

SCOPERTA DEL CODICE GENETICO

Inizialmente gli scienziati pensarono che fosse l'intera molecola di DNA a fungere da stampo per la formazione di ciascuna proteina, ma nessun tentativo di dimostrare tale ipotesi ebbe esito positivo. Si ipotizzò, allora, che la chiave di lettura potesse essere rappresentata da una corrispondenza tra la sequenza di basi azotate dell'acido e la sequenza di amminoacidi della proteina, e si cercò di capire come fosse possibile passare dalle 4 basi del DNA ai 20 amminoacidi diversi.

Negli anni '60 del XX secolo si riuscì a individuare il codice che permette di realizzare la corrispondenza tra questi due sistemi diversi.

Dato che esistono nelle proteine presenti in natura 20 tipi di amminoacidi, sono necessari almeno 20 messaggi diversi, uno per ogni amminoacido. Avendo a disposizione solo 4 nucleotidi, l'unica soluzione possibile consiste nel fare corrispondere

a una combinazione di nucleotidi un singolo amminoacido.

Poiché le combinazioni a coppie sono insufficienti ($4^2 = 16$), è necessario ricorrere a triplette di 3 basi azotate ($4^3 = 64$). Tale combinazione è sovrabbondante, ma spesso un amminoacido può essere codificato **da più di una sequenza di basi azotate**; inoltre, alcune triplette servono per trasmettere ulteriori informazioni alla cellula, come, per esempio, quando iniziare o smettere di fabbricare una determinata molecola proteica.

Questa ipotesi fu definitivamente confermata da successive ricerche che dimostrarono senza ombra di dubbio che l'informazione genetica è davvero contenuta nel DNA e che è possibile individuare ogni amminoacido mediante una **tripletta**, detta **codon** o **codone**, di basi azotate.

