

Charles Delisi (nato nel 1941) è il Metcalf [professore](#) di Scienza e Ingegneria presso [la Boston University](#), e serviva anche come Decano del Collegio di Ingegneria 1990-2000. Prima di trasferirsi a Boston University, è stato professore e presidente del [Biomathematical Scienze e Professore di Biologia Molecolare](#) presso il [Mount Sinai School of Medicine](#) (1987-1989), Direttore del [United States Department of Energy](#) Salute 's e Programmi di Ricerca Ambientale (1985 -1987), Capo Sezione al [National Institutes of Health](#) (1975-1985), teorico e scienziato del personale Divisione presso [Los Alamos National Laboratory](#) (1972-1975).

Nel 1999 ha avviato la Boston University corso di laurea in [Bioinformatica](#), che ora include circa 120 [studenti](#) e 50 docenti provenienti da tutta l'università.

Delisi è stato uno dei primi sostenitori dell'idea controversa che in biologia cellulare, proprio come nelle scienze fisiche, la formulazione matematica dei concetti potrebbe prevedere i fenomeni che altrimenti non sarebbero evidenti, e potrebbe quindi guidare la ricerca sperimentale in nuove direzioni. L'approccio è visto in una serie di indagini. Nel 1979 la carta ^[11] prevede, diversi anni di anticipo della dimostrazione sperimentale, che il segnale generato quando il fattore di crescita nervosa si lega il suo recettore della membrana plasmatica è trasdotta da dimerizzazione del recettore.

In immunologia, Delisi è stato un forte sostenitore dell'ipotesi controverso che la risposta delle cellule T alla stimolazione antigenica comporta la formazione di un complesso ternario. Previsioni basate sulla formulazione matematica di questa idea, l'ipotesi anfipatiche, ^{[2][3]} dato un forte sostegno per quello che è stato infine dimostrato definitivamente da X-ray crystallography. I metodi matematici, sviluppato inizialmente con Jay Berzofsky, sono stati successivamente ampliato e modificato da molti altri, presagendo l'approccio bioinformatico ora ampiamente utilizzato per guidare la progettazione di vaccini peptidici. ^[4]

Allo stesso tempo, la sezione di Immunologia teorica (STI), che Delisi fondata qualche anno prima al NIH, aveva introdotto l'uso di [algoritmi di apprendimento supervisionato](#) per l'identificazione di regioni funzionali del DNA ^[5] e proteine. ^[6] L' prima banca dati integrando sequenze di DNA e proteine con strumenti analitici ^[7] è stato sviluppato in collaborazione con Minoru Kanehisa, che era allora un Visiting Fellow STI.

Nel 1985, come Direttore del US Department of Energy (DOE) Salute e Programmi di Ricerca Ambientale, Delisi ei suoi consiglieri ha proposto, progettato e difeso prima della [Casa Bianca di Gestione e Bilancio](#) e del Congresso, il [Progetto Genoma Umano](#). La proposta ha creato una tempesta di polemiche, ma è stato incluso nel presidente [Ronald Reagan](#) 's FY 1987 presentazione del bilancio al Congresso, e successivamente passò sia alla Camera che al Senato, la seconda con il supporto essenziale del senatore [Pete Domenici](#) (R, NM).

Nella primavera del 1987, poco prima di lasciare il DOE, Delisi istituito un componente etica studi del Progetto. ^[8] L'obiettivo era quello di mettere da parte il 3-5% dei finanziamenti al fine di coinvolgere le migliori menti in campo umanistico e sociale scienze per sviluppare un corpo di pensiero che avrebbe informato le decisioni sullo sviluppo e la diffusione di tecnologie radicalmente nuove destinate a emergere dal completamento del Progetto. Nel prendere questo passo Delisi è stato probabilmente influenzato dal fatto che stava lavorando per un'agenzia che ha fornito la maggior parte del bilancio fisica nucleare della nazione, e la consapevolezza che le conseguenze del rapido sviluppo di energetici nucleari circa quattro decenni prima, continuano ad affliggere il pianeta.

Oltre ai progressi tecnici e scientifici generati dal Progetto Genoma Umano, e la sua progenie hanno avuto un profondo effetto sulla sociologia e cultura della biologia cellulare. L' [informatica](#) comunità, in particolare, si trasferì con destrezza straordinaria in biologia cellulare, trasformando il

campo e creando un record di scoperta destinata a fornire materiale per una storia straordinaria della sociologia della scienza alla fine 20 e inizio 21 ° secolo. Metodi computazionali e matematici sono ormai generalmente considerato come centrale per i progressi della biologia cellulare, un cambiamento che sta costringendo anche le università più conservatori a rispondere a un nuovo paradigma nel campo dell'istruzione biologici. ^[9]

Per commemorare il significato del [Progetto Genoma Umano](#) , il DOE ha installato una targa in bronzo fuori dalla stanza F-202 nel suo Germantown, Maryland impianto. La targa recita: "DA QUESTA CAMERA Il Progetto Genoma Umano evoluto da un semplice concetto un programma di ricerca RIVOLUZIONARIA ATTRAVERSO LA VISIONE E LA DETERMINAZIONE DEL DR. CHARLES Delisi direttore associato di ricerca ENERGIA PER LA SALUTE E LA RICERCA AMBIENTALE 1985 AL 1987 ".

Delisi è destinatario di numerosi premi tra cui la [Presidential Citizens Medal](#) , assegnato a lui dal presidente [Clinton](#) per il suo ruolo fondamentale nel promuovere il [Progetto Genoma Umano](#) . ^[10]

[[edit](#)] anni prima

Charles Delisi è cresciuto nel Bronx, New York, andando a New York le scuole pubbliche e che vivono con i nonni materni. Ha conseguito una laurea nel 1963 da CCNY e poi continuato la sua carriera educativa alla New York University, dove ha conseguito il dottorato in fisica.

Delisi seguito ha continuato a fare molte realizzazioni in diversi campus universitari differenti così come altrove. Alcuni di questi includono essere un post-dottorato a Yale per tre anni e di essere assunto come Senior Lecturer presso il Dipartimento di Ingegneria e Scienze Applicate.

Bibliografia

1. Delisi, C.: implicazioni fisico-chimica e biologica del recettore clustering. In Delisi, C., e Blumenthal, R. (a cura di): Aspetti chimico fisica degli eventi della superficie delle cellule nel regolamento cellulare. New York, Elsevier, Olanda del Nord, 1979.
2. Delisi, C., e Berzofsky, J. T siti antigenici delle cellule sono strutture anfipatiche, Proc. Nat. Acad. Sci. USA, 82: 7048-7052, 1985.
3. Cornette, J, Berzofsky, J. Margalit H. e Delisi, C. Variazione periodica in polarità della catena laterale di peptidi antigenici cellule T Correlata con la loro struttura e attività, Proc. Nat. Acad. Sci. Stati Uniti d'America, 8368-8372 , 1995.8368-8372 [begin_of_the_skype_highlighting](#) [end_of_the_skype_highlighting](#)
4. W. Martin, A. Bosma, H. Sbai e AS De Groot. L'uso della bioinformatica per l'identificazione di classe I ristrette epitopi delle cellule T. Metodi (Issue Mapping epitopi). Bill Kwok, editor, Metodi 29 (2003) 289-298.
5. Nakata, K., Kanehisa, M., e Delisi, C.: Previsione di Splice giunzioni in m sequenze di RNA, Nucleic Acids Research, 13, 5327-5340, 1985
6. Klein, P., Kanehisa, M. e Delisi, C.: L'individuazione e classificazione delle proteine di membrana Spanning, Biochimica et Biophysica Acta, 815, 468, 1985
7. Kanehisa, M. Klein, P., Sofferenza, P. e Delisi, C.: Analisi del computer e previsione della struttura degli acidi nucleici e proteine. Nucleic Acids Research 12: 417-428, 1984.
8. Robert Cooke-Deegan, Guerre Gene, p 262, WH Norton, New York, 1994
9. C Delisi, un tempo di abbandonare il riccio, la tecnologia del genoma, 2001
10. Notizie Human Genome (Genomics.energy.gov) Vol.11, N ° 3-4, Luglio 2001