



Un gene, tanti tessuti



La SISSA partecipa a un studio internazionale sull'espressione del genoma

27 marzo 2014

Una mappa di come i geni variano nei tessuti biologici: un lavoro enorme che ha richiesto la collaborazione di decine di laboratori in tutto il mondo, fra i quali anche il Laboratorio di Neurogenomica della Scuola Internazionale Superiore di Studi Avanzati (SISSA) di Trieste. Questo è il risultato appena pubblicato dal consorzio FANTOM sulla rivista Nature (e che porta la firma di più di duecento autori). Si tratta solo del primo di una serie di lavori più specifici che si focalizzeranno sul funzionamento dei singoli geni in ciascun tessuto.

I geni sono il "codice" per costruire gli elementi biologici di cui è fatto un organismo. Il DNA che li compone contiene le istruzioni per sintetizzare le proteine, ma è sbagliato pensare che queste istruzioni, per un dato gene, siano sempre le stesse in ogni parte dell'organismo. In realtà il gene varia a seconda del tessuto in cui si trova (corteccia cerebrale, cervelletto, epitelio olfattivo, ecc), in particolare varia il punto nella "stringa" di codice dove inizia la sintesi. Questa complessità complica notevolmente il lavoro degli scienziati, ma progetti come FANTOM vengono loro in aiuto. FANTOM è infatti un consorzio internazionale che raggruppa diverse decine di laboratori in tutto il mondo che ha appena pubblicato un lavoro che disegna una mappa esaustiva di queste



specificità. Alla ricerca ha partecipato anche il laboratorio di Neurogenomica della SISSA, coordinato da Stefano Gustincich.

“FANTOM esiste da circa quattordici anni e quest’ultimo è il risultato della quinta fase del progetto,” spiega Stefano Gustincich. “Ognuno dei laboratori che partecipa ha inviato diversi campioni biologici che sono stati esaminati tutti con la stessa metodologia”.

Si tratta della tecnologia CAGE, che a differenza di metodi più tradizionali analizza solo i primi nucleotidi degli RNA messaggeri. L’RNA messaggero è un pezzetto di materiale genetico che il DNA usa per sintetizzare le proteine, una sorta di copia carbone di una parte dell’informazione contenuta nel gene. I nucleotidi sono le piccole perle che formano la “collana” del DNA e dell’RNA. “Analizzare i primi nucleotidi ci permette di individuare la sequenza che nel gene dà inizio alla trascrizione. Questa sequenza infatti per uno stesso gene è diversa a seconda del tessuto in cui si trova. In questo modo sappiamo dove il gene inizia a fare il suo lavoro” continua Gustincich. “Trovare l’inizio della porzione attiva ci permette anche di individuare il ‘promotore’, cioè la sequenza di DNA che precede il gene vero e proprio”. Il promotore varia in ogni tessuto, ed è la parte che regola la porzione “attiva” del gene. Il progetto FANTOM ha compilato una lista di tutti i promotori nel genoma umano e in quello di topo.

“È un lavoro enorme e i risultati descritti in questo primo articolo scientifico sono solo quelli di carattere generale”, continua Gustincich. “Presto però inizieranno a uscire i lavori dei vari laboratori che vanno nel dettaglio dei singoli tessuti e geni analizzati”. Nel caso del laboratorio di Neurobiologia della SISSA ci si è focalizzati sui geni dei recettori per l’olfatto che sorprendentemente sono presenti anche nelle cellule che sintetizzano la dopamina e muoiono nel Parkinson.

LINK UTILI:

- Sito del Laboratorio di Neurogenomica della SISSA: <http://lng.sissa.it/>

IMMAGINE:

- Il Laboratorio di Neurogenomica della SISSA (*crediti: SISSA*)

Contatti:

Ufficio comunicazione:

pressroom@sisssa.it

Tel: (+39) 040 3787557 | (+39) 340-5473118, (+39) 333-5275592

via Bonomea, 265

34136 Trieste

Maggiori informazioni sulla SISSA: www.sissa.it