



Cari Colleghi ed Amici della Sezione AIC-BMM,

come sapete, nei giorni 12-15 Settembre 2022 si è svolta la 4th Joint AIC-SILS Conference. Il congresso ha ricevuto una numerosa partecipazione (più di 190 iscritti) ed è stato strutturato ottimamente sia dal punto di vista scientifico che organizzativo. Un grazie sentito va riservato ai Colleghi dei vari Comitati che hanno garantito la qualità del Convegno. La Joint Conference è stata preceduta dalla “AIC2022 International School: Protein structure models, biophysical data and high-performance computing for drug design” che si è tenuta dal 7 al 10 Settembre scorsi. Per chi non avesse potuto partecipare a questi due eventi cerchiamo di illustrare brevemente quanto avvenuto di interesse specifico per la nostra sezione, in ordine cronologico.

Nelle 4 giornate della Scuola si sono avvicendati i 17 docenti provenienti da tutta Europa (vedi il sito: <http://school2022.cristallografia.org/>) che hanno affrontato tematiche di frontiera sul ruolo della biologia strutturale interfacciata con tecniche biofisiche e computazionali nel campo della progettazione e sviluppo di farmaci. Sono stati in particolare analizzati il ruolo delle varie tecniche sperimentali di tipo strutturale nello studio dell'interazione proteina-ligando e i principi della modellistica computazionale associata alla generazione di modelli proteici e alla simulazione della loro interazione con molecole di ligando. La scuola AIC2022 è stata frequentata da 21 studenti provenienti da paesi europei ed extraeuropei. UK (1), Grecia (1), Italia (17), Polonia (1), Austria (1), Tanzania (1).



Iniziative di questo tipo rappresentano uno degli obiettivi primari che la nostra Associazione è chiamata a raggiungere. Un plauso particolare va riservato agli ideatori ed ai docenti e partecipanti della Scuola, auspicando che eventi di questo tipo si possano realizzare con regolari scadenze.

Nell'ambito della Joint AIC-SILS Conference sono stati organizzati 2 microsimsposi dedicati agli studi riguardanti le tematiche della nostra sezione. Il microsimsposio MS-01, organizzato da Beatrice Vallone e Stefano Mangani, ha avuto come soggetto la biologia strutturale integrata che ha come obiettivo quello di raggiungere una più profonda conoscenza, a livello molecolare, dei complessi processi che intervengono all'interno delle cellule viventi sfruttando le possibilità date dall'uso delle moderne tecniche sperimentali (cristallografia, cryoEM, metodi computazionali, NMR, XAS, SAXS ecc.).

Le due keynotes di assoluta eccellenza presentate da Marina Mapelli ed Antonio Chaves hanno fornito alla platea, presente anche al di là della capienza dell'aula disponibile, un esempio bellissimo di come si possano affrontare e chiarire sistemi complessi. Marina Mapelli (Istituto Europeo di Oncologia, Milano) ha mostrato la struttura degli etero-esameri NuMA:LGN e discusso il loro ruolo nel promuovere l'assemblaggio dei motori dineina/dinactina che sono richiesti per orientare la divisione in cellule polarizzate.

Antonio Chaves (Università di Milano) ha illustrato la struttura, determinata tramite Cryo-EM, delle fibrille di proteina amiloide A presenti nei tessuti di reni di gatti affetti da grave amiloidosi di tipo AA.

Nelle seguenti presentazioni, Sonia Covaceuszach (Istituto di Cristallografia CNR, Trieste) ha parlato dell'impatto che una variante spontanea di BDNF ha sulla conformazione di questa neurotrofina; Benny Danilo Belviso (Istituto di Cristallografia CNR, Bari) ha presentato la caratterizzazione tramite SAXS della lisina N-metiltransferasi NSD3; Emiliano De Santis (Università di Uppsala, Svezia) ha riferito su come simulazioni di esplosioni di molecole conseguenti a esposizioni di fotoni X ad alta intensità forniscono informazioni sull'orientazione di molecole utili per "single particle imaging"; Cecilia Pozzi (Università di Siena) ha riportato i progressi fatti sulla determinazione della struttura del complesso hYAP-hTEAD che è un importante target per terapie anticancro; Roberto Marotta (Istituto Italiano di Tecnologia, Genova) ha parlato degli studi strutturali su AB-GADPH fatti tramite SEC-SACS e Cryo-EM; Francesca Paoletti (Istituto Nazionale di Chimica di Ljubljana, Slovenia) ha presentato uno studio sugli effetti di cationi bivalenti sull'interazione fra ATP e neurotrofine.

La qualità tutti gli interventi è indicata dall'interesse della platea che ha richiesto numerosi approfondimenti e prodotto interazioni ulteriori con gli autori.

Il secondo microsimsposio, MS-09, organizzato da Simona Fermani e Michele Cianci ha posto l'accento sulle strategie di ricerca attuali per lo studio della struttura e della dinamica di proteine e complessi proteici, con particolare riguardo alle quei sistemi di rilievo per applicazioni biomediche e biotecnologiche. In questo microsimsposio si sono succedute otto eccellenti presentazioni riguardanti tematiche importanti come i vaccini, lo sviluppo di inibitori di virus a RNA e cancro nonché aspetti di ricerca fondamentale. I risultati delle ricerche presentate sono stati ottenuti usando non solo diffrazione di RX, ma anche tecniche diverse come diffrazione di elettroni 3D, single-particle Cryo-EM, XANES e STX

Due sono state le keynotes selezionate: Rita Berisio (Istituto di Biostrutture e Bioimmagini CNR, Napoli) ha presentato il suo lavoro sulla "Structural vaccinology" che consiste in un approccio razionale alla progettazione di antigeni immunogenici che funzionano come vaccini.

Mauro Gemmi (Istituto Italiano di Tecnologia, Pontedera) ha illustrato l'applicazione di diffrazione di elettroni 3D su campioni nanometrici di proteine e farmaci sensibili alla radiazione.

Nei successivi interventi, Ida Freda (Università di Roma "La Sapienza") ha mostrato come SP-Cryo-EM abbia rivelato multiple conformazioni nel meccanismo di regolazione trascrizionale da parte di PdxR; Charles J Hitchman (Università di Leicester, UK) ha illustrato la struttura del complesso eterodimerico EDEM:PDI, determinata tramite Cryo-EM che è cruciale nel meccanismo di folding di glicoproteine in ERAD; Eloise Mastrangelo (Istituto di Biofisica CNR, Milano) ha mostrato come la ricerca di inibitori di virus a RNA abbia fornito nuove informazioni sulla biologia di tali virus; Serena Rocchio (European Molecular Biology Laboratory, Grenoble) ha illustrato i più recenti sviluppi della beamline MASSIF-1 di ESRF che permettono di usare un procedimento completamente autonomo ed automatico dalla scelta dei cristalli alla risoluzione della struttura; Francesca Rossi (Università di Bologna) ha mostrato la caratterizzazione del progredire della deposizione di ioni calcio in cellule SaOS-2 di osteosarcoma tramite Cryo-XANES and Cryo-STX. Infine, Alberta Terzi (Istituto di Cristallografia CNR, Bari) ha presentato il suo lavoro sulla caratterizzazione della glicazione di collagene di tessuti diabetici mediante ex-vivo SAXS/WAXS.

Il microsimsposio ha visto la partecipazione di una trentina di persone che hanno riempito la sala. Le vivaci discussioni che hanno seguito le presentazioni hanno dimostrato l'interesse del pubblico per le tematiche proposte. Qui sotto la foto di gruppo degli oratori ed organizzatori di MS-09 insieme a Dorian Lamba uno dei Chairmen del Convegno AIC-SILS.



Da sottolineare anche la presentazione dei numerosi posters relativi alle nostre tematiche che sono stati visitati da tanti congressisti interessati che hanno coinvolto gli autori in discussioni ed approfondimenti. E' giusto anche citare i contributi di altri iscritti alla nostra sessione che hanno partecipato in altri microsimsposi tra cui Paola Storici (Elettra-Sincrotrone, Trieste), Giusy Tassone (Università di Siena) e Romualdo Troisi (Università di Napoli Federico II) che hanno partecipato a MS-06; Marco Mazzorana (Diamond Light Source, UK) e Annie Heroux (Elettra Sincrotrone, Trieste) che hanno contribuito a MS-08. L'importanza degli interventi è testimoniata dall'interesse mostrato dalla platea, che ha richiesto approfondimenti e prodotto ulteriori interazioni con gli autori.

Per approfondimenti si rimanda al libro degli abstracts, disponibile al sito:

<https://calliope.cnr.it/index.php/smartelab/issue/view/18>.

Da menzionare assolutamente è l'ultima conferenza plenaria del Convegno AIC-SILS che è stata tenuta da Thomas R. Schneider (European Molecular Biology Laboratory, Hamburg, Germania) dal titolo: "Macromolecular Crystallography – Quo vadis?" nella quale Thomas ha fornito una panoramica sulle più recenti applicazioni di radiazione di sincrotrone alla cristallografia macromolecolare come "serial crystallography" e "time-resolved macromolecular crystallography" applicate in particolare alla enzimologia strutturale. Tutto ciò, in vista degli aggiornamenti che si stanno attuando delle beamlines nei diversi sincrotroni, fa prevedere un futuro prossimo sempre più "brillante" della nostra disciplina.

NOVITA'

Prendete nota che sono già state fissate le date per il prossimo 4th BMM Meeting che si terrà nella stessa sede del Centro Studi CISL di San Domenico a Firenze nei giorni 5-6 Giugno 2023. Seguiranno a tempo debito informazioni sull'organizzazione del convegno. Preparatevi ad intervenire sempre più numerosi! Vi aspettiamo.

Il Coordinamento

Stefano Mangani

Rocco Caliendo

Andrea Ilari

Marina Mapelli