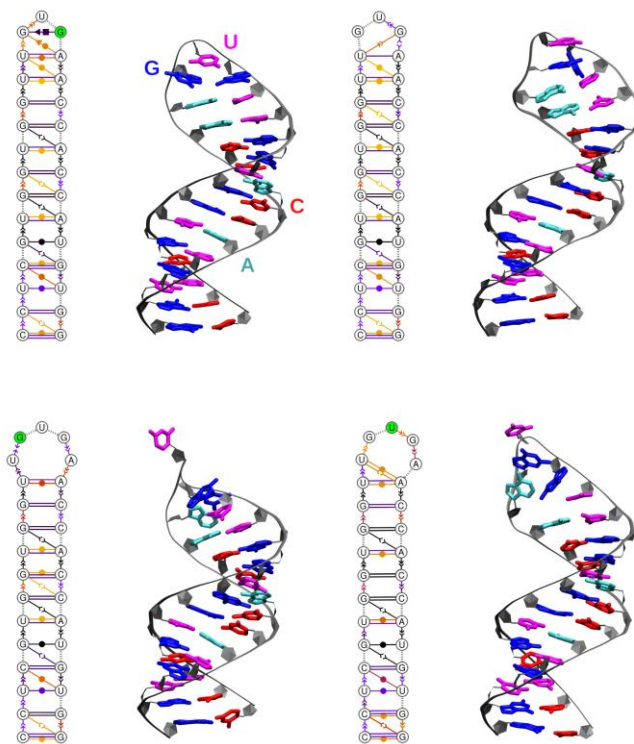


## COMUNICATO STAMPA

### Un nuovo approccio per svelare le molteplici strutture dell'RNA

Dalla combinazione di dati sperimentali e simulazioni al computer una tecnica innovativa in grado di caratterizzare le diverse configurazioni di una molecola di RNA. Il lavoro, pubblicato su *Nucleic Acids Research*, apre nuove strade per lo studio di sistemi molecolari dinamici.



Trieste, 22 gennaio 2020

Una struttura altamente flessibile e dinamica è la chiave della straordinaria funzionalità dell'acido ribonucleico, meglio noto come RNA. Eppure la caratterizzazione sperimentale delle sue diverse configurazioni è piuttosto complessa. Uno studio condotto dalla SISSA e pubblicato su *Nucleic Acids Research* combina dati sperimentali e simulazioni di dinamica molecolare per ricostruire le diverse strutture di uno stesso frammento di RNA, dominanti e minoritarie, fornendo così un metodo innovativo per lo studio di sistemi molecolari altamente dinamici.

«L'RNA gioca un ruolo centrale nel processo della sintesi proteica, così come nella sua regolazione. Questo anche grazie a una struttura che non è statica ma varia dinamicamente da uno stato all'altro» spiega Giovanni Bussi, fisico della Scuola Internazionale Superiore di Studi Avanzati (SISSA) e responsabile dello studio. «Si parla di un "insieme" di configurazioni, con una struttura dominante, ossia mantenuta dalla molecola per la maggior parte del tempo, e alcune strutture "a bassa popolazione", ossia più rare, ma ugualmente importanti per il suo funzionamento e la possibile interazione con altre molecole».

Tecniche sperimentali come la risonanza magnetica nucleare (NMR), permettono in teoria di sondare questi insiemi di configurazioni. Però, per ottenere poi la struttura della molecola, si fa spesso l'assunzione che esista un'unica conformazione rilevante. A meno di utilizzare approcci sperimentali particolarmente sofisticati, esse forniscono quindi la struttura "media", in pratica una sorta di media matematica dei molteplici stati presenti, che, in sistemi dinamici, in realtà non esiste.

Giovanni Bussi e Sabine Reißer, in collaborazione con il gruppo del neurobiologo Stefano Gustincich all'Istituto Italiano di Tecnologia (IIT), hanno sviluppato un nuovo metodo per identificare le diverse configurazioni di una molecola di RNA: «Abbiamo studiato un frammento di RNA con una caratteristica struttura a forcina e un importante ruolo nella regolazione della sintesi proteica, precedentemente identificato nel laboratorio di Gustincich. **Combinando i dati NMR con simulazioni di dinamica molecolare, abbiamo ricostruito diversi stati della molecola, inclusi quelli a bassa popolazione, e individuato quelli che fossero in grado di riprodurre la struttura "media" determinata empiricamente**».

Gli studiosi hanno quindi consultato il *Protein Data Bank*, un database di strutture molecolari acquisite sperimentalmente: «Abbiamo ritrovato alcune delle configurazioni a bassa popolazione identificate tramite le simulazioni all'interno di altre molecole di RNA, in particolare dei ribosomi, le macchine molecolari incaricate della sintesi proteica. **Questo conferma l'esistenza di queste molteplici strutture in natura e ne suggerisce un possibile ruolo a livello ribosomiale**» conclude Bussi. «**Abbiamo dimostrato così la validità di questo approccio innovativo che apre nuove strade per lo studio di strutture molecolari in sistemi altamente dinamici in cui coesistono stati con diverse popolazioni**».

---

**LINK UTILI**

Articolo completo:

<https://bit.ly/2T64hVV>

**IMMAGINE**

**Dinamica conformazionale di una  
forcina di RNA non codificante**

Crediti: Sabine Reißer

**SISSA**

Scuola Internazionale  
Superiore di Studi Avanzati  
Via Bonomea 265, Trieste

**W** [www.sissa.it](http://www.sissa.it)

**Facebook, Twitter**  
[@SISSAschool](https://www.facebook.com/SISSAschool)

**CONTATTI**

Chiara Saviane

→ [saviane@sissa.it](mailto:saviane@sissa.it)

**T** +39 040 3787230

**M** +39 333 7675962

Alessandro Tavecchio

→ [atavecch@sissa.it](mailto:atavecch@sissa.it)

**M** +39 334 1468174