



Salute - Come si "spengono" le cellule: la svolta del Cnr sul funzionamento delle proteine

Trieste - 28 lug 2026 (Prima Notizia 24) Lo studio condotto a Trieste, pubblicato su JACS, chiarisce come la proteina RhoA torna nello stato inattivo. Una scoperta fondamentale per lo sviluppo di nuove terapie contro tumori e metastasi.

Comprendere come il sistema cellulare "spegne" i propri segnali è un passaggio chiave per la ricerca biomedica. A chiarire questo processo è uno studio dell'Istituto Officina dei Materiali del Consiglio nazionale delle ricerche di Trieste (Cnr-Iom), coordinato dalle ricercatrici Angela Parise e Alessandra Magistrato e pubblicato sul Journal of the American Chemical Society (JACS). La ricerca svela il meccanismo atomico attraverso cui le proteine Rho GTPasi — vera e propria rete di interruttori molecolari che regola il movimento cellulare e la struttura del citoscheletro — si disattivano dopo aver svolto la propria funzione. L'alterazione di questo delicato sistema di regolazione "acceso/spento" è spesso legata all'insorgenza di diverse patologie complesse, compresi tumori e metastasi. Attraverso simulazioni computazionali avanzate, che hanno integrato la dinamica molecolare classica e i metodi quantistici, il team di ricerca è riuscito a ricostruire ad altissima risoluzione la reazione chimica che porta la proteina RhoA dalla forma attiva a quella inattiva. "Lo studio ha identificato un meccanismo finora sconosciuto", spiega Angela Parise (Cnr-Iom), prima autrice della pubblicazione. "Durante la reazione, una glutammina – un amminoacido presente nel sito attivo della proteina – cambia temporaneamente struttura, comportandosi come una sorta di navetta che trasferisce protoni e rende possibile la reazione chimica. Al termine del processo, l'ingresso di molecole d'acqua permette alla proteina di ritornare nella configurazione iniziale, pronta per un nuovo ciclo di attività. Questo modello risolve un dibattito aperto da anni sul funzionamento delle Rho GTPasi". I risultati aprono nuove prospettive non solo per la biologia di base, ma anche per il design farmacologico. "Per noi è stato particolarmente importante riuscire a ricostruire, passo dopo passo, l'intero meccanismo della reazione. L'integrazione tra simulazioni molecolari avanzate e dati strutturali ci ha permesso di osservare passaggi fondamentali che finora erano rimasti invisibili e di proporre un nuovo meccanismo d'azione di queste proteine", sottolinea Alessandra Magistrato, dirigente di ricerca del Cnr-Iom. "La possibilità di seguire il movimento degli atomi durante la reazione ci ha consentito di comprendere come la proteina riesca a disattivarsi e a tornare pronta per un nuovo ciclo. Si tratta di un approccio che potrà essere applicato anche allo studio di molte altre proteine coinvolte nella regolazione delle funzioni cellulari". L'applicazione di metodi computazionali per mappare il comportamento di proteine e acidi nucleici associati a stati patologici si conferma uno dei principali filoni di ricerca del Cnr-Iom, ponendo le basi per future strategie terapeutiche mirate.



(Prima Notizia 24) Martedì 28 Luglio 2026

PRIMA NOTIZIA 24

Sede legale : Via Costantino Morin, 45 00195 Roma
E-mail: redazione@primanotizia24.it