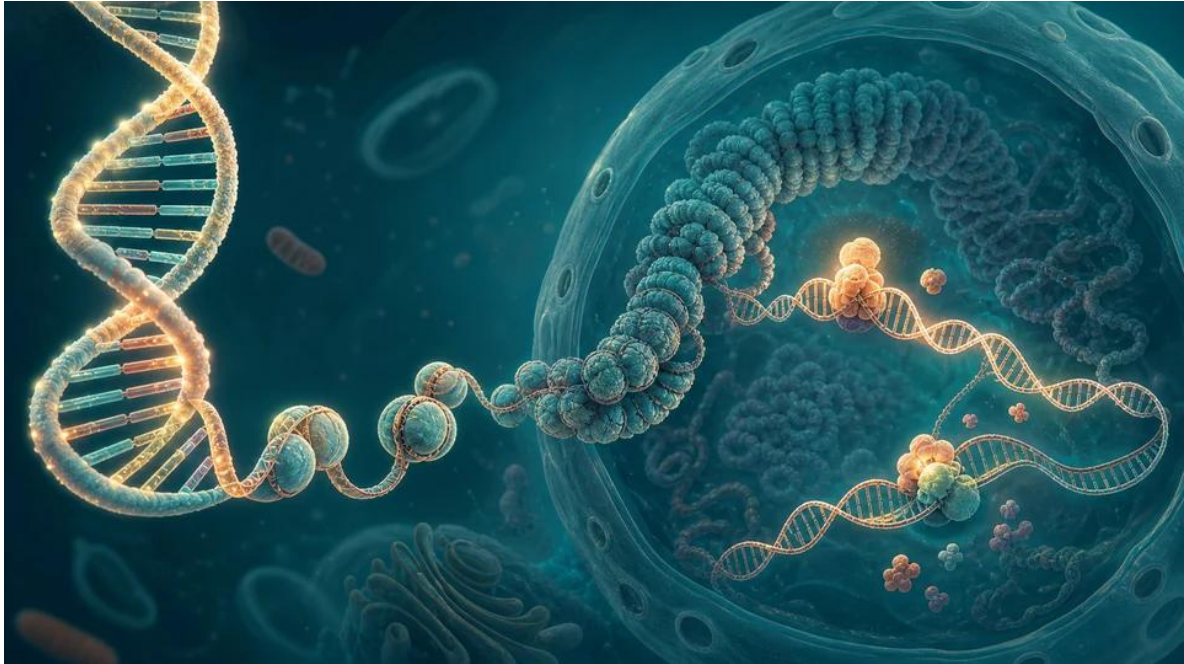


DNAの不思議

JA - A1-C1 - <https://italianoconmartin.com/ja/dokkai/dna-no-fushigi.html>



La meraviglia del DNA - livello A1

現在 - 簡単な文

Il nostro corpo ha moltissime cellule. Quasi ogni cellula ha un piccolo centro: il nucleo. Nel nucleo c'è il DNA.

Il DNA è una molecola molto lunga e molto sottile. In una cellula umana ci sono circa due metri di DNA. Il nucleo, però, è più piccolo di un punto su un foglio.

Come entra un filo così lungo in uno spazio così piccolo? Il DNA si avvolge intorno a piccole proteine. Poi si piega ancora e ancora. Non forma una palla senza ordine: ogni parte ha il suo posto.

Possiamo fare un paragone. Immaginiamo di ingrandire un nucleo fino alla grandezza di una pallina da tennis. Alla stessa scala, il DNA è un filo lungo circa 20-30 chilometri. Il numero cambia un po' perché le cellule e i nuclei non hanno tutti la stessa misura.

Il DNA contiene informazioni per costruire e far funzionare il corpo. Le sue quattro "lettere" si chiamano A, C, G e T. Un gruppo di lettere può formare un gene. Un gene dà alla cellula un'istruzione.

Una copia del nostro genoma ha circa 3,1 miliardi di coppie di lettere. Se trasformiamo semplicemente queste lettere in dati digitali, una copia occupa circa 750-800 megabyte. Nelle cellule normali ci sono due copie: una viene dalla madre e una dal padre.

Ci sono alcune eccezioni. I globuli rossi maturi non hanno il nucleo. Inoltre, un piccolo DNA si trova nei mitocondri e arriva quasi sempre dalla madre.

Quando una cellula si divide, deve copiare il DNA. La doppia elica si apre come una cerniera. Ogni metà aiuta a costruire una nuova metà. Alcune proteine controllano il lavoro e correggono molti errori.

Il DNA non resta sempre chiuso. Quando la cellula ha bisogno di un gene, apre solo quella zona. Legge l'istruzione e produce una copia temporanea chiamata RNA. Così una cellula del cuore e una cellula della pelle hanno quasi lo stesso DNA, ma leggono pagine diverse.

La meraviglia è questa: il DNA è molto piccolo, ma contiene una grande biblioteca. È piegato, però può aprirsi. È stabile, però può essere copiato. E ogni cellula sa quali pagine deve usare.

役に立つ言葉

cellula = セル nucleo = 核 DNA = DNA filo = スレッド piegare = 折ります gene = 遺伝子 informazione = 情報 copiare = コピー errore = エラー leggere = 読む

理解する

- DNAはどこで見つかるのでしょうか？
- 細胞の DNA の長さはどれくらいですか？
- DNA の一部が開くのはなぜですか？

La tua risposta

Quale informazione sul DNA ti meraviglia di più? Rispondi con una frase semplice in italiano.

La risposta resta salvata solo su questo dispositivo.

La meraviglia del DNA - livello A2

プロセスの説明

Il DNA è il materiale che conserva le istruzioni della vita. Si trova nel nucleo di quasi tutte le cellule umane. Se mettessimo in fila il DNA di una sola cellula, otterremmo circa due metri. Il nucleo, invece, misura solo pochi micrometri.

Per entrare nel nucleo, il DNA usa un sistema ordinato. Prima si avvolge intorno a proteine chiamate istoni, come un filo intorno a molti piccoli rocchetti. Queste unità si chiamano nucleosomi. Poi il filo forma anelli e pieghe più grandi. L'insieme di DNA e proteine si chiama cromatina.

Il paragone con la pallina da tennis è utile, ma 40 chilometri è una stima un po' alta. Se un nucleo di circa 5-10 micrometri diventa grande come una pallina da tennis, i due metri di DNA diventano un filo di circa 15-30 chilometri. La misura dipende dal tipo di cellula.

Il DNA usa quattro basi: adenina, citosina, guanina e timina, indicate con A, C, G e T. Poiché ogni posizione può avere quattro valori, in teoria può rappresentare due bit. Una sequenza umana completa, con circa 3,1 miliardi di coppie di basi, corrisponde quindi a circa 750-800 megabyte di lettere grezze. Una cellula comune ha due serie di cromosomi, perciò contiene circa il doppio.

Questo confronto non significa che una persona sia un semplice file. Molte sequenze si ripetono e il significato biologico dipende anche da come il DNA è organizzato e regolato. I geni che producono proteine sono solo una piccola parte del genoma. Altre regioni aiutano ad accendere, spegnere o coordinare i geni.

Di solito riceviamo 23 cromosomi dalla madre e 23 dal padre. Per molti geni abbiamo quindi due versioni, chiamate alleli. Durante la formazione di ovuli e spermatozoi, i cromosomi si scambiano alcuni pezzi. Per questo ogni figlio riceve una combinazione nuova.

Prima di dividersi, una cellula ha copiato tutto il suo DNA. Un enzima ha aperto la doppia elica; altri enzimi hanno costruito i nuovi filamenti usando quelli vecchi come modello. La DNA polimerasi ha scelto le lettere complementari: A con T, C con G.

La copia non è perfetta al primo tentativo. La polimerasi controlla molte lettere mentre lavora. Dopo il suo passaggio, altri sistemi trovano e riparano molti errori rimasti. Qualche cambiamento può comunque restare: si chiama mutazione.

Infine, il DNA deve essere letto. La cellula non apre tutta la biblioteca. Proteine speciali rendono accessibile una zona, spostano o modificano i nucleosomi e permettono alla RNA polimerasi di copiare un gene in RNA. Le

cellule usano geni diversi in momenti diversi. Questa scelta permette allo stesso DNA di guidare un neurone, una cellula muscolare o una cellula della pelle.

役に立つ言葉

istone = ヒストン rocchetto = スプール nucleosoma = スクレオソーム cromatina = クロマチン base = 基本的な cromosoma = 染色体 allele = 対立遺伝子 enzima = 酵素 filamento = フィラメント mutazione = 突然変異

理解する

- DNAはどのように折り畳まれるのでしょうか？
- 私たちは親から何を得るのでしょうか？
- セルはどのようにしてエラーをチェックするのでしょうか？

La tua risposta

Spiega con parole tue come due metri di DNA entrano in un nucleo molto piccolo.

La risposta resta salvata solo su questo dispositivo.

La meraviglia del DNA - livello B1

原因、結果、比較

Ogni cellula umana con un nucleo affronta un problema sorprendente: deve sistemare circa due metri di DNA in uno spazio largo pochi milionesimi di metro. Non basta comprimere il DNA come carta in una tasca, perché la cellula deve anche trovare velocemente le istruzioni che le servono.

Il primo livello di organizzazione è il nucleosoma. Circa 147 coppie di basi si avvolgono attorno a otto proteine chiamate istoni. Al microscopio, questa struttura ricorda un filo con molte perle. I nucleosomi si organizzano poi in anelli, domini e regioni più o meno compatte. Ogni cromosoma occupa una zona preferenziale del nucleo, chiamata territorio cromosomico.

Il famoso paragone dei 40 chilometri in una pallina da tennis comunica bene la meraviglia, ma non è una misura universale. Una pallina ha un diametro di circa 6,7 centimetri; un nucleo può avere un diametro di 5-10 micrometri. Mantenendo la stessa scala, due metri diventano all'incirca 15-30 chilometri. In un nucleo particolarmente piccolo la stima può salire. È quindi più corretto parlare di decine di chilometri.

Il genoma umano contiene poco più di tre miliardi di coppie di basi per ogni serie di cromosomi. Le basi possibili sono quattro, quindi ciascuna posizione può essere rappresentata con due bit. Un semplice file con una serie del genoma richiede circa 750-800 megabyte; le due serie di una cellula diploide corrispondono a circa 1,5-1,6 gigabyte di sequenza grezza.

Tuttavia, questo numero descrive solo le lettere e non tutta l'informazione biologica. La funzione dipende anche dal ripiegamento tridimensionale, dalle proteine legate al DNA e da segnali chimici che influenzano l'attività dei geni. Inoltre, meno del due per cento del genoma produce direttamente proteine. Una parte del resto regola i geni, forma RNA utili o contribuisce alla struttura dei cromosomi; molte sequenze sono ripetute e alcune funzioni non sono ancora completamente comprese.

La densità fisica del DNA è straordinaria. Calcolando il limite ideale delle quattro basi, un grammo di DNA asciutto potrebbe rappresentare circa 228 miliardi di gigabyte. Nei sistemi sperimentali di archiviazione digitale il risultato è più basso, perché servono indirizzi e ripetizioni per correggere gli errori. Un importante esperimento chiamato DNA Fountain ha comunque raggiunto 215 petabyte per grammo, cioè 215 milioni di gigabyte per grammo.

Nelle cellule del corpo, i cromosomi sono organizzati in coppie: una copia viene dall'ovulo materno e una dallo spermatozoo paterno. Durante la meiosi, prima che si formino ovuli e spermatozoi, i cromosomi ricevuti dai nonni si scambiano tratti di DNA. La fecondazione riunisce poi 23 cromosomi materni e 23 paterni. Perciò non

riceviamo una metà intatta di ogni nonno, ma un mosaico nuovo.

Esistono eccezioni importanti. I mitocondri possiedono un piccolo genoma che viene trasmesso quasi sempre dalla madre. I cromosomi sessuali seguono regole particolari. Inoltre, i globuli rossi maturi hanno perso il nucleo e le cellule riproduttive mature hanno una sola serie di cromosomi.

Quando una cellula sta per dividersi, un complesso di proteine separa i due filamenti della doppia elica. Ogni filamento diventa il modello per un filamento nuovo. Le DNA polimerasi aggiungono le basi complementari, ma devono lavorare in modi leggermente diversi sui due lati della forcella di replicazione. Su un lato la copia procede in modo continuo; sull'altro viene costruita in brevi segmenti, poi uniti.

La fedeltà nasce da più controlli. La polimerasi sceglie la base più adatta, rimuove molte basi sbagliate con una funzione di correzione e lascia poi il lavoro a sistemi di riparazione. Il “mismatch repair”, per esempio, riconosce coppie errate rimaste nel DNA appena copiato. Grazie a questi passaggi, gli errori finali sono rarissimi, anche se non scompaiono completamente. Le mutazioni rimaste rendono possibile l'evoluzione, ma possono anche causare malattie.

Il DNA piegato deve infine essere accessibile. Quando serve un gene, proteine regolatrici riconoscono la zona giusta. Alcune modificano gli istoni o spostano i nucleosomi; altre avvicinano regioni lontane formando anelli. La RNA polimerasi può allora leggere un filamento e produrre RNA. Non viene quindi “srotolato” un intero cromosoma: si apre localmente la pagina necessaria e, dopo la lettura, la cromatina può richiudersi.

Quasi tutte le cellule condividono la stessa biblioteca genetica, ma non consultano gli stessi libri. Questa lettura selettiva spiega come cellule con lo stesso DNA possano avere forme e compiti molto diversi.

役に立つ言葉

dominio = ドメイン territorio cromosomico = 染色体領域 sequenza grezza = 生のシーケンス regolazione = 調整 meiosi = 減数分裂 fecondazione = 受精 forcella di replicazione = レプリケーションフォーク riparazione = 修理

理解する

- なぜ順序立てて折りたたむ必要があるのでしょうか？
- 理論的能力と実践的能力の違いは何ですか？
- 同じ DNA がどのようにして異なる細胞を駆動できるのでしょうか？

La tua risposta

Descrivi il percorso dell'informazione dal DNA piegato alla produzione di RNA.

La risposta resta salvata solo su questo dispositivo.

La meraviglia del DNA - livello B2

科学用語と説明

Il DNA umano è un capolavoro non solo per la quantità di informazione che custodisce, ma per il compromesso tra compattazione e accessibilità. In una cellula diploide, la lunghezza totale del DNA nucleare è di circa due metri. Eppure esso deve funzionare in un nucleo il cui diametro è generalmente compreso nell'ordine di pochi micrometri.

La compattazione comincia con i nucleosomi: circa 147 coppie di basi compiono quasi due giri attorno a un ottamero di istoni. Questi “rocchetti” molecolari non sono semplici imballaggi. La loro posizione e le modificazioni chimiche degli istoni influenzano la possibilità di raggiungere una sequenza. I nucleosomi partecipano quindi alla regolazione, oltre che alla compattazione.

A scale maggiori, la cromatina forma anse e domini tridimensionali. Proteine come le coesine contribuiscono a estrarre anelli, mentre fattori architetturici aiutano a stabilirne i confini. L'organizzazione non è rigida: cambia

quando una cellula si differenzia, risponde a un segnale, ripara un danno o si prepara alla divisione.

La metafora della pallina da tennis richiede una precisazione. Scalando un nucleo di 5-10 micrometri fino a circa 6,7 centimetri, due metri di DNA diventerebbero un filo di circa 13-27 chilometri. Con nuclei più piccoli si possono ottenere valori più alti. “Quaranta chilometri” non è impossibile come immagine estrema, ma “decine di chilometri” è una formulazione più robusta.

Il genoma aploide umano completo misura poco più di tre miliardi di coppie di basi. Se si assegna a ogni base una delle quattro combinazioni di due bit, la capacità grezza è circa 6,1 miliardi di bit, ossia 760 milioni di byte. Il genoma diploide porta il totale a circa 1,5 gigabyte. Sono confronti matematici, non misure del “contenuto di una persona”: ignorano il contesto cellulare, la struttura tridimensionale, l'epigenetica e la complessa relazione tra sequenza e funzione.

La densità massima ideale si può stimare dalla massa molecolare delle coppie di basi. Il risultato è circa $2,3 \times 10^{20}$ byte per grammo: 230 exabyte, equivalenti a circa 228 miliardi di gigabyte. Le tecnologie reali devono sacrificare parte di questa capacità per aggiungere indici, ridondanza e codici di correzione. Nel 2017 DNA Fountain ha dimostrato un recupero corretto a 215 petabyte per grammo, circa un millesimo del limite ideale ma ancora immensamente superiore ai supporti convenzionali.

Il DNA biologico non è stato progettato come un disco rigido. Le sue sequenze hanno vincoli chimici e funzionali; contengono ripetizioni, elementi mobili e tracce dell'evoluzione. Circa ventimila geni codificano proteine, mentre gran parte del genoma non le codifica. “Non codificante”, tuttavia, non significa automaticamente “inutile”: vi si trovano sequenze regolatrici, geni per RNA, centromeri, telomeri e regioni con funzioni strutturali. Altre porzioni possono non avere una funzione selezionata.

Ogni individuo nasce dall'unione di due genomi aploidi. Nella meiosi, cromosomi omologhi materni e paterni si appaiano e possono scambiarsi segmenti mediante ricombinazione. Ogni gamete riceve così una combinazione irripetibile di 23 cromosomi. Dopo la fecondazione, le cellule del nuovo organismo possiedono normalmente due alleli per ogni gene autosomico, uno di origine materna e uno paterna.

La formula ha eccezioni: il DNA mitocondriale è ereditato quasi sempre per via materna; X e Y non portano le stesse serie di geni; alcuni geni sono soggetti a imprinting, per cui l'attività dipende dal genitore di origine. Inoltre, mutazioni somatiche e particolari riarrangiamenti nelle cellule immunitarie possono creare piccole differenze tra cellule dello stesso corpo.

La replicazione è semiconservativa: ciascuna nuova doppia elica conserva un filamento vecchio e ne contiene uno appena sintetizzato. L'elicasi separa i filamenti; le primasi preparano brevi inneschi; le DNA polimerasi estendono le nuove catene solo in una direzione. Per questo il filamento guida viene sintetizzato in modo continuo, mentre quello ritardato nasce come una serie di frammenti di Okazaki, successivamente saldati dalla ligasi.

La precisione deriva da controlli consecutivi. La geometria del sito attivo della polimerasi favorisce la base corretta; l'attività esonucleasica elimina molti inserimenti sbagliati; il mismatch repair controlla il DNA dopo il passaggio della forcella. Altri sistemi riparano basi danneggiate, rotture e lesioni provocate da radiazioni o reazioni chimiche. La correzione deve essere straordinariamente efficace, ma non assoluta: senza una minima variazione ereditaria non esisterebbe evoluzione.

Anche la lettura del DNA richiede un'apertura controllata. Fattori di trascrizione riconoscono sequenze specifiche; complessi di rimodellamento consumano energia per far scorrere o rimuovere nucleosomi; modificazioni degli istoni rendono alcune regioni più favorevoli all'accesso. Enhancer lontani possono essere avvicinati ai promotori grazie al ripiegamento tridimensionale. Infine, la RNA polimerasi apre una piccola bolla nella doppia elica e trascrive uno dei filamenti.

Il paradosso apparente si risolve così: il DNA è compatto ma non sigillato, stabile ma non immobile, uguale in quasi tutte le cellule ma interpretato in maniera diversa. La sua meraviglia risiede tanto nella sequenza quanto nella capacità della cellula di organizzare e interrogare quella sequenza nel tempo e nello spazio.

役に立つ言葉

compattazione = 圧縮 accessibilità = アクセシビリティ ottamero = 八量体 ansa = 曲げる coesina = コヒーシン
ridondanza = 冗長性 ricombinazione = 組み換え imprinting = 刷り込み semiconservativo = 半保守的
esonucleasi = エキソヌクレアーゼ

理解する

- なぜヌクレオソームは調節因子でもあるのでしょうか？
- レプリケーションを忠実にを行うための制御は何ですか？
- DNAはどのような意味で安定的でありながら動的なのでしょうか？

La tua risposta

Il DNA è più simile a un archivio, a un programma o a una biblioteca? Sostieni il tuo confronto con due elementi del testo.

La risposta resta salvata solo su questo dispositivo.

La meraviglia del DNA - livello C1

高度な科学の普及

Descrivere il DNA come “codice della vita” è efficace, ma incompleto. La sequenza nucleotidica costituisce certamente un archivio ereditabile; tuttavia, quell'archivio acquista significato soltanto dentro una cellula capace di ripiegare, conservarlo, copiarlo, ripararlo e consultarlo selettivamente. La vera meraviglia non è dunque una stringa di lettere isolata, bensì il sistema dinamico formato da DNA, proteine, RNA e architettura nucleare.

Un genoma umano aploide completo comprende poco più di tre miliardi di coppie di basi. Moltiplicando questa quantità per l'avanzamento assiale della doppia elica, circa 0,34 nanometri per coppia di basi, si ottiene una lunghezza prossima al metro. Una cellula diploide contiene due serie cromosomiche e raggiunge quindi all'incirca due metri di DNA nucleare, distribuiti in 46 cromosomi.

Il confronto con una pallina da tennis, spesso presentato con un filo di 40 chilometri, dipende dalle dimensioni scelte. Se un nucleo di 5-10 micrometri viene ingrandito fino ai 6,7 centimetri della pallina, due metri diventano circa 13-27 chilometri. Un nucleo di 3,4 micrometri produrrebbe invece la cifra di 40 chilometri. Non si tratta quindi di una falsità assoluta, ma di un'analogia che dovrebbe dichiarare le proprie ipotesi. La conclusione solida è che il filo, alla scala della pallina, misurerebbe decine di chilometri.

La compattazione comincia quando 145-147 coppie di basi si avvolgono per quasi due giri attorno a un ottamero istonico. I nucleosomi accorciano il DNA e ne modulano l'accessibilità. La cromatina non procede però attraverso una singola gerarchia rigida di fibre sempre uguali. Le osservazioni moderne descrivono un polimero irregolare, organizzato in domini, contatti e anse che cambiano con il tipo cellulare e lo stato funzionale.

Questa architettura risolve un problema logistico fondamentale. Il nucleo deve proteggere il genoma senza sottrarlo agli enzimi. Le regioni più compatte tendono a essere meno accessibili; quelle attive ospitano nucleosomi riposizionati, varianti istoniche e modificazioni chimiche associate alla trascrizione. Le coesine possono far crescere anse di cromatina, mentre proteine di confine limitano determinati contatti. Di conseguenza, sequenze lontane lungo il cromosoma possono incontrarsi nello spazio tridimensionale.

La metafora informatica consente altri confronti sorprendenti. Con quattro basi possibili, ogni posizione può codificare idealmente $\log_2 4 = 2$ bit. I circa 3,05 miliardi di simboli di un genoma aploide equivalgono dunque a circa 6,1 miliardi di bit, cioè 760 megabyte in notazione decimale. Le due copie nucleari di una cellula diploide portano la sequenza grezza a circa 1,5 gigabyte.

Tale equivalenza va maneggiata con cautela. Un file genomico può essere compresso perché contiene molte ripetizioni e perché gli esseri umani condividono gran parte della sequenza. Ma la “quantità di informazione biologica” non coincide con la dimensione del file: una mutazione può avere effetti diversi in contesti diversi; un enhancer può agire a distanza; lo stesso gene può generare più RNA; l'attività dipende dalla storia e dallo stato della cellula. Né è corretto identificare automaticamente il DNA non codificante con spazzatura: solo una frazione ridotta codifica proteine, mentre numerose regioni non codificanti hanno funzioni regolatrici, strutturali o trascrizionali. Altre possono essere neutrali o residui evolutivi.

La capacità gravimetrica ideale del DNA è ancora più vertiginosa. Assumendo circa 660 grammi per mole di coppie di basi e due bit per coppia, un grammo può rappresentare approssimativamente $2,3 \times 10^{20}$ byte: circa 230 exabyte, ossia 228 miliardi di gigabyte. Si tratta di un limite teorico. Un archivio pratico deve evitare sequenze problematiche, identificare i frammenti, tollerare molecole mancanti e correggere errori di sintesi o lettura.

Per questo il risultato sperimentale di DNA Fountain - 215 petabyte, cioè 215 milioni di gigabyte per grammo - è inferiore di circa tre ordini di grandezza al limite ideale, pur rimanendo eccezionale. L'archiviazione sintetica sfrutta lo stesso alfabeto della biologia, ma non replica l'intero funzionamento del genoma: converte bit in oligonucleotidi, conserva le molecole e recupera i dati mediante sequenziamento e codici di correzione.

L'eredità introduce un'altra forma di compressione creativa. Durante la meiosi, i cromosomi omologhi di origine materna e paterna si appaiano. Il crossing-over scambia segmenti corrispondenti e l'assortimento indipendente distribuisce i cromosomi nei gameti. Ovulo e spermatozoo portano ciascuno 23 cromosomi; la fecondazione ricostituisce il corredo diploide. Per la maggior parte dei loci autosomici, ogni cellula nucleata eredita quindi un allele dalla madre e uno dal padre, ma le combinazioni sono mosaici delle generazioni precedenti.

La regola richiede diverse note a margine. Il genoma mitocondriale è trasmesso quasi esclusivamente dalla madre. Nei maschi, il cromosoma X proviene dalla madre e il cromosoma Y dal padre. L'imprinting genomico fa sì che alcuni alleli vengano espressi diversamente a seconda dell'origine parentale. I globuli rossi maturi non conservano il nucleo; i gameti sono aploidi; i linfociti riorganizzano specifiche regioni per produrre una grande varietà di anticorpi; mutazioni somatiche creano nel tempo un mosaico di genomi leggermente differenti.

La duplicazione del DNA, definita semiconservativa, conserva in ogni molecola figlia un filamento parentale. L'elicasi apre la doppia elica e genera una forcilla di replicazione. Poiché le DNA polimerasi sintetizzano soltanto in direzione 5'→3', il filamento guida viene copiato in modo continuo, mentre il filamento ritardato viene assemblato in frammenti di Okazaki. Primer, polimerasi, nucleasi e ligasi coordinano una catena di operazioni che deve procedere su miliardi di basi.

La correzione degli errori è stratificata. La selettività chimica e geometrica della polimerasi costituisce il primo filtro; il proofreading esonucleasico rimuove molti nucleotidi appena inseriti in modo errato; il mismatch repair riconosce successivamente distorsioni sfuggite al controllo. Vie distinte affrontano basi ossidate, addotti voluminosi, rotture a singolo o doppio filamento. Nel complesso, la frequenza finale di errore della replicazione è spesso stimata nell'ordine di una base ogni miliardo o dieci miliardi copiate, benché il valore vari con enzima, sequenza e tipo di cellula.

Un controllo assoluto sarebbe, paradossalmente, incompatibile con la storia della vita. La stabilità permette l'eredità; la rara mutazione introduce variazione. Se avviene nelle cellule germinali, una mutazione può passare alla generazione successiva; se avviene in una cellula somatica, resta nel corpo e può essere innocua, utile a una particolare funzione immunitaria oppure contribuire a una malattia.

Per leggere un gene, la cellula deve trasformare localmente la geometria della cromatina. Fattori di trascrizione riconoscono motivi di sequenza e reclutano cofattori; complessi ATP-dipendenti fanno scorrere, espellono o ristrutturano nucleosomi; acetilazioni e altre modificazioni alterano le interazioni; enhancer e promotori possono essere avvicinati da anse. La RNA polimerasi forma infine una bolla di trascrizione di dimensioni limitate e produce un RNA complementare al filamento stampo. L'intero cromosoma non viene srotolato: si apre una finestra molecolare nel punto e nel momento opportuni.

La selettività della lettura spiega perché un neurone e un epatocita, pur condividendo quasi lo stesso genoma, possiedano morfologia e metabolismo radicalmente diversi. Ogni tipo cellulare mantiene un repertorio di regioni accessibili e reti regolatrici. La differenza fondamentale non sta soltanto nei geni posseduti, ma nei geni utilizzati, nella quantità di RNA prodotto e nella cronologia dell'attivazione.

Il DNA appare dunque come una materia piena di tensioni feconde: chilometrico alla scala del nucleo eppure ordinato; densissimo eppure interrogabile; copiato con fedeltà estrema eppure capace di evolvere; quasi identico tra le cellule eppure interpretabile in centinaia di modi. La meraviglia non consiste nell'assenza di errori o nella perfezione statica, ma in un equilibrio attivo tra conservazione, accesso, riparazione e cambiamento.

役に立つ言葉

assiale = 軸方向の ottamero istonico = ヒストン八量体 accessibilità = アクセシビリティ enhancer = エンハンサー capacità gravimetrica = 重量容量 oligonucleotide = オリゴヌクレオチド crossing-over = 渡る proofreading = 校正 addotto = 付け加えた filamento stampo = モールドフィラメント

理解と反省

- コードとライブラリのメタファーにはどのような制限がありますか？
- なぜ圧縮とアクセシビリティは相反する目標ではないのでしょうか？
- 絶対的でない矯正は生命にどのような利益をもたらしますか？

La tua risposta

Argomenta questa tesi: “La meraviglia del DNA non è la perfezione, ma l'equilibrio dinamico tra stabilità e cambiamento”.

La risposta resta salvata solo su questo dispositivo.

Riferimenti scientifici

Le cifre sono arrotondate e spiegate nel testo. I riferimenti seguenti sono articoli pubblicati in riviste scientifiche; il collegamento proposto nel prompt è stato usato solo come spunto e non compare tra le fonti.

- Nurk S. et al., “The complete sequence of a human genome”, Science 376, 44-53 (2022). doi:10.1126/science.abj6987 .
- Luger K. et al., “Crystal structure of the nucleosome core particle at 2.8 Å resolution”, Nature 389, 251-260 (1997). doi:10.1038/38444 .
- Bonev B. e Cavalli G., “Organization and function of the 3D genome”, Nature Reviews Genetics 17, 661-678 (2016). doi:10.1038/nrg.2016.112 .
- Kunkel T. A. e Erie D. A., “Eukaryotic mismatch repair in relation to DNA replication”, Annual Review of Genetics 49, 291-313 (2015). doi:10.1146/annurev-genet-112414-054722 .
- Erlich Y. e Zielinski D., “DNA Fountain enables a robust and efficient storage architecture”, Nature Biotechnology 35, 242-248 (2017). doi:10.1038/nbt.3820 .
- International Human Genome Sequencing Consortium, “Initial sequencing and analysis of the human genome”, Nature 409, 860-921 (2001). doi:10.1038/35057062 .



Italiano con Martin

italianoconmartin.com