

Padova, 2 agosto 2021

**IIT-Istituto Italiano di Tecnologia: Il progetto PROTEIN ID svilupperà un dispositivo per la carta d'identità delle proteine**

***Finanziato dall'Unione Europea con 3 milioni di euro per i prossimi 3 anni, PROTEIN ID è coordinato dall'IIT-Istituto Italiano di Tecnologia***

Un dispositivo per ottenere la carta di identità delle proteine: è questo l'obiettivo ambizioso del progetto "PROTEIN ID" finanziato dall'Unione Europea con circa 3 milioni di euro per i prossimi 3 anni e coordinato dall'IIT-Istituto Italiano di Tecnologia. Il dispositivo di nuova invenzione sarà in grado di leggere l'impronta digitale delle proteine, rintracciandone l'identità in poco tempo, attraverso la congiunzione di tecniche spettroscopiche, machine learning e sensori in grado di operare a livello nanometrico. Le applicazioni potranno essere nel campo della diagnostica medica, della genomica e dell'individuazione di contaminanti biologici, come per esempio il virus SARS-CoV-2.

PROTEIN-ID è stato finanziato nell'ambito del programma FET di Horizon 2020 dell'Unione Europea che supportava i progetti tecnologici più ambiziosi, oggi diventato EIC Pathfinder. Il consorzio, coordinato da Francesco De Angelis, responsabile del Plasmon Nanotechnologies Lab di IIT, coinvolge 7 partner tra università, istituti di ricerca e aziende. In Italia sono coinvolti anche il Politecnico di Milano e l'Università degli Studi di Padova e la Micro Photon Devices, una compagnia high tech italiana impegnata nella produzione di sensori ad alta velocità.

**«Il ruolo dell'Università di Padova nel progetto è simulare al computer il processo di identificazione della proteina sulla scala atomica, per capirne i meccanismi fondamentali e potere così proporre modifiche per migliorare ulteriormente la sensibilità dello strumento – spiega il prof. Stefano Corni, del Dipartimento di Scienze chimiche dell'Università di Padova -**. A questa scala è cruciale introdurre una descrizione che coinvolga la meccanica quantistica, ma questo complica enormemente i calcoli. Per questo motivo i nostri modelli sono calibrati per introdurre effetti quantistici solo dove indispensabili, rendendo possibile una comprensione del fenomeno che va al di là di quella ottenibile dal solo esperimento».

«Definire con precisione l'identità delle proteine presenti nel corpo umano è un sogno che si potrà avverare anche con il contributo di questo progetto che unisce una squadra veramente speciale di ricercatori – **dice il prof. Michele Maggini, Direttore del Dipartimento di Scienze chimiche dell'Università di Padova -**. Il nostro Dipartimento farà la sua parte per sostenere con entusiasmo il progetto e la sua realizzazione».

Gli obiettivi del progetto PROTEIN-ID si inseriscono nel quadro delle ricerche che la comunità scientifica internazionale sta svolgendo per ottenere un atlante completo delle proteine umane, il proteoma, ma con lo scopo più specifico di identificare quali proteine sono effettivamente presenti – e non solo codificate a livello di genoma – nel corpo umano. Tale conoscenza, infatti, è indispensabile per potere prevedere l'insorgenza di possibili malattie.

Il consorzio di ricerca prevede di realizzare una piattaforma tecnologica in grado di "vedere" i singoli amminoacidi che compongono le proteine e, in base alla loro sequenza, risalire all'identità della proteina. Per il dispositivo sarà sufficiente registrare la sequenza nella catena di solo pochi

amminoacidi, poiché, attraverso l'uso di tecniche di machine learning, la lettura sarà confrontata con il database delle proteine e ne verrà identificata la corrispondenza. Ogni proteina, infatti, è caratterizzata da una precisa combinazione di amminoacidi disposti a catena, a partire da 20 amminoacidi base.

La sensibilità dello strumento sarà garantita dall'uso di tecniche spettroscopiche RAMAN combinate con l'azione di un sensore nanometrico capace di eccitare otticamente i singoli amminoacidi e leggerne la risposta– a tali dimensioni fisiche è necessario usare i plasmoni. Il dispositivo sarà costruito in modo che sia possibile registrare in modo molto veloce e preciso il passaggio di un amminoacido che avviene in un microsecondo. In quel microsecondo l'amminoacido è illuminato dal plasmone e la sua risposta, ovvero il segnale RAMAN, viene registrato. La successione dei diversi segnali di risposta costituisce l'impronta spettroscopica della proteina, da cui è quindi possibile derivare la sua identità.

*Il consorzio di ricerca di PROTEIN-ID è composto da IIT-Istituto Italiano di Tecnologia (coordinatore), Université du Luxembourg, KIT- Karlsruher Institut fuer Technologie, CNRS - Centre National de la Recherche Scientifique, EMBL- European Molecular Biology Laboratory, Politecnico di Milano, Università degli Studi di Padova e Micro photon devices s.r.l.*