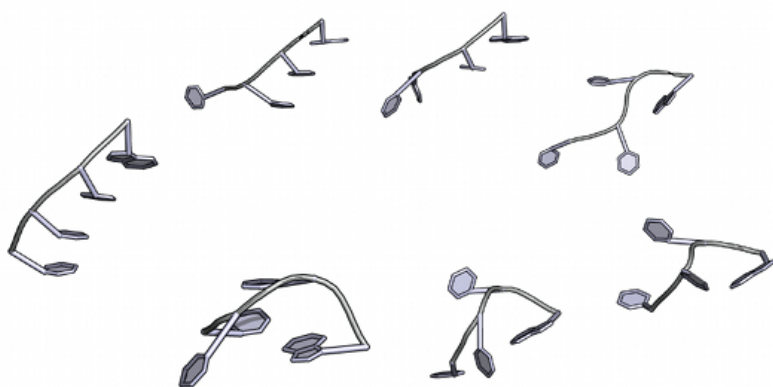




*Con una tecnica originale, basata su dati sperimentali, gli scienziati della SISSA hanno creato brevi film di animazione che riproducono la transizione di piccoli frammenti di RNA da una conformazione all’altra. Il risultato è stato pubblicato sulla rivista “Nucleic Acids Research”*



RNA in stop-motion - Formazione dei tetraloop (credits: SISSA)

Trieste, 18 aprile 2016 – Siete un animatore (di quelli che fanno i cartoni animati, non quelli dei villaggi turistici) che lavora in stop-motion. Questa tecnica consiste nel mettere pazientemente in fila tantissime fotografie di un soggetto mentre questo cambia leggermente posizione in ogni immagine, in modo da creare una sequenza coerente e continua di fotogrammi. Per chi lo conosce, Pingu, il pinguino birichino e intraprendente, è un esempio di stop-motion. In questo caso specifico però non avete a disposizione dei pupazzetti di plastilina, ma un enorme database di immagini generiche, sullo stile di Flickr. Dovete creare l’animazione di un semplice sorriso, dal momento in cui la bocca è in posizione neutra a quando l’espressione raggiunge il suo massimo. Dal database estraete tutte le possibili immagini che contengano un viso umano e da queste isolate la bocca.

Il fatto che ogni fotogramma appartenga al ritratto di una persona diversa renderà ancora più creativa la vostra animazione. Non vi resta che mettere le foto in ordine per creare la sequenza giusta, un lavoro tanto più lungo e certosino quanti più fotogrammi volete nella vostra animazione. E se esistesse un programma in grado di ordinarli automaticamente per “somiglianza”? C’è chi questo lavoro lo ha fatto davvero, anche se invece di un sorriso e Flickr ha usato l’RNA e un enorme database internazionale di immagini cristallografiche, il Protein Data Bank (PDB).

Giovanni Bussi, professore della SISSA – Scuola Internazionale Superiore di Studi Avanzati di Trieste, e colleghi studiano la dinamica molecolare dell’RNA, e cioè il modo in cui questa molecola assume diverse forme nello spazio tridimensionale. L’RNA è una molecola formata da una lunga catena di

nucleotidi (in realtà, come per il DNA si trova spesso nella forma di una doppia elica di filamenti appaiati), importantissima in molti processi cellulari, specie nella trascrizione genica, ma non solo.

L’RNA si trova in tantissime conformazioni, con dimensioni e funzioni variabili. Alcune strutture tipiche e ricorrenti hanno particolare importanza, e per questo gli scienziati le studiano, cercando anche di capire come si passa da una forma a un’altra. Una struttura importante sono i tetraloop, dei pezzetti di RNA formati da 4 nucleotidi ripiegati in una sorta di asola. Bussi, che ha coordinato il lavoro del primo autore, Sandro Bottaro, ricercatore SISSA, e di Alejandro Gil-Ley, studente della SISSA, hanno deciso di adottare una tecnica davvero ingegnosa, basata su una sorta di stop-motion molecolare.

“Solitamente lavoriamo con le simulazioni al computer, ma in questo caso siamo partiti dai dati sperimentali, per avere un’immagine reale della molecola – spiega Bussi – Abbiamo perciò rovistato nel PDB, che contiene le immagini cristallografiche di un grandissimo numero di proteine. Un’immagine cristallografica è una sorta di fotografia in 3D della proteina”. All’interno di questo immenso database Bussi e colleghi sono andati a cercare le immagini dell’RNA e in particolare quelle di alcune sequenze specifiche, formate da solo 4 nucleotidi.

“In generale le ‘fotografie’ ritraggono una proteina molto più grande” (un po’ come nel caso del sorriso, che in genere è parte di un ritratto più ampio), spiega Bottaro. “Una volta isolate tutte le nostre fotografie restava però il problema di metterle in ordine”. Bussi e colleghi però hanno un asso nella manica “Qualche tempo fa abbiamo messo a punto un software in grado di fornire la stima della somiglianza fra una conformazione di RNA e un’altra” puntualizza Bussi. Il risultato di questo lavoro era stato pubblicato un lavoro precedente. “Proprio grazie a questo programma abbiamo potuto ordinare le immagini in sequenze coerenti”.

I ricercatori hanno così ottenuto delle animazioni che mostrano la transizione dei filamenti da una conformazione “distesa” al tetraloop. “La cosa importante è che l’abbiamo fatto con immagini di conformazioni osservate, quindi reali e possibili”, conclude Bussi. La tecnica naturalmente è “orizzontale”, nel senso che può essere applicata a diverse altre strutture dell’RNA, ma anche ad altre proteine e molecole, a patto di avere un database cristallografico consistente.

*fonte: ufficio stampa*