



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI PADOVA

L'Università di Padova conferma ancora una volta il suo ruolo da protagonista nel panorama scientifico internazionale con un secondo posto per il gruppo guidato dal prof. Silvio Tosatto e un ottimo piazzamento per il gruppo che fa capo al Prof. Stefano Toppo nella "CAFA challenge", gara sulla predizione della funzione delle proteine, i cui risultati sono stati pubblicati di recente dalla rivista Genome Biology.



Padova, 29 novembre 2019 - CAFA

(Critical Assessment of Function Annotation) è una competizione internazionale che ha l'ambizioso obiettivo di valutare l'accuratezza dei servizi di predizione della funzione delle proteine. Durante la sua terza edizione, ha confrontato 144 algoritmi diversi implementati da 68 gruppi di ricerca provenienti da tutto il mondo.

L'Università di Padova, già presente in classifica sin dalla prima edizione della manifestazione, è riuscita a migliorare il proprio risultato. Il team del prof. Silvio Tosatto, del Dipartimento di Scienze Biomediche, si è posizionato al 2° posto per la maggior parte delle categorie di valutazione, grazie al suo software "INGA".



Dott. Damiano Piovesan

“Nel solo DNA umano sono codificate oltre 30 mila sequenze proteiche - spiega il prof Tosatto - e una delle principali sfide del settore della bioinformatica è quella di definire la funzione delle proteine a partire dall’analisi della sequenza degli amminoacidi che le compongono. Individuare il ruolo che ogni proteina svolge a livello cellulare ha implicazioni importantissime: significa, per esempio, capire come si sviluppano malattie oncologiche e genetiche rare e quindi sviluppare farmaci per contrastarle. Questa predizione puramente computazionale è uno strumento fondamentale che permette di ottimizzare i tempi e le risorse della ricerca sperimentale e la formulazione di nuove ipotesi”.

L’algoritmo INGA è stato sviluppato dal dott. Damiano Piovesan, da anni parte del gruppo di Tosatto. Il nuovo algoritmo riesce a sfruttare l’informazione codificata nella sequenza proteica e in particolare quelle regioni che fino ad oggi erano rimaste inaccessibili e riconosciute dagli esperti come la “materia oscura” del genoma in quanto caratterizzate da un comportamento estremamente dinamico.

INGA riesce a processare genomi interi e predice in maniera estremamente accurata la funzione di proteine rilevanti per i circuiti di regolazione della cellula umana come quelle coinvolte nel cancro.

Anche il gruppo del prof.

Toppo, Dipartimento di Medicina Molecolare, si è posizionato tra i primi dieci in alcune categorie specifiche. Spicca in particolare il risultato sugli organismi batterici, grazie al contributo del dott. Enrico Lavezzo, esperto microbiologo e bioinformatico. Per lo sviluppo della piattaforma web “Argot” è stato fondamentale il contributo del dott. Paolo Fontana della Fondazione Edmund Mach di San Michele all’Adige (Trento) che fin dalle prime edizioni del CAFA ha contribuito al successo dell’algoritmo.

Il

risultato nella categoria degli organismi batterici premia gli sforzi del gruppo di ricerca volti alla comprensione del funzionamento di specie ancora sconosciute, come i microrganismi di interesse per la salute umana che costituiscono il nostro “microbioma”, ossia la flora batterica residente nel nostro organismo.