

## Descrizione ed analisi di sistemi biologici in KLAIM.

Candidato: Dario Andrei.

Relatore: Michele Loreti. ([michele.loreti@unifi.it](mailto:michele.loreti@unifi.it))

Durante gli ultimi trent'anni i computer hanno subito un significativo cambiamento: da sistemi indipendenti, che eseguivano programmi autonomamente, si sono evoluti in una grande rete di calcolo dove ogni singolo dispositivo esegue un compito in modo cooperativo e coordinato.

Esistono attività specializzate, che mirano a essere da supporto alla ricerca, che possono trarre beneficio da questa evoluzione. Un esempio di queste attività è la Biologia Computazionale, campo interdisciplinare che applica le tecniche dell'Informatica, della Matematica e della Statistica per destinarle a problemi di natura biologica.

Il principale scopo della Biologia Computazionale è la descrizione, in termini di algebre di calcolo e sistemi di simulazione, delle trasformazioni delle componenti delle cellule e di come queste interagiscano tra loro. Tale disciplina permette ai ricercatori di avere strumenti che, ad esempio, garantiscano l'efficacia o meno di un farmaco prima di passare alla sperimentazione sull'uomo, oppure rintraccino disfunzioni che diano la possibilità di individuare, preventivamente, future complicazioni.

Prima di questa era esistevano, e vengono tutt'ora impiegati, solo due metodi per effettuare esperimenti biologici: all'interno di un organismo vivente (detti esperimenti *in vivo*) o in un ambiente artificiale (chiamati *in vitro*). È possibile affermare che la Biologia Computazionale è in realtà una Biologia *in silicio*, poiché per compiere l'esperimento vengono impiegati microprocessori. Un'ambizione marcata della Biologia Computazionale è quella di tentare di scoprire aspetti che coinvolgono buona parte delle entità in gioco, permettendo lo sviluppo di un comportamento molto più complesso, la cui descrizione teorica è ignota, risultante dall'analisi delle singole entità.

La Biologia Computazionale implica l'uso di simulazioni di sistemi biologici, come sottosistemi cellulari, per analizzare e visualizzare le connessioni di questi complessi processi cellulari.

Per comprendere l'attualità di questi studi, basti pensare soltanto che, ultimamente (20 maggio 2010), l'operato in questo settore ha portato alla progettazione, alla sintesi e alla costruzione di cellule capaci di autoreplicarsi. Questo studio annuncia la creazione della prima cellula batterica artificiale. La cellula è di origine naturale, ma è completamente controllata da un DNA artificiale.

Tramite la realizzazione di una serie di esperimenti *in silicio* viene presentato come sia possibile descrivere e analizzare i sistemi biologici attraverso un'estensione di KLAIM, chiamata BIOKLAIM, appositamente creata per compiere tali studi. I casi di studio riguardano il recettore CB2, presente nelle cellule microglia, e le cellule eccitabili, presenti in numerose funzioni vitali.

Data la natura interdisciplinare dell'argomento trattato, vengono introdotti alcuni concetti biologici, necessari per poter comprendere i modelli che verranno mostrati. Successivamente verrà presentato in modo approfondito il linguaggio BIOKLAIM, spiegando come funziona e che cosa fornisce all'utilizzatore, mostrando tutti i tool di ausilio creati su di esso. Infine saranno illustrati i risultati ottenuti dagli esperimenti *in silicio*, con le dovute considerazioni.