Ufficio Stampa della Provincia autonoma di Trento
Piazza Dante 15, 38122 Trento
Tel. 0461 494614 - Fax 0461 494615
uff.stampa@provincia.tn.it

COMUNICATO n. 2643 del 23/10/2015

L'innovativo metodo di calcolo per spiegare il funzionamento delle cellule sviluppato da Fondazione Mach e COSBI

SIMULARE L'INTERAZIONE TRA PROTEINE: ORA SI PUÒ

Le proteine sono molecole essenziali per la vita dell'essere umano. Gli studiosi della Fondazione Mach e di COSBI sono riusciti a sviluppare un metodo per calcolare quali e quanti complessi proteici si trovano all'interno di ogni singola cellula. Questo nuovo metodo informatico, in futuro, potrà essere applicato anche per studiare l'insorgere e lo sviluppo delle patologie, così da attaccarle in maniera specifica. La ricerca è stata appena pubblicata sulla prestigiosa rivista PLOS Computational Biology.-

Interagendo tra loro, le proteine svolgono la maggior parte delle funzioni di una cellula. Per capire il funzionamento di molti processi biologici, comprese le malattie, è quindi fondamentale conoscere il numero e la tipologia dei complessi formati da queste molecole. A causa della dimensione del proteoma, ovvero dell'insieme delle proteine in una cellula, finora non era stato però possibile realizzare una simulazione efficace.
I ricercatori Attila Csikasz-Nagy della Fondazione Mach assieme a Simone Rizzetto e Corrado Priami di COSBI, sono riusciti a mettere a punto un nuovo metodo informatico per identificare i complessi proteici esistenti. Il linguaggio specifico "SiComPre", sviluppato da COSBI e disponibile sul sito web del Centro di ricerca, riesce a simulare dinamicamente e in maniera accurata la formazione di essi all'interno delle cellule umane. Il lavoro dal titolo "Qualitative e quantitative protein complex prediction through proteome-wide simulations" è stato pubblicato sulla rivista PLOS Computational Biology, il cui impact factor è 4,62.
Questo studio, in futuro, potrà essere applicato per cogliere le differenze e i mutamenti tra i vari tipi di cellule. A livello sperimentale, gli studiosi sono riusciti a ricostruire i cambiamenti tra cellule trattate con medicinali anti-tumorali e cellule non trattate. Conoscere le differenze, a livello di proteoma, tra un organismo sano e uno malato è un passo importante per identificare l'insorgere di patologie e attaccarle in maniera efficace.

http://goo.gl/VmI5oO -

(ac)