

Un gruppo di ricerca della Politecnica delle Marche, coordinato e diretto dal professor Principato, in campo per interrogare il Dna

Ingegneri e biologi esplorano il codice della vita

di GIORGIO FABRI

ANCONA - Un gruppo di ricerca, già attivo da qualche anno all'Università Politecnica delle Marche, sta sviluppando uno studio multidisciplinare di avanguardia in un nuovo settore scientifico cruciale come quello della genetica e della genomica, in relazione alla medicina. Si tratta del gruppo di ricerca di Biologia Computazionale coordinato e diretto dal professor Giovanni Principato, direttore dell'Istituto Interfacoltà di Biologia e Genetica. Vi lavorano insieme le figure del chimico, del biologo, dell'ingegnere e dell'informatico, per elaborare i dati biologici con metodi che vanno dalle reti neurali artificiali alla teoria dell'informazione. "Tutte le discipline si evolvono, grazie alla scoperta di nuovi strumenti di

analisi e di elaborazione dei dati raccolti - spiega il professor Principato -. Così anche nella genetica, l'enorme quantità di dati è gestibile solo da informatici, che però dovrebbero avere una competenza della disciplina al servizio della quale lavorano. Noi siamo stati così fortunati da trovare un giovane studioso, Francesco Piva, che da laureando di Ingegneria elettronica ha svolto una tesi sull'applicazione dell'informatica alla biologia, con il professor Cancellieri, e con me come correlatore, dal titolo *Sequenze di informazioni nel Dna*, e ora ha un quadro di competenze molto interessanti, che ne fanno una figura di studioso, che sa fare cose che pochi altri sanno". "E' molto complesso ricavare leggi e conoscenza dai dati degli esperimenti - continua Giovanni Principato. - I



Il professor Giovanni Principato

La lettura ha generato tre miliardi di caratteri Per interpretarli servono competenze diverse

dati biologici sono annotati con diversi formati ed elaborati con linguaggi diversi, inoltre si trovano sparsi, sebbene tutti disponibili, nel Web. La lettura del genoma umano ha generato più di tre miliardi di caratteri e si sono sequenziati e si stanno sequenziando genomi di molte altre specie, ma per la loro interpretazione sono necessarie competenze diverse e specifiche, raramente insieme nella stessa persona. Ne è nata la Biologia Computazionale, cui

lavora da qualche anno il gruppo dell'Università Politecnica delle Marche, consolidatosi con pubblicazioni specifiche, che ha collaborato con altre università nell'ambito di progetti di ricerca finanziati da vari ministeri. Con me ne fanno parte, oltre all'ingegner Piva, il dottor Matteo Giulietti, biologo, Diego Zoppi, programmatore e Linda Nocchi, laureanda di Biologia".

"Conoscere la localizzazione cromosomica di un gene, la sua sequenza, i suoi schemi di interruzione, la sua espressione, le mutazioni e le proteine prodotte non costituisce un'effettiva conoscenza del funzionamento dei sistemi biologici. Quando si raggiungerà questa visione d'insieme, avremo il modello completo del funzionamento dell'uomo e sarà possibile prevedere l'effetto

di mutazioni geniche, dei farmaci e dell'esposizione a sostanze inquinanti. Dall'unificazione tra medicina e biologia sarà possibile determinare la tendenza individuale a contrarre determinate patologie, fare diagnosi precoce e stabilire terapie personalizzate".

Per divulgare le attività del gruppo e mettere a disposizione della comunità scientifica le scoperte fatte, gli strumenti di indagine e i software implementati, è stato creato un sito internet dal nome molto specialistico - www.introni.it - che sta avendo un inaspettato successo (al primo posto nella classifica di Google): i programmi costruiti dal gruppo, disponibili nel sito, sono di facile utilizzo e di grande utilità pratica per risolvere problemi specifici non affrontati dai programmi oggi esistenti e comunemente in uso.