

 Contenuto archiviato il 2024-06-25

The Alternate Transcript Diversity Project

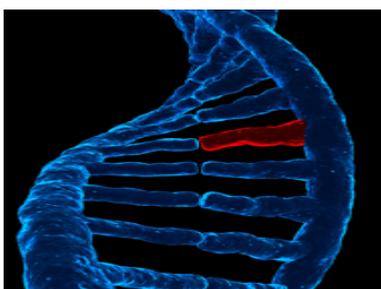
Risultati in breve

Integrare le informazioni del trascritto alternativo

Scienziati europei hanno sviluppato un database genomico con tutte le informazioni sui trascritti alternativi dell'mRNA. Questa risorsa sarà utile alla ricerca futura con l'obiettivo di collegare le isoforme di mRNA con uno stato di malattia.



SALUTE



© Thinkstock

La produzione di mRNA maturo partendo da DNA genomico è un processo altamente controllato, regolato a diverse fasi (inizio della trascrizione, splicing e poliadenilazione). Ciò fornisce un'intrinseca variazione delle isoforme di mRNA dello stesso gene, che si differenziano per sito iniziale, esoni e regione non tradotta.

Queste isoforme di mRNA sono specifiche per tessuto o fase di sviluppo, e il disturbo nella loro espressione spesso causa malattie quali cancro e sclerosi multipla. Questi trascritti alternativi (AT) hanno importanti conseguenze per la progettazione di nuovi farmaci e terapie mirate. Integrare le informazioni esistenti sugli AT in un database era l'oggetto dell'iniziativa finanziata dall'UE intitolata ATD ("The alternate transcript diversity project").

I partner del progetto hanno creato una delle migliori risorse sulla trascrizione alternativa a livello mondiale, nota come ASTD, database dello Splicing Alternativo e

della Diversità del Trascritto, ospitata sul sito web dell'Istituto Europeo Di Bioinformatica (EBI): <http://www.ebi.ac.uk/astd/>. Il database ha fornito informazioni sul trascritto alternativo di umani, topi e ratti.

Un risultato importante è stata l'interfaccia di ricerca ASTD, di facile utilizzo, che ha contribuito ulteriormente alla diffusione del suo uso. L'interfaccia ha permesso agli studiosi di eseguire ricerche nel trascrittoma alternativo seguendo numerosi criteri diversi. Gli utenti potevano localizzare i trascritti alternativi visualizzando contemporaneamente informazioni su isoforme ed espressioni genetiche dettagliate. Inoltre il server ASTD permetteva l'associazione di AT a tessuti o malattie specifici.

Il progetto ATD ha dato particolare risalto alla convalida sperimentale di oltre 500 trascritti previsti negli esseri umani e nei topi. I trascritti umani sono stati selezionati per la loro espressione di geni putativi nelle cellule del cancro, e in seguito a procedure di screening 73 AT sono stati identificati con comprovata espressione cancro-specifica.

In generale, il progetto ATD ha sviluppato diversi strumenti e metodi per determinare e analizzare gli AT. Il database ATD ha un grande potenziale come mezzo per associare la variazione dell'espressione genica alle situazioni fisiologiche e patologiche.

Scopri altri articoli nello stesso settore di applicazione



Qual è la probabilità di contrarre questa malattia?

9 Luglio 2024



Il rischio di sviluppare malattie cardiovascolari è maggiore tra gli adulti con disturbo da deficit di attenzione e iperattività?

4 Ottobre 2022





Sopprimere il cancro dall'interno utilizzando i microRNA

17 Ottobre 2023 



Un dispositivo non chirurgico ripristina il funzionamento della valvola cardiaca

17 Marzo 2023 

Informazioni relative al progetto

ATD

ID dell'accordo di sovvenzione: 503329

[Sito web del progetto](#) 

Progetto chiuso

Data di avvio

1 Marzo 2004

Data di completamento

28 Febbraio 2007

Finanziato da

Life sciences, genomics and biotechnology for health: Thematic Priority 1 under the Focusing and Integrating Community Research programme 2002-2006.

Costo totale

€ 2 975 765,00

Contributo UE

€ 2 300 000,00

Coordinato da

INSTITUT NATIONAL DE LA
SANTE ET DE LA RECHERCHE
MEDICALE

 France

Ultimo aggiornamento: 3 Agosto 2012

Permalink: <https://cordis.europa.eu/article/id/89081-integrating-alternative-transcript-information/it>

European Union, 2025

