

 Contenuto archiviato il 2024-06-18

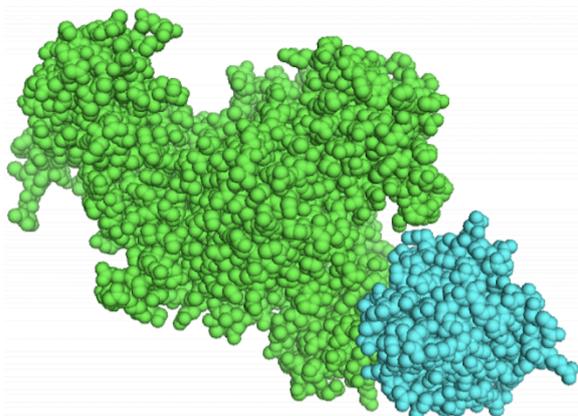


STATISTICAL ANALYSIS OF PROTEIN SEQUENCES TO INFER 3D STRUCTURE AND FUNCTION

Risultati in breve

Riflettori puntati sulla relazione tra sequenza, struttura e funzione delle proteine

Un team di matematici e scienziati si è unito per trovare un senso alle proteine di tutti gli organismi viventi. La loro analisi pionieristica nel progetto europeo EVO-COUPPLINGS potrebbe rendere più facile lo sviluppo di farmaci.



© Lucy Colwell

Dopo l'acqua, le proteine rappresentano le molecole più abbondanti nel nostro corpo, costituendo i muscoli e altri tessuti quali i nostri capelli. Sono una componente essenziale di tutti gli organismi viventi e gli scienziati saranno in grado di comprenderle meglio e sviluppare farmaci, grazie alla nuova analisi computazionale condotta dalla dott.ssa Lucy Colwell, borsista Marie Curie.

Il suo team di matematici, chimici e biochimici dell'Università di Cambridge ha scoperto relazioni tra le sequenze di proteine e le loro strutture 3D e funzioni. «Su questi risultati convergerà la ricerca in futuro. La relazione tra sequenza proteica e struttura e funzione delle proteine è uno dei grandi problemi del nostro tempo», afferma la

dott.ssa Colwell, che ha lavorato al progetto Evo-Couplings.

La scoperta di nuovi farmaci potrebbe essere più facile grazie a EVO-COUPPLINGS poiché il lavoro del team migliora la capacità degli scienziati di prevedere la struttura terziaria e i [partner di interazione](#)  di una proteina.

La ricerca, intrapresa con il supporto del programma Marie Curie, ha adottato un approccio innovativo che è stato inizialmente visto con scetticismo dai colleghi. Ma ora tutto è cambiato. «Sono davvero felice di vedere come sono diventate popolari queste idee», ha detto. «Prima del nostro lavoro era molto più difficile prevedere la struttura e le interazioni delle proteine dalle sole sequenze. Questo approccio sta diventando uno standard nel settore e ha costituito una componente chiave di tutta una serie di recenti importanti progressi».

Craccare la matrice

Nei ricercatori erano compresi matematici che avevano sviluppato metodi che utilizzavano la teoria delle matrici casuali, un approccio probabilistico sviluppato da fisici, per aiutare i chimici e i biochimici ad analizzare i dati delle sequenze proteiche.

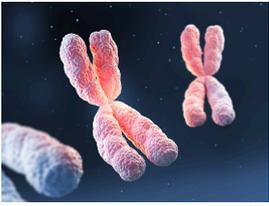
Le tecniche sperimentali degli ultimi anni hanno permesso agli scienziati naturali di raccogliere grandi quantità di dati per la ricerca, ma passare al setaccio quelle informazioni per trovare ciò che è utile può davvero far venire il mal di testa. «Il mio compito è quello di tagliare il rumore», ha detto la dott.ssa Colwell. «Per utilizzare le sequenze proteiche per prevedere la struttura, abbiamo dovuto prima identificare e rimuovere il “rumore” nei dati provocato dal fatto che proteine diverse sono correlate l’una all’altra. Questo segnale deve essere “normalizzato” dai dati prima che possano essere costruiti modelli matematici che facciano previsioni utili».

Gli analisti utilizzano metodi di visualizzazione dei dati come ausilio per identificare la struttura in una serie di campi: questi metodi possono essere applicati a qualsiasi tipo di dati. La dott.ssa Colwell sta ora lavorando con Google per utilizzare i progressi nell’apprendimento automatico per individuare eventuali modelli difficili da identificare per l’uomo.

Parole chiave

EVO-COUPPLINGS, proteine, struttura proteica, sequenza, matrice casuale, apprendimento automatico

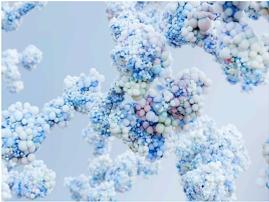
Scopri altri articoli nello stesso settore di applicazione



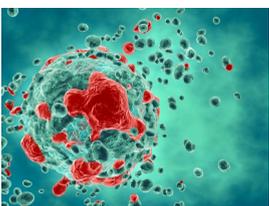
Decifrare il codice delle macchine per il ripiegamento del DNA



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



Un nuovo modo di progettare proteine modulari



Molecole a base di zucchero che reclutano anticorpi: l'approccio «dolce» alla terapia antitumorale mirata



Informazioni relative al progetto

EVO-COUPINGS

Finanziato da

ID dell'accordo di sovvenzione: 631609

Progetto chiuso

Data di avvio

1 Gennaio 2015

**Data di
completamento**

31 Dicembre 2018

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

Costo totale

€ 100 000,00

Contributo UE

€ 100 000,00

Coordinato da
THE CHANCELLOR MASTERS
AND SCHOLARS OF THE
UNIVERSITY OF CAMBRIDGE
 United Kingdom

Ultimo aggiornamento: 8 Luglio 2019

Permalink: <https://cordis.europa.eu/article/id/379505-shining-a-light-on-the-relationship-between-protein-sequence-structure-and-function/it>

European Union, 2025