

## RISet – Rete Informativa Scienza e Tecnologia

<i>Mittente</i>	IIC San Francisco - Ufficio Scientifico e Tecnologico
-----------------	---

<i>Titolo:</i> STRUMENTO PER L'ANALISI DELLE PROTEINE PER LA SIMULAZIONE DELLA DINAMICA MOLECOLARE	
<i>Parole chiave</i>	Bioinformatica, proteomica
<i>Settori/sotto settori</i>	5-6-11-14-16
<i>Tipo di informazione</i>	Banca dati

<i>Redazione</i>	Terenzio Scapolla
<i>E-mail Tel./fax</i>	<a href="mailto:tscapolla@sfiic.org">tscapolla@sfiic.org</a> T 415 788 7142 F 415 788 6389

### Testo

[Arend Sidow](#), docente di patologia e genetica presso il [Department of Pathology](#) della [Stanford School of Medicine](#), ha messo a punto presso il suo [laboratorio](#) nuovo strumento bioinformatico che impiega l'evoluzione come guida per determinare il ruolo che differenti proteine hanno in diversi organismi. Secondo Sidow i vincoli posti dall'evoluzione sono un dato, tanto utile quanto sottoutilizzato, che facilita l'analisi di struttura e funzione delle proteine.

[ProPhyLER](#) (PROtein PHYLogenetics and Evolutionary Rates) è una banca dati proteomica, disponibile all'indirizzo <http://www.prophyler.org>, che consente a un ricercatore che studia una proteina di comprendere meglio come lavora e cosa potrebbe accadere nel caso di mutazione. Lo strumento, che si rivolge a biologi cellulari e strutturali, biochimici e genetisti umani, produce rapidamente ipotesi di lavoro per la definizione delle aree funzionali della proteina.

Confrontando diverse versioni della stessa proteina proveniente da specie differenti, ProPhyLER identifica le parti di una proteina che sono essenziali per la sua attività. Ciò è particolarmente utile per proteine ancora poco note, come la maggioranza delle proteine umane.

Il progetto è stato finanziato dal [National Human Genome Research Institute](#).

<i>Sito web</i>	<a href="http://www.prophyler.org/">http://www.prophyler.org/</a>
<i>Fonte</i>	Stanford University
<i>Data</i>	17 Febbraio 2009