

Dall'espansione dell'informazione genetica una delle ragioni della complessità umana

dell'Ufficio Stampa CNR

Recentemente pubblicato dalla rivista Pnas (Proceedings of the National Academy of Sciences), il lavoro dei ricercatori dell'Istituto di biologia cellulare (Icb) del Cnr sull'espansione dell'informazione genetica aiuta a spiegare una delle maggiori sorprese che si sono avute con la decifrazione della sequenza del Dna umano, ossia la scoperta che il numero totale dei nostri geni è estremamente basso. "Solo 25.000 rispetto ai 100.000 ipotizzati", spiega Gianfranco Di Segni dell'Ibc-Cnr, uno degli autori dello studio, "numero sorprendente soprattutto se si pensa che i geni nella Drosophila, il moscerino della frutta, sono circa 15.000, e quelli dei vermi mediamente 20.000".

Da dove deriva allora la complessità dei mammiferi in generale e dell'uomo in particolare?

"I geni presenti nel Dna dei cromosomi umani", spiega Glauco Tocchini-Valentini, responsabile del gruppo di lavoro, "sono copiati da macchine enzimatiche localizzate nelle cellule, che producono delle molecole di Rna corrispondenti alle sequenze del Dna. Queste copie di Rna subiscono poi alcuni processi di modifica prima di essere utilizzate come istruzioni nella produzione delle sequenze di amminoacidi che compongono le proteine. Tra le modificazioni a cui le molecole di Rna sono sottoposte, la più importante è la rimozione di tratti interni ad esse, chiamati 'introni', e la successiva giunzione delle sequenze esterne agli introni, detti 'esoni'. Tale processo di 'taglia e cuci' (splicing, in inglese) è essenzialmente analogo all'operazione di montaggio di un film, che prevede l'eliminazione di scene e l'unione di tratti differenti di pellicola. Normalmente, i differenti esoni che vengono congiunti nel processo di splicing sono presenti sulla stessa molecola di Rna", continua Tocchini-Valentini, "ma il nostro lavoro dimostra che le cellule sono in grado di congiungere esoni lontani fra di loro e addirittura localiz-

zati su molecole di Rna diverse, come se si unissero spezzoni di pellicole di film differenti. Un'importante implicazione di questo risultato è che la cellula può formare nuove e inaspettate proteine, derivanti dalla fusione di domini di proteine diverse. Il meccanismo di funzionamento può essere paragonato a ciò che accade decomprimendo un file archiviato in un computer: una subroutine, ossia un'unità logica di un programma, contenente una piccola ma fondamentale molecola chiamata tRna (Rna transfer), possiede le istruzioni necessarie a assemblare e fondere assieme parti di due catene di Rna distinte tra loro, ottenendo così nuove sequenze in grado di produrre particolari tipi di proteine, non ricavabili dalle istruzioni iniziali".

"Le informazioni presenti nel Dna vengono quindi espanse durante i diversi meccanismi di espressione genetica e le varie sequenze geniche possono congiungersi con altre sequenze, anche lontane, per produrre nuove molecole funzionali. Il concetto di espansione dell'informazione", conclude Tocchini-Valentini, "è stato già formulato, in passato, dal filosofo tedesco Leibniz ed è uno dei fattori che aiuta a comprendere la ragione della straordinaria complessità umana".

info

**Istituto di Biologia Cellulare, CNR
Monterotondo (Roma)
Glauco Tocchini-Valentini
gtocchini@ibc.cnr.it**

**Capo Ufficio Stampa Cnr
Marco Ferrazzoli
marco.ferrazzoli@cnr.it
☎ 06 49933443**