

RISeT – Rete Informativa Scienza e Tecnologia

| | |
|-----------------|---|
| <i>Mittente</i> | Ambasciata d'Italia a Tokyo (Giappone) Ufficio Addetto Scientifico e Tecnologico |
|-----------------|---|

| | |
|---|----------------------------------|
| <i>Titolo: Nuovo metodo di analisi biologica sviluppato congiuntamente da RIKEN e SISSA</i> | |
| <i>Parole chiave</i> | RNA, trascrizione genetica, CAGE |
| <i>Settori/sottosettori</i> | 05/04 |
| <i>Tipo di informazione</i> | Notizie su progressi S&T |

| | |
|------------------------|---|
| <i>Redazione</i> | Dr. Alberto MENGONI |
| <i>E-mail Tel./fax</i> | alberto.mengoni@esteri.it Tel: +81-3 3453 5291 Fax: +81 3 3453 5247 |
| <i>Sito web</i> | www.ambtokyo.esteri.it |

Testo: I ricercatori del RIKEN in Giappone e della SISSA in Italia hanno sviluppato congiuntamente un nuovo metodo per analisi biologiche che permette una sensibilità drammaticamente superiore rispetto alle tecniche in questo momento disponibili, aprendo una nuova strada per la nostra comprensione dell'RNA e la sua funzione all'interno delle cellule. Il nuovo metodo apre la porta allo studio delle malattie ben oltre la portata delle attuali tecnologie.

Il processo di creazione di una copia dell'RNA da una sequenza di DNA, è il primo passo nel processo di espressione genetica che si sviluppa attraverso la creazione di proteine o formazione di RNA non codificante. Negli ultimi anni, lo studio delle trascrizioni di RNA nei mammiferi ha rivelato una grande ricchezza, ma nello stesso tempo complessità, della sua trascrizione, struttura e funzione, permettendo ai ricercatori di caratterizzare i tumori e altre malattie molto più dettagliatamente. Il nuovo metodo sviluppato dai ricercatori del RIKEN e della SISSA è in realtà composto da due nuove tecnologie nanoCAGE e CAGEscan. Esso migliorerà ed estenderà grandemente le capacità di "Cap Analisi Gene Expression" (CAGE), un metodo ad alto-rendimento per la determinazione del profilo delle trascrizioni di RNA.

Con un livello di sensibilità mille volte superiore al CAGE, nanoCAGE si presenta come un potente strumento di indagine per l'analisi di campioni di piccole dimensioni. Usando nanoCAGE, campioni formati da non più di 1000 cellule sono sufficienti per individuare tutte le trascrizioni RNA e fare la mappa delle regioni genomiche che causano l'espressione genetica, fornendo così un quadro dettagliato del modo in cui esso è regolamentato. nanoCAGE supera le difficoltà di ottenere una grande quantità di cellule per diagnosticare malattie come il cancro e studiarne la loro evoluzione.

CAGEscan è complementare a nanoCAGE e si presenta come lo strumento ideale per esplorare il "continente" RNA, in particolare per l'analisi dei migliaia di RNA che non codificano proteine ma funzionano da modulatori del programma genetico della cellula. Mentre si presentano come promettenti per nuovi approcci terapeutici, questi RNA sono rimasti oscuri oggetti in passato, soprattutto per i limiti delle esistenti tecnologie di indagine.

I due nuovi metodi miglioreranno notevolmente la capacità dei ricercatori di lavorare con campioni minuscoli e porteranno a migliorare l'efficienza dell'identificazione RNA. Semplice da implementare e senza la necessità di attrezzature specializzate, nanoCAGE sarà la tecnologia ideale per biologi molecolari, mentre CAGEscan accelererà la ricerca in domini dove le nostre attuali conoscenze di geni attivi sono limitate. Insieme, i due metodi potrebbero portare ad una nuova fase nelle nuove applicazioni per screening, farmaci, analisi di associazione "whole-transcriptome" e biopsie.

Le tecnologie nanoCAGE e CAGEscan sono state sviluppate dal Dr. Piero Carninci dell' OMICS Science Center del RIKEN e dal Dr. Stefano Gustincich della SISSA.

Il RIKEN/Omics Science Center, la SISSA e la fondazione TELETHON hanno recentemente dato vita al "Epigenome Italy-Japan Joint Laboratory", una iniziativa co-finanziata dal MAE attraverso il 9 Programma Esecutivo per la Co-operazione S&T Italia-Giappone (Progetto di Grande Rilevanza). Il progetto intende, tra l'altro, esplorare a fondo proprio le tecnologie che sono state qui brevemente descritte.

| | |
|--------------------------------|--|
| <i>Fonte dell'informazione</i> | RIKEN |
| <i>Contatto locale</i> | Dr. Piero Carninci Functional Genomics Technology Team RIKEN Omics Science Center Dr. Stefano Gustincich Group Head of Neurobiology Sector SISSA, Trieste |
| <i>Data</i> | 17 Giugno 2010 |