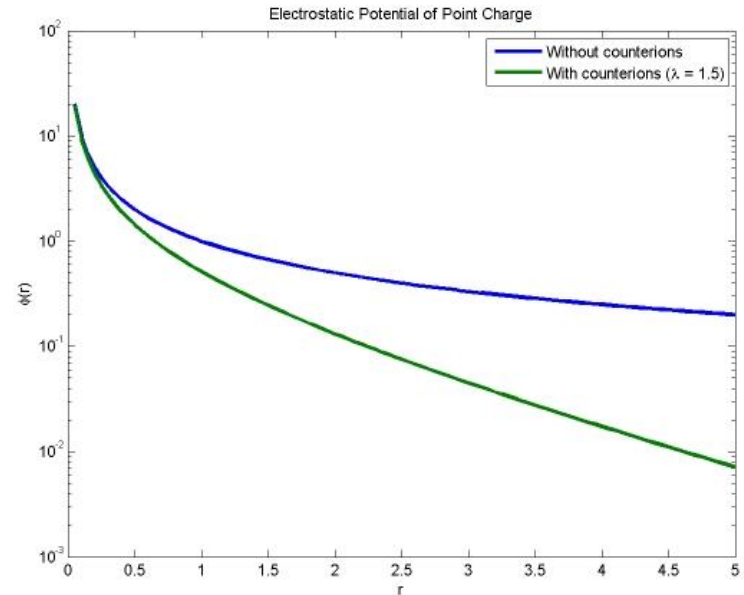
← SCREENING

The Energy Cost of DNA Packing in Biological Systems : Electrostatics

$$E_{el}(r) = RT \frac{L_b}{r} e^{-r/\lambda}$$

$$L_b = \frac{e^2}{4\pi\epsilon RT}$$

L_b , the Bjerrum length of water (0.71 nm). L_b is the characteristic length at which point the energy of electrostatic interactions is of the order of thermal fluctuations. Also, as we expected, the salt ions have screened the charge -- this is seen with the addition of the exponential factor (with screening length $\lambda = 1$ nm) to the potential function.



Number of charges

$$30 \cdot \frac{L}{b} \cdot \frac{L_b}{r} \cdot e^{-r/\lambda} \cdot RT$$

Number of charges within $\sim \sqrt{2}d$

$$30 \cdot \frac{6800}{0.17} \cdot e^{-2.3/1} \cdot RT \approx 4 \cdot 10^4 \cdot RT$$

Modello di Poland-Scheraga

Reticolo in d=3

$$\omega^1 = (\omega_0^1, \omega_1^1, \omega_2^1, \dots, \omega_N^1) \quad \omega_i^k \in \mathbb{Z}^3$$
$$\omega^2 = (\omega_0^2, \omega_1^2, \omega_2^2, \dots, \omega_N^2) \quad \omega_0^1 = \omega_0^2 = (0,0,0)$$

$$e^{-\frac{H}{k_B T}} = \prod_{i \neq j} \left(1 - \delta_{\omega_i^1, \omega_j^1}\right) \left(1 - \delta_{\omega_i^2, \omega_j^2}\right) \left(1 - \delta_{\omega_i^1, \omega_j^2}\right) e^{-\frac{\varepsilon}{k_B T} \sum_{i=1}^N \delta_{\omega_i^1, \omega_i^2}}$$



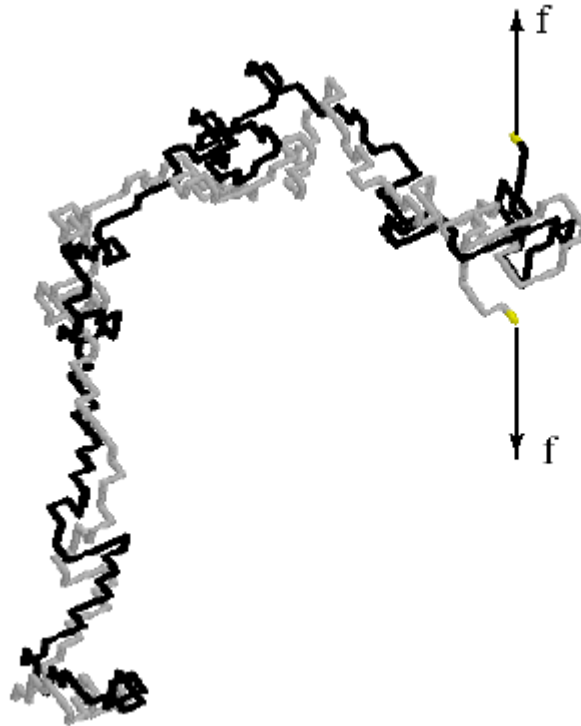
Self avoidance



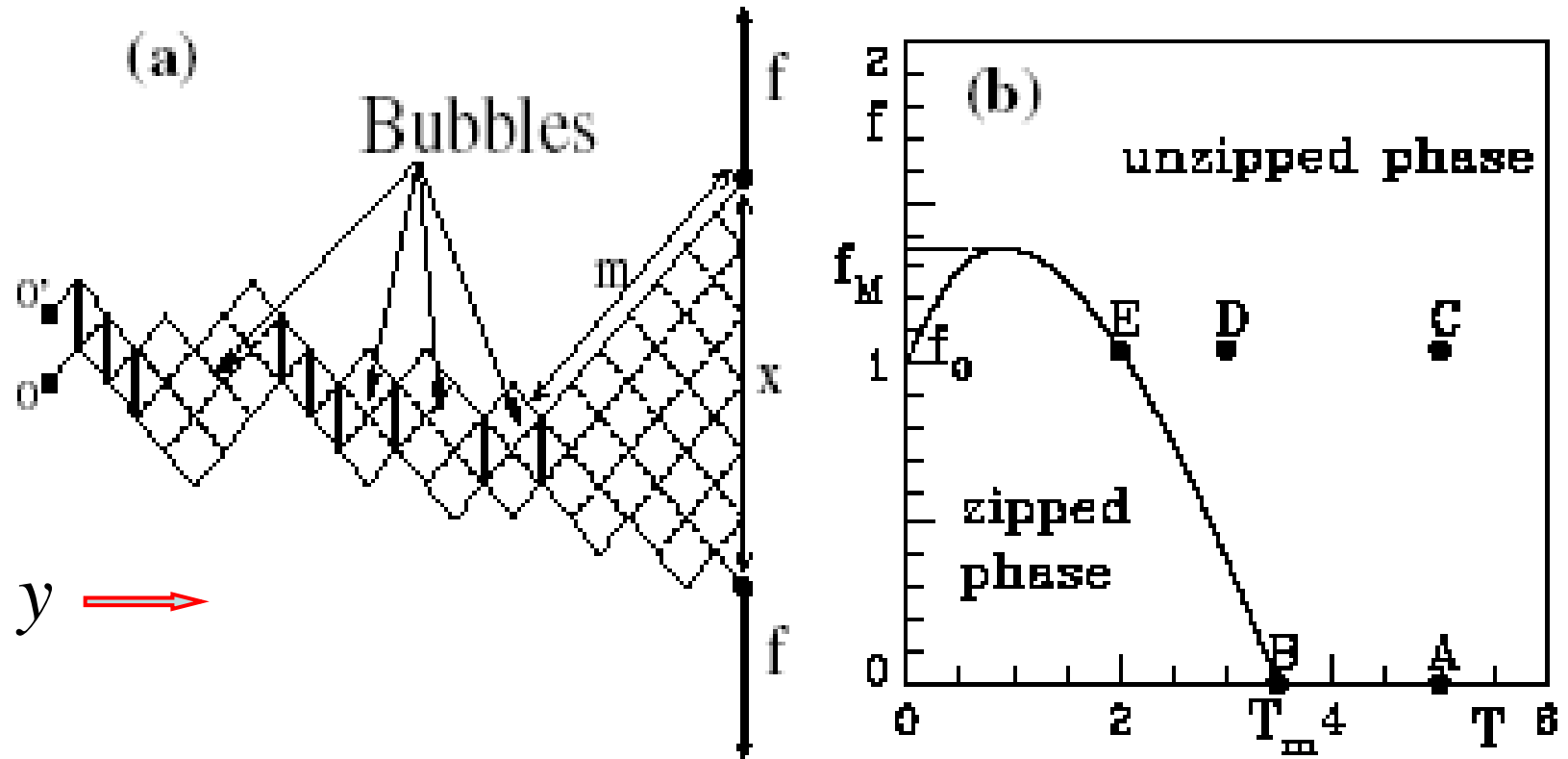
Mutual avoidance

Numerical Simulations 3d

N=200 steps



Exactly solvable model



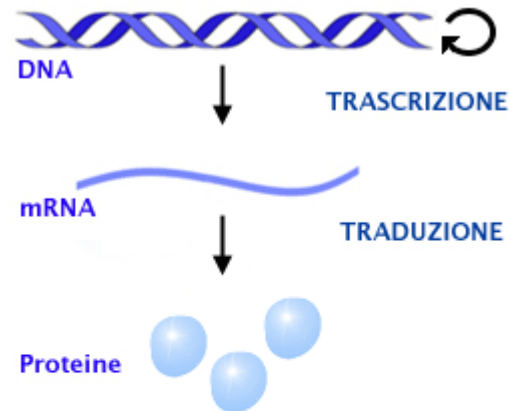
Hierarchical equations:

$d_y(x)$ num. of walks that at position y have a mutual distance x

$$d_y(x) = 2d_{y-1}(x) + d_{y-1}(x+1) + d_{y-1}(x-1)$$

L'RNA non è solo un intermedio del central dogma

DNA RNA Proteine



Schema del dogma della biologia cellulare. Il DNA replica se stesso mantenendo nella progenie l'informazione genetica. Tale informazione, consente la vita cellulare tramite la trascrizione in mRNA e la traduzione in proteine.

Per molti l'RNA è solo un intermediario tra i geni a DNA e la sintesi proteica. Tuttavia vi sono molti RNA che non sono codificanti e che svolgono varie funzioni (anche catalitiche) grazie all'acquisizione di precise strutture. Anche negli RNA messaggeri la struttura gioca ruoli importanti nella regolazione dello splicing (saldatura) e nella modulazione della sintesi proteica, sia per strutture secondarie formate dall'mRNA, sia per il legame con piccoli RNA regolatori.

Retrovirus: violazione dogma centrale?

Retroviruses are infectious particles consisting of an **RNA genome** packaged in a protein **capsid**, surrounded by a **lipid envelope**. This lipid envelope contains polypeptide chains including **receptor binding proteins** which link to the membrane receptors of the host cell, initiating the process of infection.

Retroviruses contain RNA as the hereditary material in place of the more common DNA. In addition to RNA, retrovirus particles also contain the enzyme reverse transcriptase (or **RTase**), which causes synthesis of a complementary DNA molecule (cDNA) using virus RNA as a template.

When a retrovirus infects a cell, it injects its RNA into the cytoplasm of that cell along with the reverse transcriptase enzyme. The cDNA produced from the RNA template contains the virally derived genetic instructions and allows infection of the host cell to proceed.

The virus that causes AIDS (*acquired immune deficiency syndrome*) is a retrovirus. It is called **HIV** for *human immunodeficiency virus*.

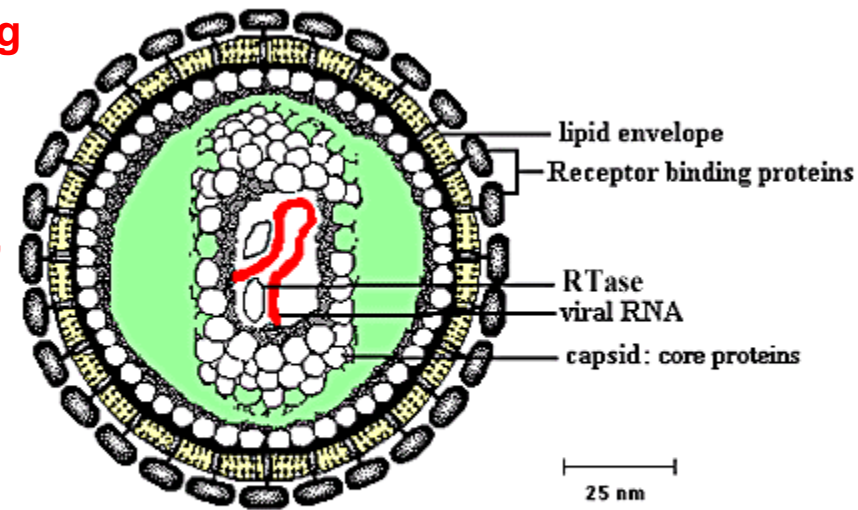


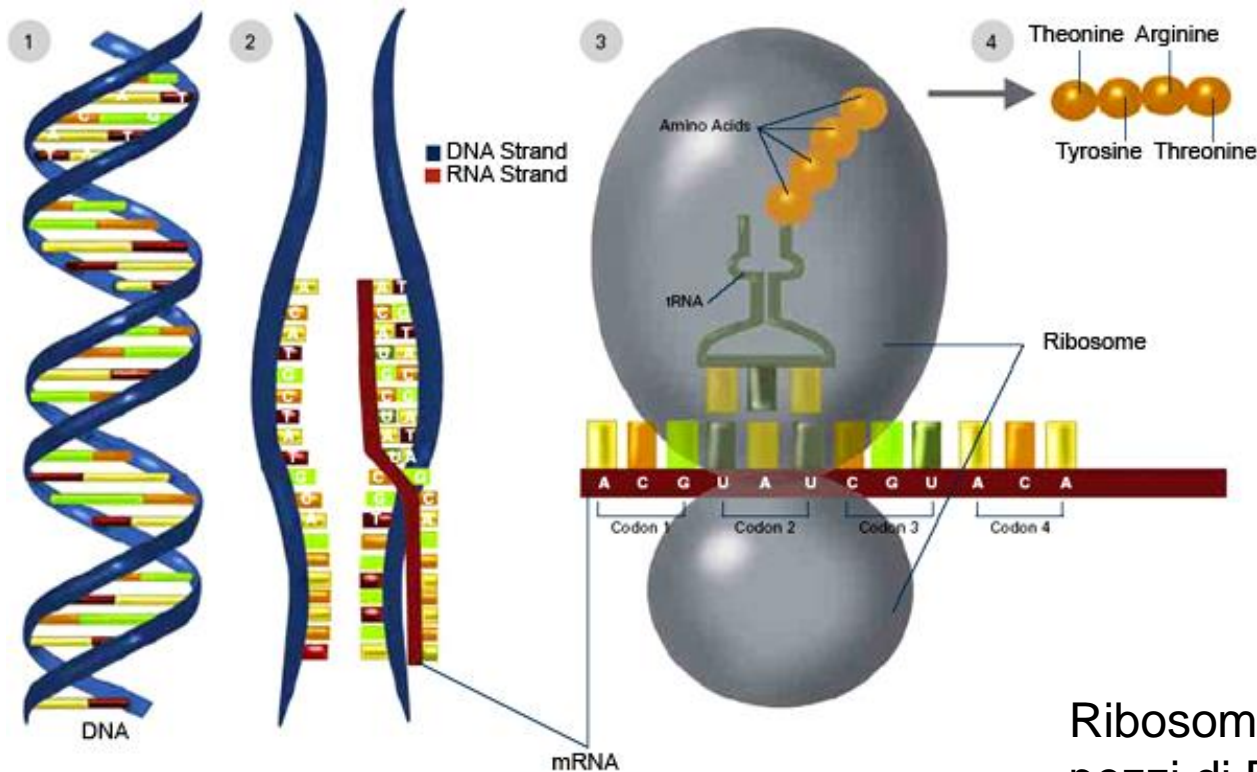
Diagram of a Retrovirus

RNA polifunzionale

mRNA messaggero

rRNA ribosomale

tRNA transfer

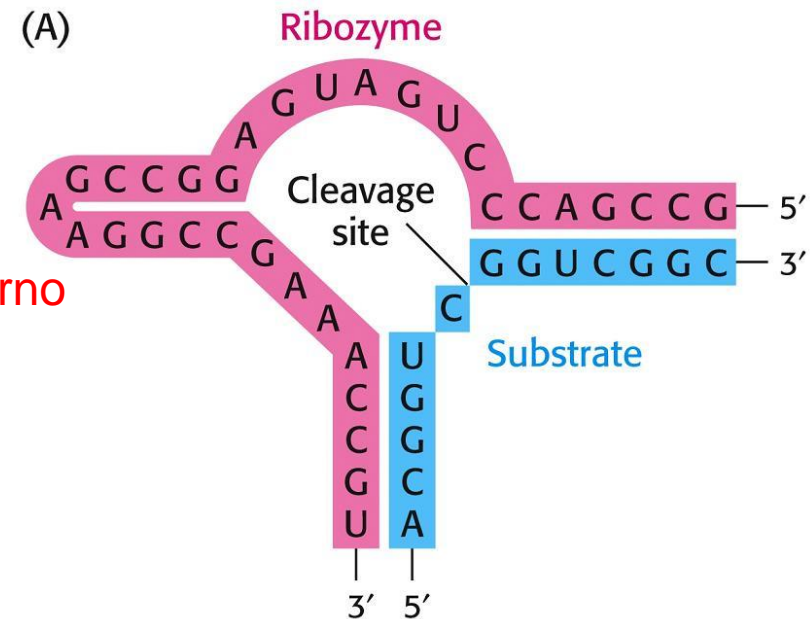


Ribosoma fatto da proteine, ma pezzi di RNA svolgono ruoli fondamentali soprattutto in parti funzionali

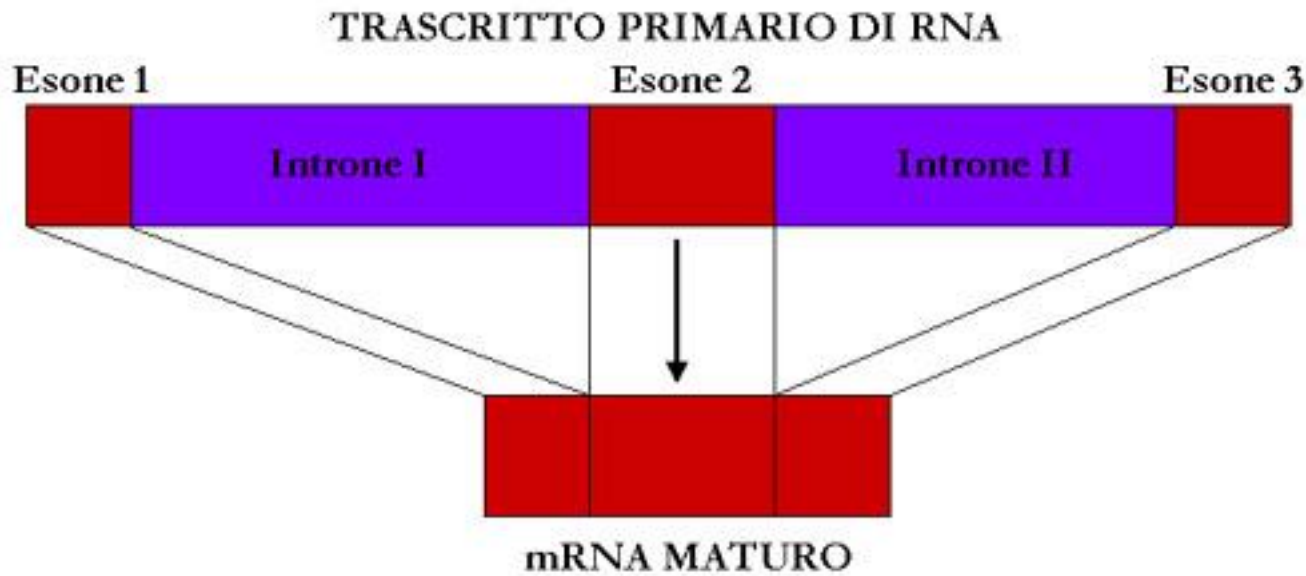
Ribozima (prima struttura 1994)

Un **ribozima** (termine composto da acido **ribonucleico** ed **enzima**), anche noto come **enzima a RNA** o **RNA catalitico**, è una molecola di RNA in grado di catalizzare una reazione chimica.

Il primo ribozima fu tuttavia identificato nel 1980 da Thomas R. Cech, che si stava occupando dello splicing dell'RNA nel protozoo ciliato Tetrahymena thermophila. Questo ribozima era contenuto all'interno di un introne di un trascritto RNA ed era in grado di auto-rimuoversi dal filamento stesso. Nel 1989, Cech e Altman vinsero il Premio Nobel per la chimica per le loro "scoperte sulle proprietà catalitiche dell'RNA"



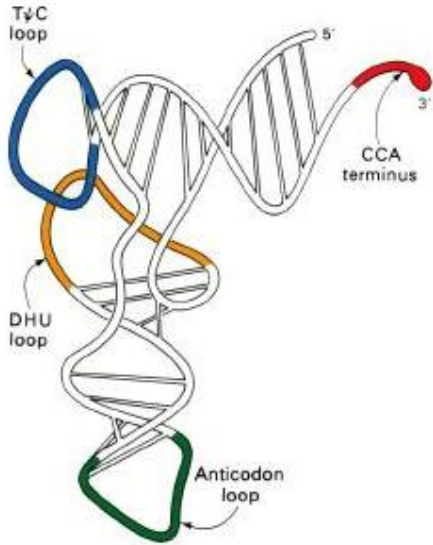
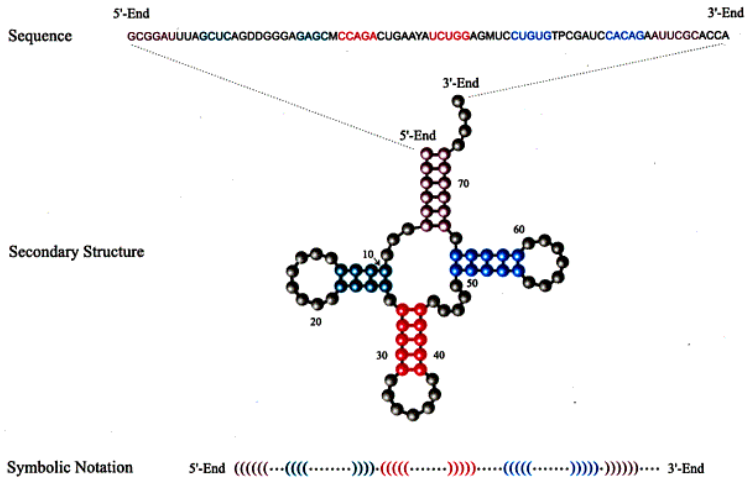
Sebbene la maggior parte dei ribozimi abbiano una concentrazione cellulare irrilevante, il loro ruolo è spesso essenziale per la vita. Ad esempio, la regione funzionale del ribosoma, responsabile della sintesi proteica, è essenzialmente un ribozima.



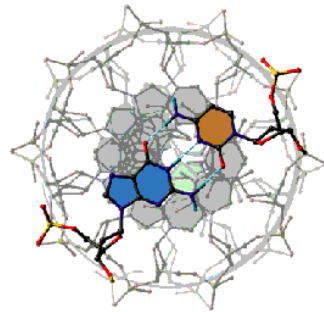
Si definiscono **introni** le regioni non codificanti di un [gene](#) che, insieme agli [esoni](#), vengono [trascritte](#) dalle [RNA polimerasi](#). La [trascrizione](#) di una [sequenza di DNA](#) porta quindi alla formazione di un trascritto primario (pre-mRNA) che deve essere sottoposto a splicing, il processo che porta alla rimozione degli introni e alla formazione degli mRNA maturi. Gli introni sono presenti solo negli eucarioti e negli archeobatteri, ma non negli [eubatteri](#) -dove tutto l'RNA trascritto rimane nel mRNA (o tRNA, rRNA)- i quali si sono allontanati (diramati) prima dalla linea evolutiva comune di [eucarioti](#) e [archeobatteri](#).

L'intero patrimonio genetico umano è solo per il 27% composto da geni e questi sono codificanti per solo il 10% (ovvero il 2,7% del genoma umano codifica per una proteina).

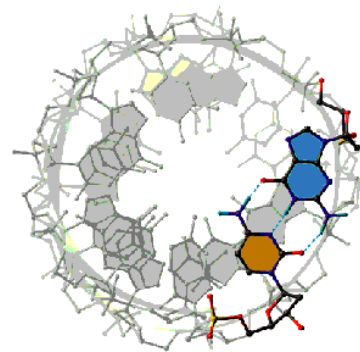
Strutture primarie, secondarie e terziarie RNA



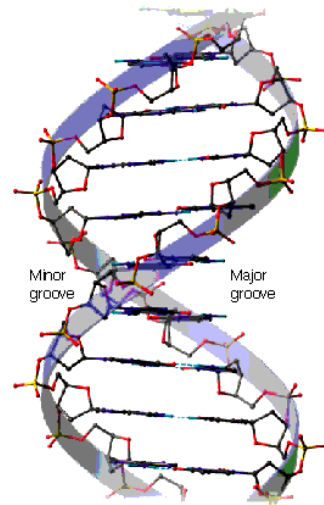
L'RNA a doppio filamento forma eliche A



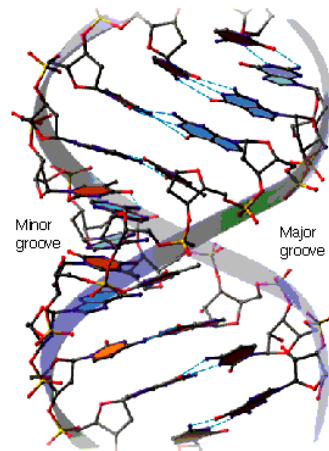
(a) B-DNA, end-on view



(c) A-DNA, end-on view



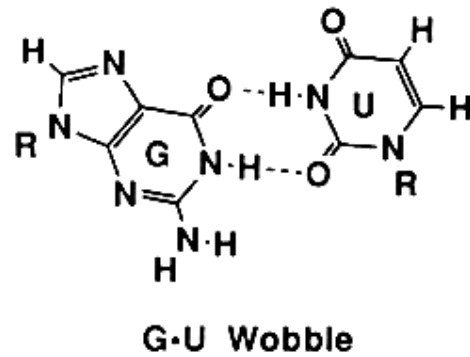
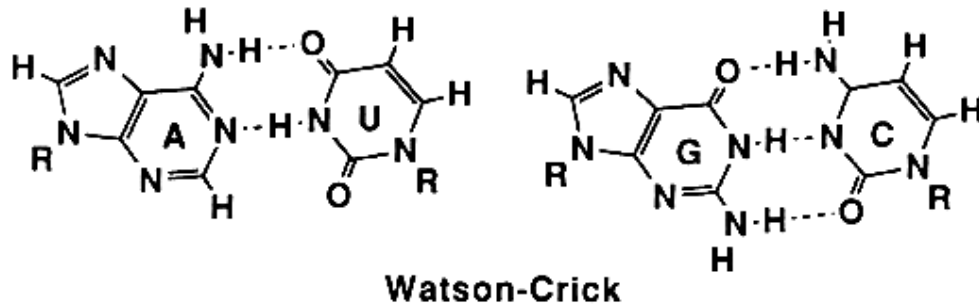
(b) B-DNA, side view



(d) A-DNA, side view

A differenza del DNA, i **doppi filamenti di RNA e gli ibridi di DNA-RNA possono assumere solo la forma A dell'elica**. Questo a causa dell'ingombro sterico tra il gruppo ossidrilico in 2' e il carbonio 8 della base purinica adiacente.

Appaiamenti canonici nell'RNA



Tipi di strutture secondarie nell'RNA

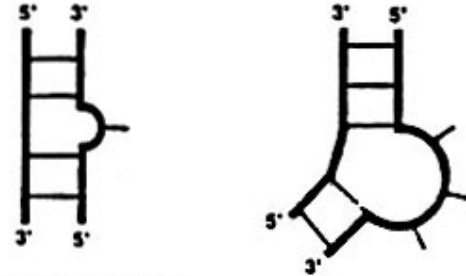
Singolo filamento



Doppio filamento
Elica (forma A)



Bulge loop singolo Bulge loop multiplo



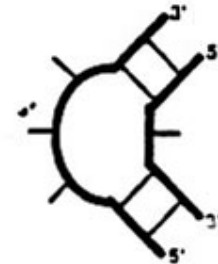
Stem and loop
Hairpin loop



Loop interno simmetrico

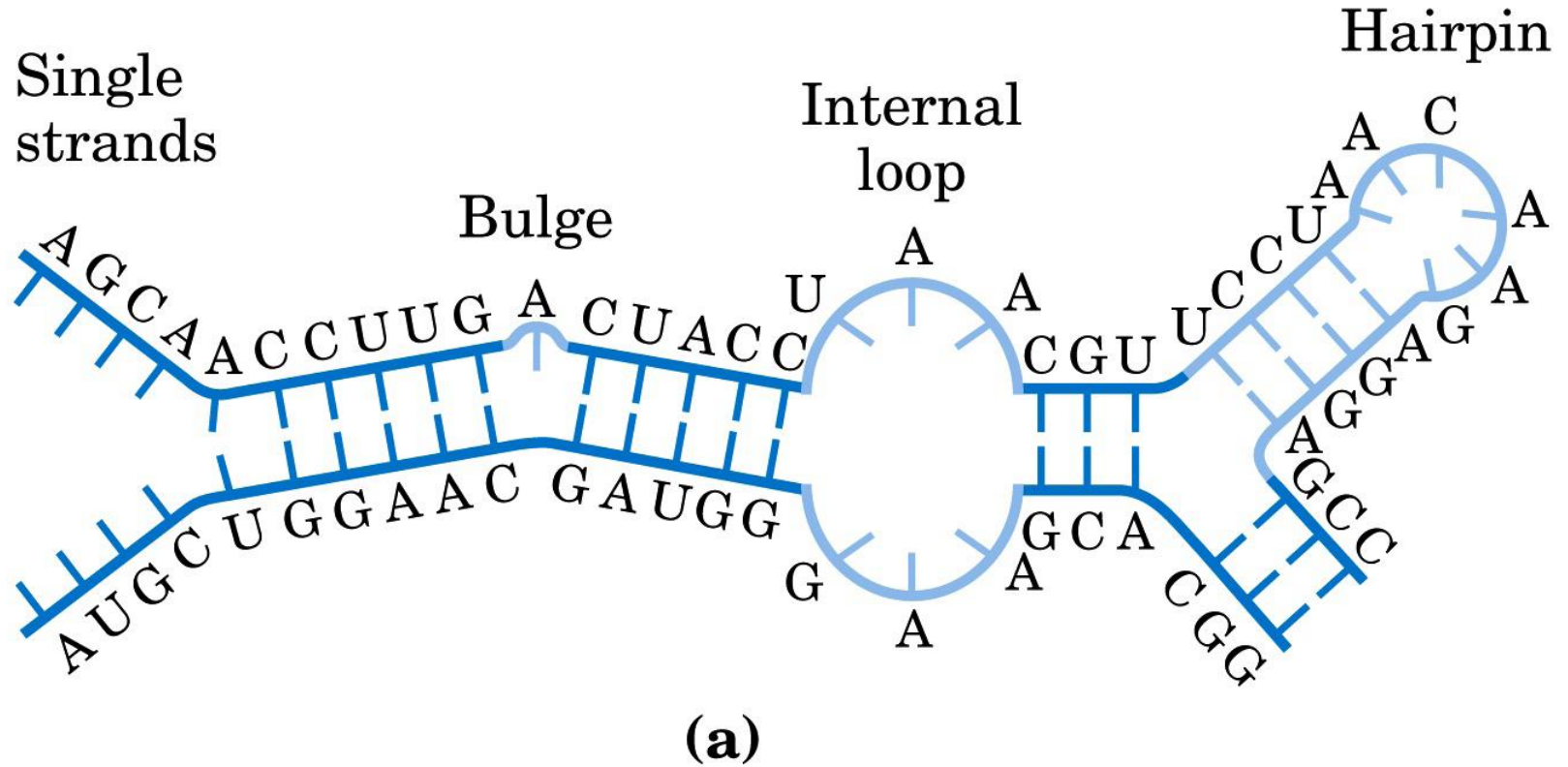


Loop interno antisimmetrico



La combinazione regioni a doppio filamento (ds) e a singolo filamento (ss) genera vari tipi di strutture. Regioni non appaiate di un elica di distinguono in bulge (rigonfiamento) quando la regione ss interessa un singolo filamento, hairpin (molletta) quando la regione a ss interessa la parte terminale di un elica e loop interni quando la regione ss interessa entrambi i filamenti. Queste regioni destabilizzano le regioni a ds circostanti. L'hairpin è tra tutte la regione più stabile a condizione che abbia un numero minimo di basi ss (quattro o più).

Tipi di strutture secondarie nell'RNA



RIPIEGAMENTO RNA

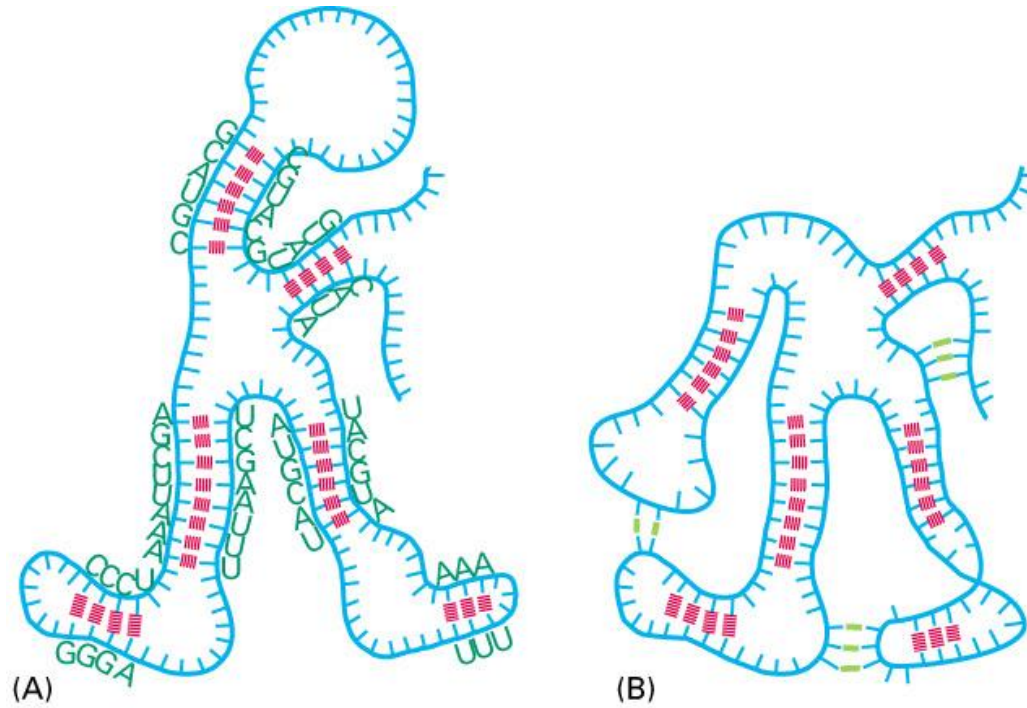
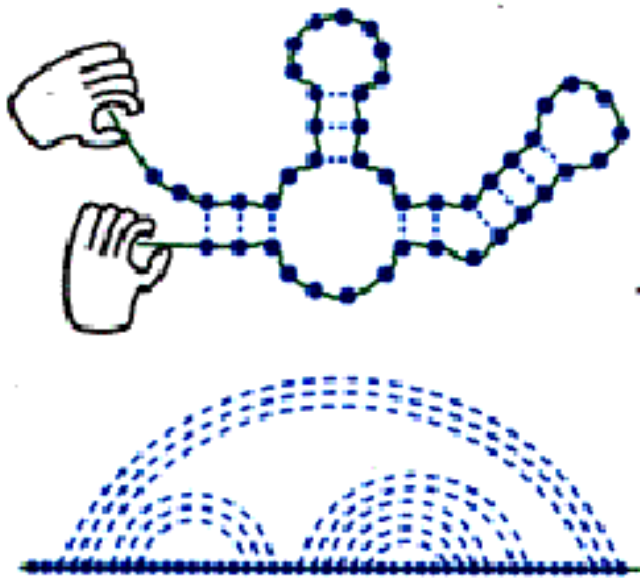


Figure 6-6 part 1 of 2. Molecular Biology of the Cell, 4th Edition.

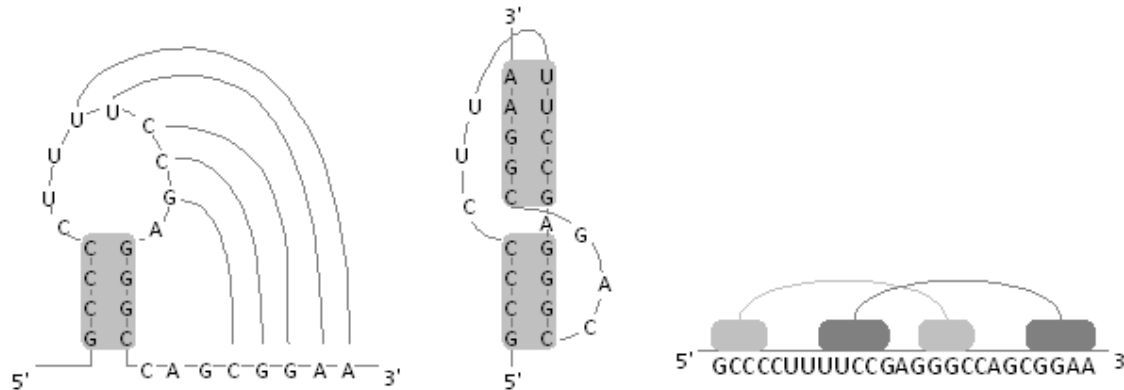
Rappresentazioni di struttura secondaria dell'RNA



Gli appaiamenti canonici di basi sono sempre annidati nella struttura secondaria. Questo implica che se si immagina di “aprire” un grafo planare si ottiene un diagramma in cui gli archi non sono mai intrecciati tra di loro. Questo fa sì che la struttura secondaria possa essere scritta con una notazione in parentesi senza che vi sia ambiguità nell’ordine degli appaiamenti. Quando questa condizione non si verifica si hanno pseudoknots (pseudonodi), o altre strutture che determinano il ripiegamento terziario dell’RNA

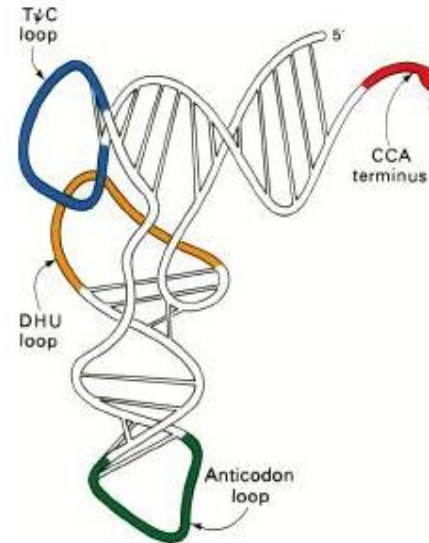
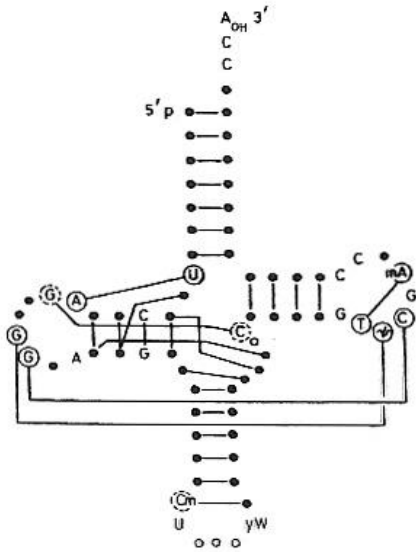
..(((.((((.....))))).((((((.....))))).)).....))

Pseudoknots



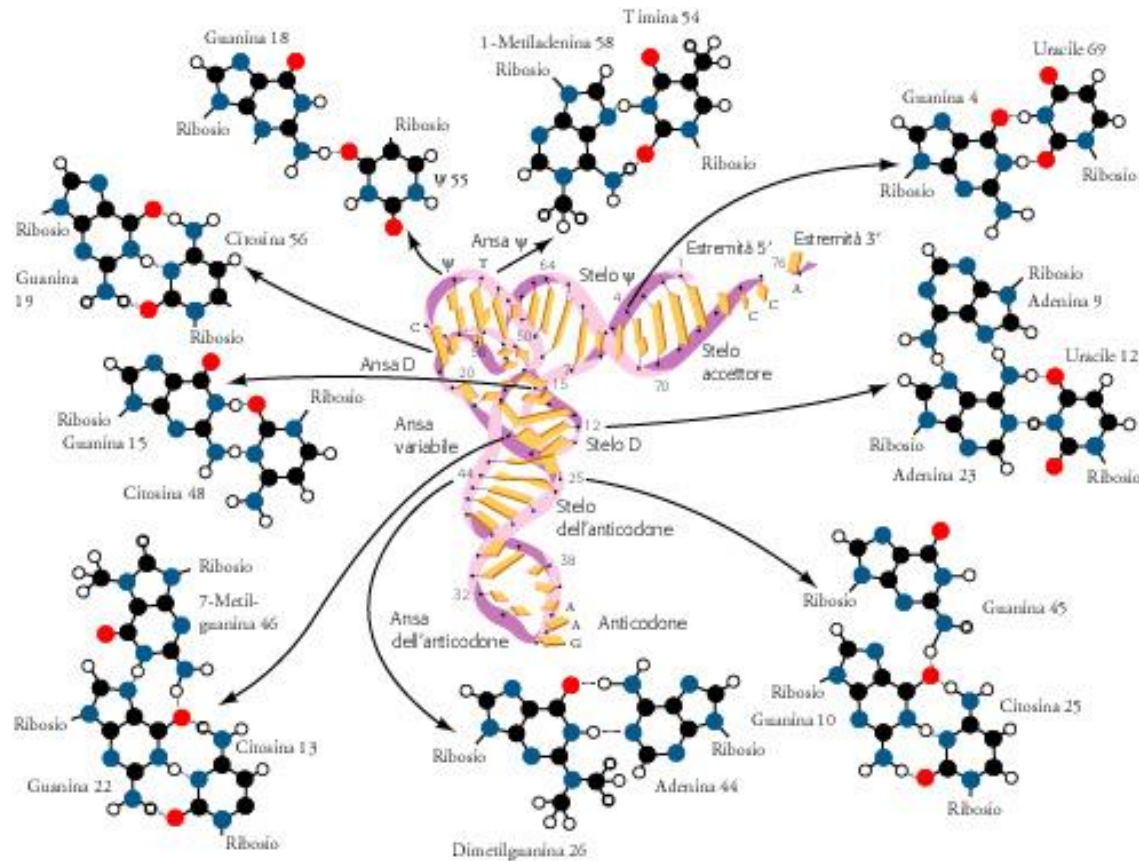
Nel ripiegamento terziario dell'RNA si hanno appaiamenti tra basi non annidati che i programmi di predizione di struttura non sono di solito in grado di predire. Queste strutture sono presenti in molti RNA importanti, tuttavia il numero di questi appaiamenti rispetto alle strutture annidate è tipicamente basso. Nell'RNA ribosomiale 16S di E. coli vi sono 447 appaiamenti canonici (Watson Crick e G-U), solamente otto sono implicati nella formazione di pseudoknots

Pseudoknots



La forma ad L dei nella struttura dei tRNA dipende da interazioni non annidate soprattutto tra i loop TψC e DHU

Interazioni nella struttura tridimensionale del tRNA





Organismi in cui il genoma e' stato sequenziato

- Eucarioti [animali, piante] 2752 genomi
- Procarioti [batteri] 21232 genomi
- Virus 3942 genomi
- Progetto 1000 genomi umani

GENOMA: CIRCA 3.000.000.000 PAIA DI BASI

NUMERO DI GENI IDENTIFICATI : 26383

NUMERO DI GENI ANNOTATI: 18683 (29045 PROTEINE)

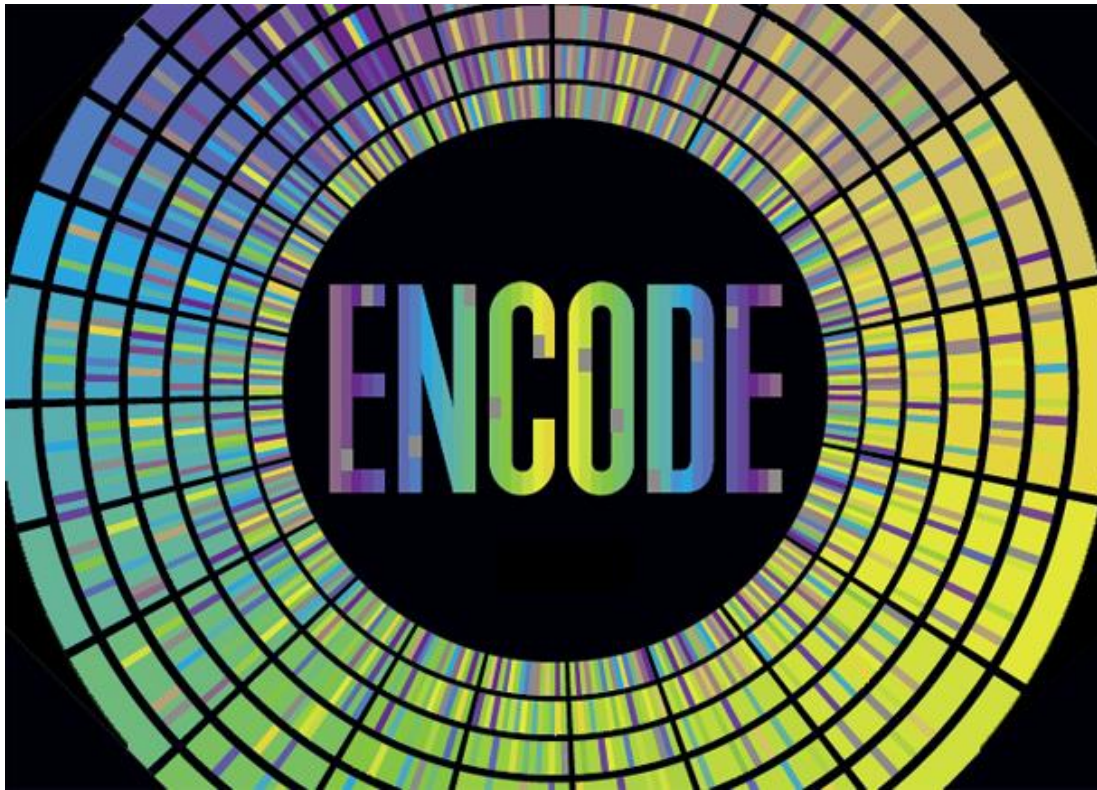
LUNGHEZZA MEDIA DI UN GENE: 1500 BASI

I GENI SONO DISPERSI NEL GENOMA UMANO: 1.5 % ESONI

24% INTRONI INTRAGENICI

74.5 REGIONI INTERGENICHE

ENCODE (Encyclopedia of DNA Elements) è un consorzio di ricerca pubblico lanciato dall'Istituto di ricerca Nazionale del genoma umano degli Stati Uniti ([NHGRI](#)) nel settembre [2003](#). L'obiettivo è di trovare tutti gli elementi **funzionali** presenti nel [genoma umano](#), il che rappresenta uno dei progetti più critici dopo aver completato il [progetto Genoma Umano](#). Tutti i dati generati nel corso del progetto verranno rilasciati rapidamente nei database pubblici.

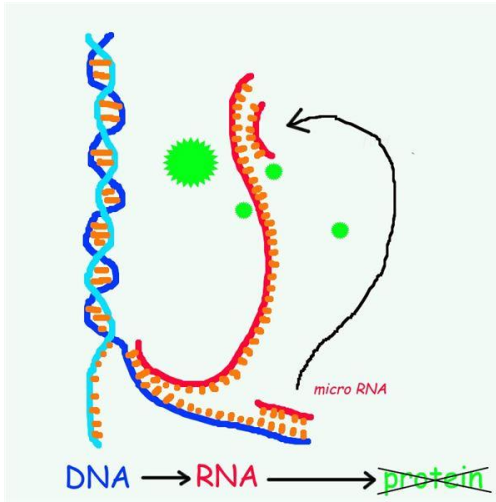


**75% DEL DNA VIENE
TRADOTTO (+ GENI)**

**SENSIBILE ALLE
MUTAZIONI**

TRASCRIPTOMICA

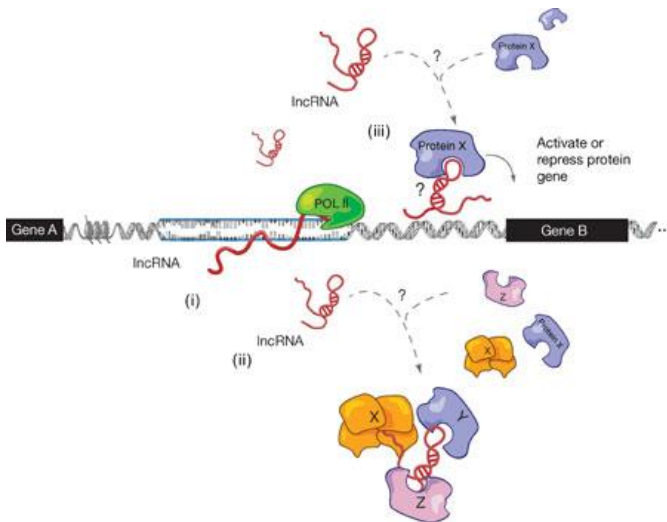
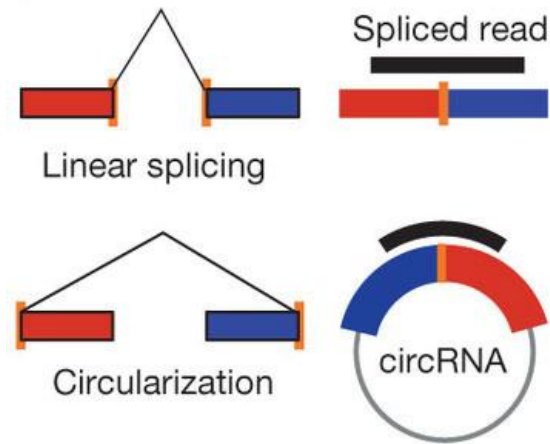
RNA molto reattivo!



micro RNA:

INTERAZIONE CON M-RNA (degradazione, modulazione)

Circular RNA: SEQUESTRO microRNA



lncRNA (lunghi): interagiscono con le proteine (come ribosoma, ma tanti!)

EVOLUZIONE

	Batteri	Lieviti	Vermi	Umani
Genoma	4.000.000	12.000.000	100.000.000	3.000.000.000
Esoni	3.800.000	9.000.000	25.000.000	45.000.000
ncDNA	100.000	3.000.000	70.000.000	2.250.000.000