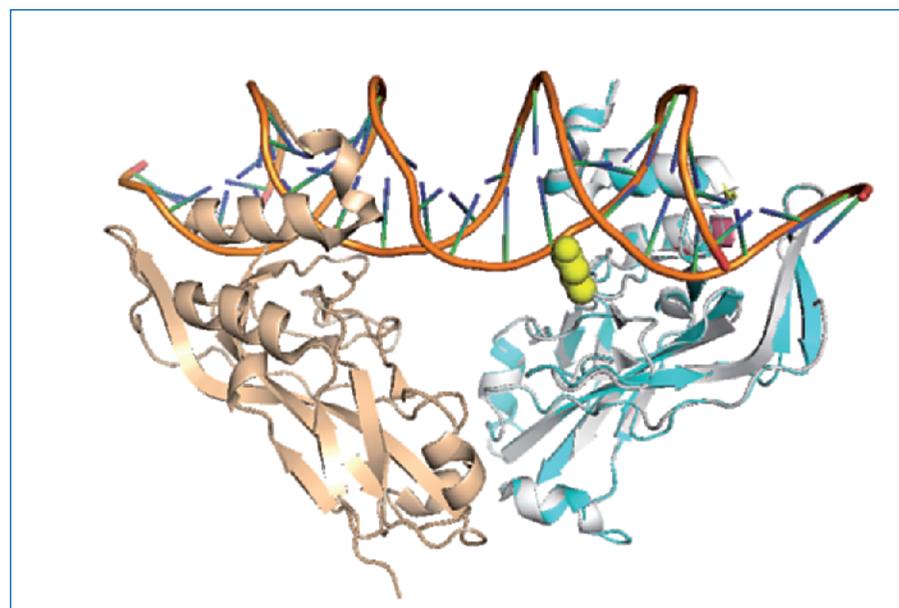


Al CRS4 la ricerca si fa virtuale

Presso il Centro di Ricerca, Sviluppo e Studi Superiori in Sardegna (CRS4) la ricerca chimico-farmaceutica e industriale ha assunto nuove forme, grazie alla chemoinformatica e alla bioinformatica strutturale, come spiega il ricercatore Matteo Floris, una laurea in CTF e una specializzazione in bioinformatica

di Pierluigi Altea

Il futuro della ricerca biomedica e farmaceutica è nelle mani degli esperti di informatica. Almeno così sembrerebbe, considerando l'ingente quantità di dati con cui i laboratori di ricerca hanno sempre più a che fare. Il problema è come gestire questi dati, come interpretarli. Attraverso l'impiego di particolari software, oggi è anche possibile simulare la sperimentazione in un dato ambito, prevederne l'esito seppur solo in modo virtuale, così da individuare le linee di ricerca più proficue. Per questo oggi chi ha competenze nelle scienze biologiche, chimiche e farmaceutiche, ma anche una solida formazione informatica ha un'opportunità in più. Proprio come Matteo Floris, sardo, 35 anni, una laurea in Chimica e tecnologie farmaceutiche conseguita nel 2003 presso l'Università di Padova, una specializzazione in Bioinformatica all'Università di Colonia (Germania) e un



dottorato di ricerca in Biochimica conseguito all'Università di Roma La Sapienza. Dal 2006 è ricercatore presso il CRS4 di Pula, in provincia di Cagliari, dove si occupa di chemoinformatica e di bioinformatica strutturale.

Dottor Floris, due discipline dalle grandi potenzialità...

Sì, due materie ben distinte, ma in qualche modo anche legate tra loro. Con la chemoinformatica si sviluppano algoritmi applicabili a problematiche di tipo chimico, non solo in ambito farmaceutico, che vanno dal drug design alle applicazioni per l'industria petrolifera, fino alla chimica ambientale e altro ancora. Con la bioinformatica strutturale, invece, che è parte della bioinformatica e ha legami anche con la chemoinformatica, attraverso simulazioni computazionali si cerca per esempio di

comprendere gli effetti delle mutazioni genetiche sulla struttura delle proteine. Questo tipo di ricerca ha applicazioni anche in ambito clinico, perché permette di comprendere a livello molecolare come una mutazione possa causare una data malattia. Grazie al nostro centro di calcolo e attraverso particolari algoritmi e simulazioni della struttura delle proteine, cerchiamo di mettere in relazione i dati raccolti con i fenomeni allo studio.

Il problema, in un certo qual modo, riguarda la scrematura di questi dati e la loro interpretazione. È così?

Esattamente. Il CRS4, oltre a essere un centro di calcolo, dispone di una piattaforma di genomica di dimensioni molto importanti, una tra le più considerevoli in Italia, dove si producono dati di sequenziamento dei genomi di persone malate e sane,

così da avere casi clinici e gruppi di controllo. La questione centrale è trovare il collegamento tra un certo dato e un determinato fenomeno. Per farlo ci si può affidare anche alla cosiddetta post-genomica computazionale, ovvero all'analisi dei dati prodotti dal sequenziamento massivo.

Il disegno sperimentale ha un ruolo centrale...

È fondamentale. Il problema è che oggi i dati sono innumerevoli e il processo che ne determina la produzione è inarrestabile. Si tratta dunque di attrezzarsi, di acquisire gli elementi che ci permettano di vedere attraverso il computer, perché l'elaboratore è solo uno strumento: non dà risposte, anche se ci aiuta a trovarle.

In questo momento, di cosa vi state occupando in modo particolare?

Abbiamo sviluppato una piattaforma che, sebbene sia operativa da meno di un anno, ha già iniziato a funzionare bene. Sono già giunte numerose richieste di collaborazione e di aiuto, anche dalla Sardegna: proprio in questi giorni ci siamo occupati dell'analisi di alcuni casi provenienti da diverse strutture sanitarie situate vicino a Cagliari. Si tratta di dati riconducibili a persone affette da patologie rare, che presentano la mutazione di un gene. Tramite analisi bioinformatiche siamo riusciti a capire che questa mutazione produce una proteina "aberrante", cioè mancante di una porzione, individuando quindi la possibile causa della malattia.

Quali sono i centri con cui collaborate?

Sono diversi, alcuni anche molto importanti come l'Università di Stanford, in California, con la quale stiamo studiando alcune mutazioni genetiche in relazione a patologie del sistema immunitario. Poi abbiamo una serie di contatti nati



Matteo Floris.

per conoscenza diretta di colleghi che conoscono il nostro centro e l'oggetto dei nostri studi. Non ci siamo ancora preoccupati di istituzionalizzare i rapporti, di creare una sorta di network, perché non ne abbiamo ancora sentito la necessità, considerando le innumerevoli richieste nate spontaneamente. Sul fronte della chemoinformatica, invece, abbiamo rapporti più consolidati, con l'Università di Padova, con l'Istituto di Ricerca Farmacologica Mario Negri di Milano e con altri gruppi di studio internazionali.

In Italia, quanto è diffusa la conoscenza di queste tematiche?

Forse ancora poco, abbiamo un gap considerevole rispetto ad altri Paesi, forse perché non si è ancora compreso il potenziale del calcolo nell'ambito della ricerca biomedica e chimico-farmaceutica, e forse anche perché in Italia manca il traino della grande industria farmaceutica.

Quale sarà il destino dei piccoli laboratori di ricerca?

Quello di mettersi insieme ad altri o quantomeno di inserirsi in una rete che

consenta di disporre di strumenti informatici importanti. Credo sia impossibile, oltre che poco produttivo pensare che ogni sede università italiana debba disporre di un centro di calcolo che nella maggior parte dei casi finirebbe per non essere sufficientemente potente: meglio creare collaborazioni e sinergie.

Il destino della ricerca, più in generale? Che peso avrà, a suo avviso, la biochemoinformatica?

Avrà un peso sempre più determinante, soprattutto per via della crescente necessità di interpretare dati sperimentali.

La vostra esperienza è incoraggiante. Si può fare ricerca con profitto in modo virtuale e in un'isola, peraltro meravigliosa, come la Sardegna...

Non c'è dubbio. Ho scelto di restare qui perché è giusto così. Sono convinto che, anche se non ci troviamo nella Silicon Valley, qualcosa di significativo la si possa fare anche da qui, grazie ai moderni strumenti di comunicazione. Io, per esempio, collaboro da dieci anni con un gruppo di ricercatori dell'Università di Padova, dove mi sono formato. Abbiamo contatti quotidiani, lavoriamo molto bene insieme, nonostante la distanza. Basti pensare che insieme al professor Stefano Moro dello stesso ateneo abbiamo creato una libreria virtuale che conta 90 milioni di composti chimici dai quali, attraverso elaborazioni di tipo chemoinformatico, abbiamo ottenuto circa 800 milioni di strutture. Questa è una libreria dalla quale possiamo fare virtual screening, ovvero ricercare molecole potenzialmente bioattive tramite strumenti computazionali. È un'esperienza unica in Italia, ottenuta lavorando su Skype! Con una connessione a internet si può fare di tutto. Si tratta solo di avere il desiderio di lavorare insieme agli altri.

© RIPRODUZIONE RISERVATA