

Regioni rRNA-like e upstream ORFs in sequenze UTR ?

F. Mignone, G. Pesole

Dipartimento di Fisiologia e Biochimica Generali - Università di Milano

Diversi lavori hanno evidenziato l'interazione tra mRNA e rRNA, e il possibile ruolo di controllo della traduzione svolto da sequenze rRNA-like in sequenze di mRNA, localizzate in particolare nella loro regione non tradotta (UTR).

Il nostro lavoro è stato rivolto alla caratterizzazione delle sequenze rRNA-like presenti in regioni UTR, avvalendoci anche della disponibilità di una banca dati specializzata di regioni non tradotte per poter condurre analisi più accurate di quelle condotte precedentemente. Abbiamo inoltre verificato la consistenza dei risultati ottenuti mediante l'analisi delle sequenze cromosomiche e della banca dati di sequenze EST. È emerso che molti elementi rRNA-like nelle sequenze 5'UTR, riportati anche in letteratura, non trovano corrispondenza nelle sequenze cromosomiche corrispondenti. In particolare sequenze rRNA-like piuttosto lunghe e con un'alta percentuale di identità con gli rRNAs non sono confermate dall'analisi incrociata su diverse banche dati.

Al contrario, abbiamo osservato che elementi nucleotidici di minore lunghezza presentano valori di occorrenza sensibilmente maggiori rispetto all'atteso.

È stato dimostrato che "upstream AUG" (uAUGs) e "upstream open reading frames" (uORFs) possono regolare il livello di traduzione del trascritto e la sua stabilità. Per questo motivo abbiamo anche condotto analisi per stimare la significatività della presenza di tali elementi nelle regioni 5'UTR di mRNA umani.