

pianeta hi-tech



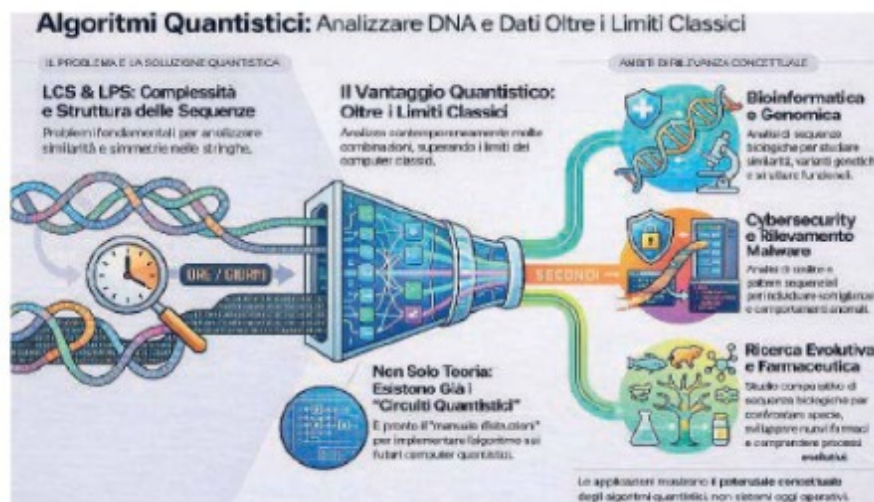
Un algoritmo quantistico siciliano per decifrare il codice della vita

BIOINFORMATICA: DALLA TEORIA AL FUTURO. Gli atenei di Catania e Palermo alleati

Un'importante scoperta nata dalla collaborazione tra le Università di Catania e Palermo segna un passo avanti decisivo verso l'era del computer quantistico. La ricerca, pubblicata sulla prestigiosa rivista *Theoretical Computer Science*, testata scientifica internazionale specializzata sulla ricerca in informatica teorica, presenta un nuovo algoritmo capace di risolvere due sfide storiche di questa disciplina: l'individuazione della "sottostringa comune più lunga" e della "sottostringa palindroma più lunga".

Ma cosa significa concretamente per la nostra vita quotidiana? Sebbene sembrino concetti astratti, questi problemi informatici sono i "motori" che permettono di analizzare le sequenze biologiche. La ricerca consente infatti di trasformare un quesito di "enigmistica matematica" (trovare parole comuni o palindrome) in uno strumento di diagnosi e ricerca avanzata.

Le ricadute pratiche sono enormi. Ad esempio, nell'analisi del DNA e dell'RNA, sarà possibile identificare più agevolmente sequenze ripetute o comuni per mappare il genoma umano e comprendere le mutazioni genetiche. O ancora nella medicina di precisione, dato che potranno essere confrontate proteine e sequenze virali, accelerando la ricerca su nuove terapie e vaccini. E ancora, nella gestione dei Big Data biologici, il calcolo quantistico promet-



te di riuscire a gestire in tempi infinitamente più brevi la mole immensa di dati della vita, molto più rapidamente dei computer tradizionali.

Sono problemi noti da decenni, fondamentali sia dal punto di vista teorico sia per le applicazioni. Ma, a differenza di molti studi puramente teorici, questo lavoro introduce un algoritmo completo nel modello circuitale. In parole semplici: i ricercatori siciliani hanno costruito il "progetto esecutivo" pronto per essere un giorno installato e programmato sui computer quantistici reali, riducendo il divario tra la teoria matematica e l'uso pratico in laboratorio. Quando i computer quantistici saranno dif-

fusi, sarà già disponibile il software pronto per analizzare il nostro DNA in modo istantaneo, aprendo le porte a cure personalizzate e una comprensione profonda delle malattie genetiche.

Il lavoro vede coinvolto un gruppo di ricerca con competenze fortemente complementari. A Catania operano Domenico Cantone, professore ordinario e decano dell'Ateneo, Simone Faro, professore associato e promotore negli ultimi anni di una forte crescita delle attività di ricerca e didattica in ambito quantistico, e Caterina Viola, ricercatrice rientrata a Catania dopo un dottorato in Germania e un periodo di post-dottorato all'Università di Oxford. A Palermo lavora invece

Spoke 10, cofinanziato dall'Unione Europea attraverso il programma NextGenerationEU).

Il risultato conferma inoltre il ruolo centrale degli atenei siciliani come polo d'eccellenza nell'Informatica Quantistica, una delle direttrici strategiche per l'innovazione scientifica e tecnologica del Paese, investendo non solo nella ricerca di frontiera, ma anche nella formazione dei talenti di domani.

Il lavoro recentemente pubblicato rappresenta il punto di arrivo di un percorso di ricerca avviato negli anni precedenti dai ricercatori siciliani. Una prima versione dei risultati era stata presentata nel 2024 dalla dottoressa Arianna Pavone alla conferenza Ictcs di Torino, uno

dei principali appuntamenti nazionali per l'informatica teorica. Quel confronto con la comunità scientifica ha consentito di affinare il contributo, portando alla versione estesa e definitiva oggi riconosciuta a livello internazionale.

«Un algoritmo quantistico - spiega Domenico Cantone -, sfrutta le leggi della meccanica quantistica per elaborare l'informazione in modo radicalmente diverso dai computer classici, grazie a fenomeni come sovrapposizione ed entanglement. Ciò non implica una maggiore velocità in senso assoluto, ma consente, per alcune classi di problemi, una drastica riduzione del numero di operazioni. Il lavoro mostra come tali principi possano essere tradotti in circuiti quantistici concreti».

Il risultato centrale riguarda lo speed-up quantistico: nel caso studiato, il tempo di esecuzione cresce come la radice quadrata della dimensione dell'input, invece che linearmente. Un miglioramento sostanziale, soprattutto per grandi volumi di dati, che rende realistico l'uso di algoritmi quantistici per problemi altrimenti proibitivi.

Secondo Simone Faro questo risultato si inserisce in un cambiamento più ampio del panorama scientifico: «Lo studio degli algoritmi quantistici - osserva - è sempre più integrato nell'informatica teorica e non più confinato alla fisica, come dimostra la crescente presenza di questi temi nelle principali conferenze e riviste di computer science».

L'impatto va oltre l'informatica teorica e tocca settori applicativi cruciali come la bioinformatica. Come sottolinea Pavone, «confrontare sequenze biologiche è fondamentale per l'analisi di DNA, RNA e proteine. Algoritmi più efficienti permettono di individuare più rapidamente regioni comuni o palindromiche, con ricadute dirette in genetica, medicina e biotecnologie».