

>> Itapress
Agenzia di Stampa

Biologia molecolare, Ri.Med porta a Palermo scienziati da 28 paesi



Favorire confronto e sinergie tra scienziati sperimentali e computazionali per una maggior integrazione dell'Intelligenza Artificiale nella pratica canonica di determinazione della struttura delle proteine. E' questo l'obiettivo del workshop "When prediction meet experiments: The future of structure determination", il convegno patrocinato dalla European Molecular Biology Organization (Embo) in collaborazione con Fondazione Ri.Med, che si è svolto a Palermo, a Palazzo Branciforte.

L'Embo è un punto di riferimento a livello internazionale nell'area delle scienze biologiche e in particolare della biologia molecolare. Forte di una solida reputazione, il consesso palermitano ha attirato scienziati provenienti da 28 nazioni differenti per confrontarsi sulla complementarietà fra metodologie sperimentali, quali la cristallografia a raggi X e la spettroscopia di Risonanza Magnetica Nucleare, e nuovi

approcci computazionali, in primis l'algoritmo di deep learning "AlphaFold".

Conoscere la struttura delle proteine – invisibili anche con i più potenti microscopi – è fondamentale per poterne capire la funzione e poter quindi sviluppare nuovi farmaci per malattie ancora incurabili. Comprendere i meccanismi di ripiegamento delle proteine è stata la grande sfida degli ultimi 50 anni nell'ambito della biologia strutturale. Grazie agli sforzi di diverse generazioni di biologi strutturali, esperti di bioinformatica e di intelligenza artificiale è stato recentemente messo a punto il programma denominato AlphaFold, un algoritmo di deep learning in grado di prevedere in poche ore nuove strutture proteiche e la loro evoluzione a livello atomico. Questa importante svolta dimostra l'impatto che l'Intelligenza Artificiale può avere sulla scoperta scientifica e il suo potenziale per accelerare notevolmente il progresso scientifico.

I metodi predittivi hanno tuttavia delle limitazioni e non possono sostituire il lavoro sperimentale, bensì integrarsi con esso. Questo workshop ha avuto quindi lo scopo di colmare il divario tra scienziati sperimentali e scienziati computazionali, fornire un feedback reciproco e costituire un forum per facilitare il dialogo su come le previsioni dell'IA possano integrarsi nella normale pra-

tica della determinazione della struttura. Per Caterina Alfano, Group Leader di Biologia Strutturale e Biofisica di Fondazione Ri.MED e curatrice dell'iniziativa "il progresso scientifico non può prescindere dal confronto tra scienziati di tutto il mondo: la scienza non deve avere confini e noi ricercatori abbiamo l'obbligo di essere a servizio dell'umanità intera. Ringrazio la Fondazione Ri.Med per aver supportato la realizzazione di questo evento, facendo fede ancora una volta alla sua missione di portare qui, nel Mezzogiorno d'Italia, le eccellenze in ambito scientifico".

"Fondamentale – continua – il patrocinio dell'Embo, l'organizzazione europea di biologia molecolare, e la collaborazione dell'Esrif (European Synchrotron Radiation Facility), il più importante sincrotrone europeo attualmente in funzione nel mondo. Tre importanti enti europei insieme per un'Europa più unita, più competente e più competitiva". Oltre a Caterina Alfano sono organizzatori dell'evento: Annalisa Pastore, direttore scientifico in Life Science dell'Esrif di Grenoble, Francia; Paolo De Los Rios, professore di Fisica statistica di sistemi viventi dell'Ecole Polytechnique Fédérale de Lausanne (Epfl), Svizzera; Duccio Malinverni, Esperto analista bioinformatico del St. Jude Children's Research Hospital di Memphis, USA.

