

Archimede webzine, 23 dicembre 2010.

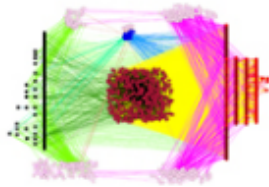
url: www.sardegna.ricerche.it/index.php?xsl=370&s=156158&v=2&c=3282&nc=1&sc=&archivio=2&q=1&qp=3&vd=2

ARCHIMEDE WEBZINE

Focus
Impresa
Ricerca
› Archivio

Scienza
Taccuino

CRS4 e Linkalab premiati alla Columbia University



23.12.2010

E' nata in Sardegna la collaborazione scientifica che lo scorso 16 novembre ha meritato il secondo posto nella competizione sulla "Network Inference" durante la quinta edizione di DREAM - "Dialogue for Reverse Engineering Assessments and Methods". Il successo del team, guidato da Alberto de la Fuente e composto, inoltre, da Vincenzo De Leo, Andrea Pinna e Nicola Soranzo, si deve alla collaborazione tra il Laboratorio di Bioinformatica del CRS4 diretto da Giorgio Fotia e il Laboratorio per lo studio dei sistemi complessi Linkalab. I risultati della competizione, alla quale hanno partecipato 29 gruppi di ricercatori da tutto il mondo, sono stati presentati a New York nella prestigiosa sede della Columbia University.

Lo spirito alla base delle competizioni DREAM è del tutto peculiare. Si parte da discipline nuovissime, quali l'inferenza di reti biologiche e la costruzione di modelli quantitativi dei sistemi biologici. È molto difficile valutare la bontà degli strumenti di analisi che vengono impiegati in questi campi: DREAM fornisce allora una sorta di ranking dei migliori algoritmi sfidando i partecipanti a predire i risultati di esperimenti campione. Gli algoritmi più affidabili sono quelli che forniscono le previsioni più vicine alla realtà.

Una delle novità dell'attuale scenario della ricerca biologica risiede nella mole di dati che oggi i ricercatori hanno a disposizione, sotto forma di banche dati che associano liste di componenti biologici a informazioni sulle loro interazioni. Questi dati sono molto adatti a essere analizzati applicando la Teoria delle Reti complesse. La novità è ancora più interessante se si considera che spesso le malattie complesse dipendono da modifiche nell'interazione tra più geni, e non semplicemente da cambiamenti che avvengono in un singolo gene. Ricostruire le reti di interazioni geniche tramite l'inferenza di reti per riuscire a interpretare le dinamiche può rappresentare un avanzamento significativo nella ricerca su queste malattie.

Paola Carboni
Linkalab

[Link utili](#)

