

STUDIO DELLE PROTEINE

Bioinformatica, a Milano un centro per la formazione

MILANO ■ Partiranno a settembre i primi corsi del centro di formazione permanente di informatica applicata, dedicati allo studio delle strutture delle proteine, che hanno come obiettivo di mettere a punto nuovi farmaci e vaccini. Il centro, in fase di allestimento, sorge alle porte di Milano, all'interno del distretto biotecnologico di Bresso. La notizia è stata presentata ieri in un convegno che ha sottolineato l'importanza dello studio di strumenti informatici e iniziative al servizio della ricerca biomedica e farmacologica.

Il centro di formazione rientra in un progetto da 600mila euro, già finanziati nel 2003 dalla Regione Lombardia con il supporto del Fondo sociale europeo; i promotori, cioè l'Università di Milano Bicocca, il Consorzio Milano Ricerche, il Biopolo e il Comune di Bresso, hanno presentato la richiesta per il rinnovo del finanziamento per quest'anno. Al convegno di ieri hanno preso

parte anche le altre realtà che operano nel biotech all'interno del distretto territoriale di Bresso: Newron Pharmaceuticals, NiKem Research, Ibm, Zambon Group, Novuspharma, Eurotech, NicOx, Ifom-Firc, Biopolo, Ospedale di Desio e Agenzia di sviluppo Nord Milano.

Determinare le strutture delle proteine (*nell'immagine Spl*) dai dati delle sequenze genomiche è la più grande sfida della moderna biologia computazionale, problema che per pratico utilizzo sarebbe insolubile senza software avanzati e potenti computer.

Oltre al centro formativo, si colloca in questo contesto anche il progetto Delos (acronimo

di Discovery and lead optimization system) sviluppato nell'ambito del Fondo sociale europeo in collaborazione con la Regione Lombardia. Il progetto è coordinato da Piercarlo Fantucci, direttore del laboratorio di modellistica molecolare all'Università di Milano Bicocca. «Il nostro programma — dice Fantucci — riguarda la messa a punto della cosiddetta libreria virtuale, collezione di molecole delle quali il computer riesca a fare uno screening per consentire al farmacologo di indirizzarsi alla sintesi e caratterizzazione della molecola più consona al farmaco da sviluppare. In breve, con i sistemi convenzionali occorre almeno 300 giorni di elaborazione per arrivare a individuare una molecola su oltre 100mila prese in considerazione; con la nuova metodologia di calcolo parallelo basteranno meno di 15 giorni».

Ma c'è di più, come aggiunge Fantucci: «Negli Usa esiste qualcosa di simile ma non su larga scala, non esiste infatti in commercio un sistema che copra l'intero paradigma a livello di riduzione dei tempi con accesso a ricercatori ed esperti. Programmi con licenze d'uso hanno costi impossibili per le Pmi, dai 100 ai 200mila euro all'anno. Noi crediamo di poter fornire fra un paio d'anni un programma con efficienza superiore a un terzo del costo attuale».

L'iniziativa lombarda potrebbe integrarsi in un progetto di network ad ampio spettro annunciato di recente dalla Commissione europea: uno stanziamento di 12 milioni di euro assegnati a 24 gruppi di bioinformatica localizzati in 14 Paesi per creare un network di eccellenza paneuropeo nell'ambito del progetto «BioSapiens». Una rete virtuale per superare il divario di frammentazione che penalizza l'Europa bioinformatica e soprattutto per organizzare una scuola europea di formazione nel settore. Fra i 14 Paesi figura l'Italia con due gruppi di ricerca già partner qualificati del progetto BioSapiens: il Dipartimento di scienze biochimiche dell'Università di Roma La Sapienza diretto da Anna Tramontano e la Biocomputing Unit del Dipartimento di biologia dell'Università di Bologna diretta dalla biofisica Rita Casadio (www.ebi.ac.uk e <http://cassandra.bio.uniroma1.it>).

