

 Contenuto archiviato il 2024-06-18



Dissecting the Mechanism of Nucleosome Retention in Mouse Spermatozoa

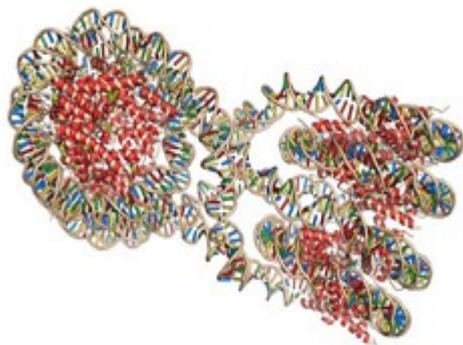
Risultati in breve

Un esame dell'inserimento di nucleosomi nell'ereditarietà epigenetica

I nucleosomi sono tra i più esperti di impacchettamento in biologia, essendo in grado di compattare circa due metri di DNA lineare in un nucleo dal diametro di soli 10 μm . Non solo, essi possono veicolare informazioni epigenetiche ereditarie.



RICERCA DI BASE



© molekuul_be, Shutterstock

I cambiamenti di condizioni ambientali (ad es. la nutrizione, l'esposizione a inquinanti ambientali o la cura parentale durante le prime fasi di vita postnatale) possono influenzare lo sviluppo, la fisiologia e la forma fisica della prole. I meccanismi alla base della trasmissione di tali tratti su una o più generazioni sono ampiamente sconosciuti, ma è stato proposto per la metilazione del DNA, il RNA e i nucleosomi il ruolo di mediatori di tale ereditarietà epigenetica.

Al termine dello sviluppo della cellula germinale maschile, la cromatina viene ampiamente rimodellata; ne deriva un'architettura nucleare molto compatta negli spermatozoi, compatibile con la fecondazione. Durante questo processo, i

nucleosomi sono in gran parte eliminati dallo sperma dei mammiferi (umani compresi) e sostituiti da protamine. Il progetto NUCLEOSOME RETENTION (Dissecting the mechanism of nucleosome retention in mouse spermatozoa), finanziato dall'UE, ha indagato nuovamente su questo lavoro e altre ricerche che contestano l'ubicazione dei nucleosomi che vengono conservati.

Precedenti ricerche svolte da vari gruppi (tra cui l'istituto ospite del progetto NUCLEOSOME RETENTION) hanno dimostrato che una frazione di nucleosomi conservati nei topi e negli esseri umani si trovano di solito in regioni regolatorie geniche del genoma. Un altro gruppo ha riferito dell'ubicazione dei nucleosomi in regioni ripetitive del genoma degli spermatozoi umani e bovini.

Per valutare di nuovo i siti di occupazione dei nucleosomi negli spermatozoi dei mammiferi, i ricercatori del progetto hanno rianalizzato i dati grezzi del DNA associato ai nucleosomi ricavati da sperma umano e bovino. Hanno scoperto che i risultati pubblicati sullo sperma umano e bovino sono confutati a causa dell'impiego di calcoli inadeguati all'analisi.

Il lavoro è stato pubblicato sul giornale a valutazione paritaria *Developmental Cell*, nell'articolo [“Alternative Computational Analysis Shows No Evidence for Nucleosome Enrichment at Repetitive Sequences in Mammalian Spermatozoa”](#) .

I risultati emersi dalla ricerca del progetto NUCLEOSOME RETENTION hanno in parte chiarito il dibattito sulla posizione dei nucleosomi durante lo sviluppo dello sperma nei mammiferi. Le metodologie adottate e sviluppate hanno fornito una solida base di conoscenze nell'analisi di biologia computazionale da applicare in una futura mappatura dei nucleosomi nello sperma murino. Riveste particolare importanza che il lavoro abbia posto le basi per ulteriori studi funzionali nell'ereditarietà epigenetica paterna.

Parole chiave

[Nucleosoma](#)

[eredità epigenetica](#)

[NUCLEOSOME RETENTION](#)

[sperma di mammifero](#)

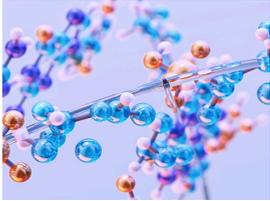
[biologia computazionale](#)

Scopri altri articoli nello stesso settore di applicazione



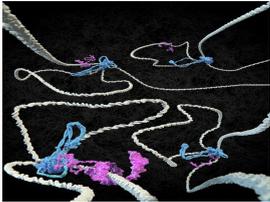
Decifrare il codice delle macchine per il ripiegamento del DNA

28 Maggio 2025



Rivelare il ruolo del conflitto cellulare nelle malattie e nello sviluppo

28 Maggio 2025



Le modalità con cui i motori molecolari conferiscono ai cromosomi la propria struttura

28 Maggio 2025



Biofisica a singola molecola nell'era dell'alta produttività

28 Maggio 2025



Informazioni relative al progetto

NUCLEOSOME RETENTION

Finanziato da

ID dell'accordo di sovvenzione: 628705

Progetto chiuso

Data di avvio

1 Marzo 2015

**Data di
completamento**

16 Giugno 2017

Specific programme "People" implementing the Seventh Framework Programme of the European Community for research, technological development and demonstration activities (2007 to 2013)

Costo totale

€ 207 928,80

Contributo UE

€ 207 928,80

Coordinato da
FRIEDRICH MIESCHER
INSTITUTE FOR BIOMEDICAL
RESEARCH FONDATION

 Switzerland

Ultimo aggiornamento: 14 Dicembre 2017

Permalink: <https://cordis.europa.eu/article/id/211403-review-of-nucleosome-input-into-epigenetic-inheritance/it>

European Union, 2025