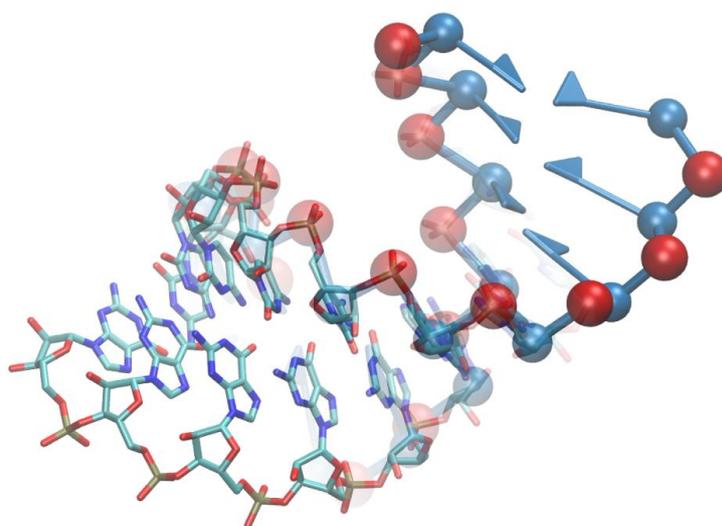




COMUNICATO STAMPA

Alla scoperta della struttura dell'RNA



Un nuovo studio ha messo a punto un innovativo modello di simulazione capace di predire con grande efficienza la conformazione delle molecole di acido ribonucleico. Aprendo delle interessanti possibilità in campo applicativo e di ricerca

4 gennaio 2018

Nella famiglia degli acidi nucleici è il parente meno noto, soppiantato nella popolarità del cugino DNA. Eppure l'RNA, o acido ribonucleico, ha un ruolo fondamentale in moltissimi processi biologici: non solo come molecola messaggero il cui compito è quello di trasmettere le informazioni genetiche dal nucleo al citoplasma per la produzione delle proteine, ma anche come protagonista di importantissimi meccanismi cellulari. In molti di questi, a giocare un ruolo cruciale è la sua struttura,



diversa e caratteristica per ogni RNA a seconda della sequenza di specifiche unità, i nucleotidi, che lo compongono come gli anelli di una catena. Un'equipe di ricerca della SISSA guidata dal professor Giovanni Bussi è riuscita a metter a punto un modello di simulazione al computer che, con grande efficacia, può predire la conformazione tridimensionale del filamento di RNA a partire dalla sola sequenza di nucleotidi. Lo studio, appena pubblicato sulla rivista *Nucleic Acids Research*, ha come primo autore il ricercatore della SISSA Simón Poblete e promette di avere un significativo impatto in ambito applicativo e nella ricerca di base.

«La struttura dell'RNA è un fattore determinante per molte delle sue funzioni» spiega Giovanni Bussi. «La determinazione sperimentale delle strutture di RNA può richiedere anni, motivo per cui c'è molto interesse nello sviluppo di metodi per predirne la struttura. Nonostante ciò, i modelli predittivi fino a oggi si sono concentrati soprattutto sullo studio delle parti di RNA che formano doppie eliche. Il filamento di RNA può assumere però particolari conformazioni, dette "non canoniche", molto diverse da quelle previste dal modello della doppia elica di Watson-Crick per il DNA».

I modelli di simulazione oggi esistenti, racconta Bussi, «funzionano tutti molto bene: a partire da una sequenza sono in grado di prevedere una varietà di possibili strutture. Il problema è che non sanno dire quale, fra le tante, sia quella giusta. Il nostro modello, che utilizza una rappresentazione semplificata dell'RNA ed è stato concepito esplicitamente per predire correttamente le interazioni non canoniche, in questo senso, si è dimostrato molto efficiente». Per testarne la qualità, i ricercatori lo hanno utilizzato per predire la struttura di molecole di RNA la cui conformazione tridimensionale è già nota, partendo dalla sola sequenza. «Paragonando le nostre predizioni con strutture già conosciute, abbiamo capito che il nostro approccio funziona davvero» conferma Giovanni Bussi.

Questo studio potrà avere un importante impatto nel campo della ricerca di base, per contribuire a far luce sul legame tra struttura e funzione di queste molecole, ma



anche in ambiti applicativi, soprattutto nel settore medico e terapeutico. Aggiunge Bussi: «Per i risvolti applicativi, l'RNA è particolarmente interessante perché, una volta identificato quello giusto, si possono ottenere con poco sforzo quante molecole si vogliono, identiche alla prima, con un processo rapido e poco costoso. Così, per esempio, se riuscissimo a trovare la molecola di RNA che, grazie alla sua struttura specifica, fosse in grado di innescare precisi processi nell'organismo con importanti effetti terapeutici, si potrebbero aprire prospettive davvero inedite».

L'articolo pubblicato su *Nucleic Acids Research*: goo.gl/jZcnmC

Immagine: Simón Poblete

Contatti stampa:

Nico Pitrelli

pitrelli@sissa.it

Tel. +39 0403787462/Cell. +39 3391337950

Donato Ramani

ramani@sissa.it

Tel. +39 0403787513/Cell. +39 3428022237



<https://www.facebook.com/sissa.school/>



[@Sissaschool](https://twitter.com/Sissaschool)

Visita il sito della SISSA: www.sissa.it