

FONDI AIRC

La ricerca italiana sul cancro ora investe nella bioinformatica

Colpire al cuore le anomalie. Scoprire l'errore presente nelle molecole che danno origine a un tumore, grazie alla capacità di elaborazione di un grande computer e a un robot supportato da un nanodispenser che permette di realizzare un numero di esperimenti dieci volte maggiore rispetto ai sistemi tradizionali. Sono questi gli strumenti ad alta tecnologia alla base della piattaforma di bioinformatica dell'Istituto Firc di oncologia molecolare (Ifom) di Milano, con i quali si intende ottenere risultati fondamentali per le nuove terapie anticancro.

E che per il secondo anno consecutivo ha ottenuto il finanziamento di 350mila euro da parte dell'Airc, l'Associazione italiana per la ricerca sul cancro, che ha stanziato complessivamente nel primo semestre di quest'anno 27 milioni 320mila euro a supporto di 386 progetti di ricerca.

Ma se la disponibilità delle tecnologie ha radicalmente cambiato l'ap-

proccio della ricerca oncologica, serve ora sviluppare metodi per decifrare e capire l'informazione scientifica che deriva dagli esperimenti. Compito che all'interno dell'Ifom è stato affidato al fisico tedesco specializzato in biologia molecolare e strutturale Thomas Schneider, coordinatore della piattaforma di bioinformatica dall'ottobre 2003. Il quale ha le idee molto chiare su come utilizzare i fondi: «Il mio primo obiettivo è "consolidare" il team di ricercatori coinvolti nel progetto, 31 persone che lavorano in nove diverse sedi italiane (oltre all'Ifom, partecipano infatti alla piattaforma l'Istituto europeo di oncologia (Ieo), l'Istituto nazionale dei tumori, l'Istituto di Trento, oltre alle università di Milano e Roma, ndr); in altri termini, tutti devono poter analizzare e verificare l'enorme mole di dati che oggi viene messa a disposizione dalla moder-

na tecnologia. Per rendere la piattaforma fruibile al maggior numero possibile di persone sono già stati

investiti 50mila euro per l'acquisto di un grande computer a cui sono collegate 20 postazioni cpu, che potrebbero diventare facilmente 100 nell'arco di un mese; ma questo non basta, il passo successivo è rendere il programma software il più possibile "user friendly", ovvero facilmente accessibile e utilizzabile, rendendolo disponibile su Internet».

La necessità nasce dal fatto che la mole di dati prodotta ogni giorno nei laboratori è gigantesca. «All'Ifom — continua Schneider — con il robot dotato di nanodispenser siamo in grado, in due-tre ore, di eseguire 2.500-3000 esperimenti analizzando simultaneamente la struttura di tre proteine. Si tratta certamente di una piattaforma complessa che contiene caratteristiche di unicità; la mia priorità però non è tanto quella di creare un kit bioinformatico "esclusivo", che si distingue da quelli esistenti negli altri Paesi europei o ne-

All'Ifom di Milano un supercomputer elabora la struttura delle proteine per progettare nuovi farmaci

gli Stati Uniti, ma che piuttosto sia il più possibile utile». Rimarcando, con questo, la sua necessità primaria: creare un sistema fruibile da un ampio numero di persone che si concentrino sulla lettura e sull'interpretazione dei dati.

All'Ifom, infatti, hanno scelto un campo di ricerca molto complesso: lo studio della struttura molecolare delle proteine coinvolte nei meccanismi tumorali. «L'obiettivo finale è ovviamente quello di trovare farmaci che colpiscano in maniera selettiva le strutture "patologiche" delle proteine, quelle cioè da cui si sviluppa il tumore — spiega Schneider —. A questo scopo dobbiamo avere il più possibile informazioni sulle molecole bersaglio, che otteniamo attraverso una particolare tecnica, nota come cristallografia. In pratica, creando dei cristalli di molecole e incrociando i milioni di dati elaborati dagli esperimenti speriamo di arrivare a definire e a differenziare la struttura proteica sana da quella "malata"».

FR.CE.

