



UNIVERSITÀ  
DEGLI STUDI  
DI TORINO

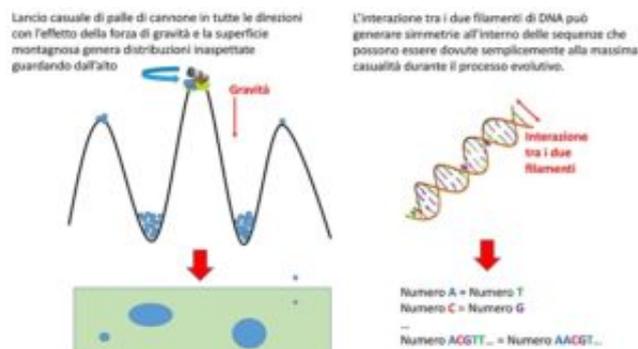
*Il gruppo di ricerca coordinato dal prof. Piero Fariselli dell'Università di Torino ha sviluppato un modello matematico in grado di spiegare la seconda regola di Chargaff, uno dei più grandi enigmi della biologia*



Torino,  
20 aprile 2020 - Una ricerca, pubblicata sulla prestigiosa rivista scientifica *Briefing in Bioinformatics*, condotta da Piero Fariselli, professore del Dipartimento di Scienze Mediche dell'Università di Torino, in collaborazione con Cristian Taccioli, Luca Pagani e Amos Maritan dell'Università di Padova ha permesso di spiegare l'origine della seconda legge di Chargaff e di teorizzare un approccio fisico per descrivere l'evoluzione del DNA.

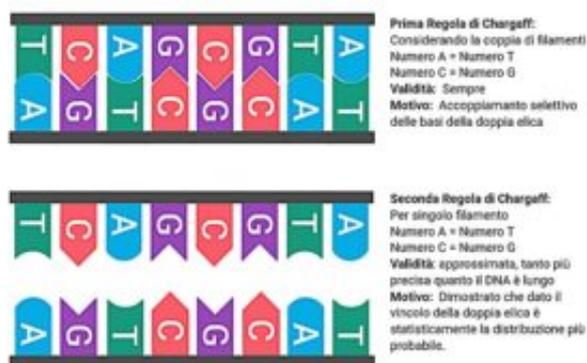
La maggior parte degli organismi viventi utilizza il DNA a doppio filamento per tramandare il proprio codice genetico alle generazioni future e questa informazione biologica è il principale mezzo attraverso cui agisce l'evoluzione. Tuttavia, all'interno del DNA, esistono delle particolari

simmetrie che risultano difficilmente spiegabili attraverso la sola teoria evolutiva della selezione naturale.



Il team di ricerca ha sviluppato un modello matematico in grado di spiegare la più famosa di queste simmetrie: la seconda regola di Chargaff. Nel 1968, il biochimico Erwin Chargaff scoprì che sul singolo filamento di una molecola di DNA a doppia elica, il numero di adenine era pressoché identico al numero di timine, e allo stesso modo il numero di citosine era molto simile a quello delle guanine. Questo, ha rappresentato per più di 50 anni uno dei misteri più enigmatici della biologia, poiché, fino ad oggi, non era mai stato chiarito il principio dietro il quale si nascondeva una così regolare e simmetrica distribuzione delle basi azotate sul singolo filamento.

“La seconda legge di Chargaff - spiega Piero Fariselli, professore del Dipartimento di Scienze Mediche dell'Università di Torino - a differenza della prima regola di Chargaff, che portò alla comprensione della struttura a doppia elica del DNA, non è giustificata da nessun processo evolutivo. Negli ultimi decenni molti gruppi di ricerca hanno tentato di chiarire il motivo di tale simmetria, ma nessuno è mai stato in grado di ottenere predizioni valide. Attraverso una collaborazione multidisciplinare che ha coinvolto biologi e fisici teorici, siamo riusciti nell'intento di spiegare l'origine della seconda legge di Chargaff e di teorizzare un approccio fisico per descrivere l'evoluzione del genoma. Le caratteristiche strutturali della doppia elica del DNA e la consapevolezza del ruolo cruciale che ha l'entropia in ogni processo fisico, ci hanno permesso di risolvere finalmente questo enigma”.



L'idea

dei ricercatori è che il materiale genetico, come ogni sistema nell'universo, evolva verso uno stato di disordine crescente - entropia - in modo tale da raggiungere un equilibrio e quindi una maggiore stabilità strutturale. I risultati mostrano come i ri-arrangiamenti genomici che massimizzano l'entropia siano favoriti durante l'evoluzione dei viventi perché stabilizzano la molecola di DNA.

“Molto

spesso - continua Fariselli - viene scambiato il concetto di casuale con quello di uniforme. Il caso può produrre strutture molto complesse. Per esempio, se un cannone sparasse sassi dalla cima di una montagna in tutte le direzioni in modo casuale, si troverebbero sassi più frequentemente nelle valli che in cima ai monti circostanti. Questo è un processo casuale che per effetto della forza di gravità genera addensamenti inspiegabili guardando dall'alto e senza conoscerne l'origine. Analogamente, molte delle simmetrie che si riscontrano nelle sequenze del DNA hanno origine casuale, ma appaiono eccezionali a causa dell'interazione della doppia elica”.

“Abbiamo

introdotto un nuovo paradigma tale per cui l'energia libera della doppia elica è il primo obiettivo su cui agiscono le forze evolutive per modellare la struttura del genoma. Il DNA viene spesso definito come un libro - spiega Fariselli - in cui l'inchiostro rappresenta l'informazione biologica codificata dalle basi azotate. Con il nostro lavoro poniamo l'enfasi anche sulla carta del libro. Le eccezioni a questa tendenza potrebbero, inoltre, offrire l'opportunità futura di misurare il contenuto energetico dell'evoluzione”.

Questo

lavoro potrebbe avere anche un impatto sulle più moderne tecnologie in ambito biotecnologico e fornire in futuro approfondimenti cruciali nei campi della ricerca incentrati sulla comprensione della struttura dei genomi e sulla loro evoluzione.