



reString: pochi minuti e una manciata di click per analizzare centinaia di migliaia di dati su genoma e proteine

L'Università degli Studi di Milano e il Policlinico di Milano hanno progettato un software gratuito ed open source che permette anche ai ricercatori senza esperienza specifica nella bioinformatica di realizzare complesse analisi sull'espressione genica e proteica. La pubblicazione su [Scientific Reports](#).

Milano, 20 dicembre 2021 - Nella ricerca scientifica ci sono tonnellate di dati da analizzare ogni giorno, ad esempio per capire che impatto possono avere una certa dieta o l'invecchiamento sul rischio cardiovascolare. Un lavoro enorme e noioso, che spesso viene fatto manualmente (con i possibili errori del caso) e che **porta via ai ricercatori giorni preziosi**. Da oggi però può essere **risolto in pochi minuti e in una manciata di click grazie a reString, un software gratuito ed open source realizzato dal Laboratorio di Farmacologia Sperimentale e Biologia Integrata dell'Aterosclerosi dell'Università Statale di Milano, diretto dalla professoressa Giulia Chiesa.**

reString permette anche ai ricercatori senza esperienza nella bioinformatica di **realizzare complesse analisi sul genoma o sulle proteine**, ed è appena stato descritto in un articolo scientifico pubblicato su [Scientific Reports](#) (gruppo Nature).

“Il nostro software – spiega Stefano Manzini, biotecnologo medico e primo firmatario dell’articolo – è in grado di recuperare in modo automatico informazioni e dati utili da enormi banche dati online, in base ai risultati che si stanno ottenendo in laboratorio. È poi in grado di ‘riassumere’ questi dati in modo più immediato e comprensibile, mettendo insieme gli elementi comuni o più ricorrenti in tutte le condizioni sperimentali della ricerca, per quanto numerose possano essere. Questo lavoro è fondamentale per capire, all’interno di centinaia di migliaia di dati, quali siano i più promettenti nello spiegare un dato fenomeno e quindi in quale modo indirizzare ricerche future. Normalmente è un’analisi che viene svolta manualmente nei laboratori che non hanno ricercatori dedicati esperti in bioinformatica, e porta via parecchi giorni preziosi: ora, grazie a reString, può farlo chiunque e in pochi click”.

Nell’articolo pubblicato su *Scientific Reports* i ricercatori della Statale di Milano, con il contributo anche di Lino Grossano, biotecnologo medico del Policlinico di Milano, spiegano nel dettaglio come funziona reString e come poterlo installare sul proprio computer. Inoltre lo mettono alla prova per capire quali ‘tasti genetici’ vengano premuti in diverse condizioni di dieta e di tempo in sistemi biologici con livelli elevati o molto bassi di HDL, il cosiddetto ‘colesterolo buono’. Anziché effettuare una laboriosa ricerca manuale, con il rischio di sbagliare, reString è in grado in pochi minuti di analizzare e di riassumere le informazioni, mostrando ad esempio ai ricercatori come viene attivata la risposta del sistema immunitario, come si comporta il metabolismo e con quali tempistiche, in base alle diverse condizioni sperimentali.

“Il codice del nostro software è aperto e liberamente disponibile a tutti, e funziona sulla maggior parte dei sistemi operativi: i ricercatori con competenze bioinformatiche potranno quindi estenderlo



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

*a piacimento e adattarlo alle loro necessità. Abbiamo anche predisposto un canale diretto con il nostro Laboratorio per poter richiedere l'aggiunta di nuove funzioni. **Grazie a reString, da oggi tutti i ricercatori potranno gestire delle complesse analisi in pochi click, aumentando la loro produttività e arrivando a dei risultati che avrebbero richiesto molto tempo: risultati che, nel peggiore dei casi, sarebbero potuti rimanere sepolti sotto una mole di dati***", conclude Stefano Manzini.