Un nuovo modello matematico descrive e predice la dinamica degli eventi molecolari che regolano il destino cellulare. La ricerca condotta dall'Istituto di analisi dei sistemi ed informatica Antonio Ruberti del Consiglio nazionale delle ricerche (Iasi-Cnr) di Roma, in collaborazione con le Università dell'Aquila e di Milano Bicocca, quest'ultima consorziata con lo Iasi nell'Infrastruttura di ricerca Sysbio.it, chiarisce come e quando una cellula passa da uno stato di quiescenza ad un'attiva proliferazione. Caratteristica che – come è noto - contraddistingue cellule sane, ma anche tumorali, che sfuggono al normale controllo dei meccanismi di divisione cellulare.

Lo studio, pubblicato sulla rivista *Nature Communications*, fornisce per la prima volta una visione a 360 gradi di tale processo sfruttando un approccio multidisciplinare che integra dati biologici con modelli matematici e analisi computazionale.

"Il modello che proponiamo", spiega Pasquale Palumbo dello Iasi-Cnr, "ha la peculiarità di essere dinamico e unificante, in quanto riesce a racchiudere in una cellula intera molti e diversi dati raccolti attraverso esperimenti differenti. La divisione cellulare è un processo complesso che coinvolge oltre duecento geni, i quali vengono accesi simultaneamente in un intervallo di tempo relativamente breve. Con il nostro studio abbiamo dimostrato che nelle cellule di lievito *S accharomyces cerevisiae*
, tra i modelli più utilizzati di cellula eucariotica, dotata cioè di una precisa compartimentazione interna dei suoi principali componenti, è la modificazione di una singola proteina a svolgere un ruolo determinante".

La modificazione della proteina e l'accensione dei geni "si succedono in una sequenza temporale coerente e prevedibile", prosegue il ricercatore. "Nel caso di studio, a regolare l'espressione genica alla base della duplicazione del DNA e, di conseguenza, a influenzare la massa critica cellulare al momento del passaggio dalla fase quiescente a quella dinamica, la cosiddetta fase G1, è la proteina chiamata Whi5. Il modello proposto, però, è anche predittivo, come attestano i risultati ottenuti su cellule di lievito mutate nella proteina Whi5, oltre che quelli estrapolati dalla recente letteratura scientifica e riprodotti attraverso analisi di simulazione".

"Questo lavoro" - conclude Lilia Alberghina dell'Università di Milano Bicocca, "rappresenta il primo tassello di un progetto più ampio che ispira la mission di Sysbio.it: promuovere la realizzazione di un modello a cellula intera, in cui eventi molecolari in genere, in questo caso la divisione cellulare, si incastrano all'interno di una struttura modulare che contiene le diverse attività cellulari. Un modello di questo tipo sarebbe di grande stimolo per acquisire nuove conoscenze sulla risposta cellulare in diverse condizioni fisiologiche e patologiche da estendere allo sviluppo di attività applicative anche per cellule umane".