

Systems biology nell'era post-genomica: una nuova avventura dei modelli

Gianna Maria Toffolo

Dipartimento di Ingegneria dell'Informazione, Università degli Studi di Padova

In questi ultimi anni, lo sviluppo di tecnologie high-throughput quali sequenziatori, microarray, spettrometria di massa ha reso disponibile una grande quantità di informazioni “-omic” relativi a DNA, RNA, proteine. Sequenze di DNA, strutture proteiche, liste di geni e proteine espresse in un tessuto rappresentano però solo le informazioni di base, in quanto il funzionamento di un particolare organismo dipende da come geni e proteine interagiscono tra loro, in complesse reti di relazioni che, salendo via via nella organizzazione gerarchica, determinano il funzionamento di un organismo a livello di circuiti molecolari, cellule, tessuti, organi. L'obiettivo è ora di arrivare ad una descrizione quantitativa di tali complesse interazioni dinamiche, ai vari livelli di organizzazione, grazie all'impiego di metodi e modelli che in gran parte già appartengono al dominio delle conoscenze della Bioingegneria.

Attraverso una serie di esempi, verranno presentati modelli a complessità diversa - lineari e nonlineari, con un numero variabile da poche unità a centinaia di variabili di stato - e di natura diversa - modelli a equazioni differenziali deterministiche e stocastiche, modelli booleani e reti bayesiane. Diversi sono ovviamente i quesiti ai quali questi modelli cercano di dare una risposta: simulare/inferire la rete di rete di regolazione genica in un certo tessuto a partire da dati statici/dinamici di espressione; individuare la presenza di semplici motivi di regolazione su larga scala, ad es. tra fattori di trascrizione miRNA e geni target; caratterizzare in termini di dinamica e controlli uno specifico pathway; identificare le relazioni probabilistiche tra biomarcatori.