

SCIENZA

Neuroblastoma, “il Dna spazzatura può nascondere mutazioni che contribuiscono allo sviluppo”

È il risultato dello studio conseguito dai ricercatori di Ceinge-Biotecnologie avanzate di Napoli, grazie a sofisticate tecniche di sequenziamento genetico applicate a uno dei tumori del sistema nervoso più aggressivi e diffusi tra i bambini

Il cosiddetto Dna ‘spazzatura’ potrebbe celare pericolose mutazioni che contribuiscono allo sviluppo dei tumori. È il risultato conseguito dai ricercatori di Ceinge-Biotecnologie avanzate di Napoli, grazie a sofisticate tecniche di sequenziamento genetico applicate a uno dei tumori del sistema nervoso più aggressivi e diffusi tra i bambini, il neuroblastoma. I risultati, pubblicati sulla rivista Cancer Research, dimostrano che il Dna ‘spazzatura’ (Junk Dna, cioè quello che non contiene le istruzioni per produrre proteine) è tutt’altro che inutile, anzi potrebbe perfino custodire le radici di quei tumori di cui ancora non si sono scoperte le cause genetiche.

Lo studio – come riporta l’Ansa – è stato condotto dal gruppo di Mario Capasso e Achille Iolascon, rispettivamente professore associato e ordinario di Genetica Medica dell’Università di Napoli Federico II, grazie al sostegno di Associazione Italiana per la Ricerca contro il Cancro (Airc), Associazione Oncologia Pediatrica e Neuroblastoma (Open) e Fondazione Italiana per la Lotta al Neuroblastoma. Proprio questo tumore del sistema nervoso periferico è stato esaminato in 151 pazienti: il loro Dna è stato ‘letto’ per intero grazie a metodiche di sequenziamento di ultima generazione (Next Generation Sequencing). Usando poi un nuovo metodo di analisi bioinformatica (sviluppato dal dottorando Vito Alessandro Lasorsa) e i dati pubblici del progetto Encode, i ricercatori sono riusciti a classificare le mutazioni trovate nel Dna ‘spazzatura’ in base al loro contesto genomico.

“Oggi si sa che la porzione del genoma umano ‘Junk’ porta con sé regioni essenziali per la regolazione a distanza della funzione dei geni – spiega Iolascon – Appare chiaro che anche mutazioni in queste regioni del genoma possono avere un peso nello sviluppo del cancro”.

“Questo lavoro aggiunge un importante tassello alla conoscenza del Dna ‘spazzatura’, che alla luce di questi nuovi risultati, sembra tutt’altro che un elemento inutile e da buttare, ma un nuovo terreno da esplorare”, aggiunge Capasso. “Un altro aspetto rilevante di questo studio è che l’innovativo metodo di analisi del Dna utilizzato può essere applicato ad altri tipi di cancro e può quindi incrementare le conoscenze delle cause che sono alla base di questa devastante malattia. Inoltre, nuove ricerche potranno, sulla base di questi risultati, sviluppare terapie nuove, più mirate e meno invasive per quei pazienti affetti dagli stadi più aggressivi e resistenti alle terapie classiche”.

<https://www.ilfattoquotidiano.it/2019/12/10/neuroblastoma-il-dna-spazzatura-puon- nascondere-mutazioni-che-contribuiscono-allo-sviluppo/5606735/>



Neuroblastoma, “il Dna spazzatura può nascondere mutazioni che contribuiscono allo sviluppo”

È il risultato dello studio conseguito dai ricercatori di Ceinge-Biotecnologie avanzate di Napoli, grazie a sofisticate tecniche di sequenziamento genetico applicate a uno dei tumori del sistema nervoso più aggressivi e diffusi tra i bambini

Il cosiddetto Dna ‘spazzatura’ potrebbe celare pericolose mutazioni che contribuiscono allo sviluppo dei tumori. È il risultato conseguito dai ricercatori di Ceinge-Biotecnologie avanzate di Napoli, grazie a sofisticate tecniche di sequenziamento genetico applicate a uno dei tumori del sistema nervoso più aggressivi e diffusi tra i bambini, il neuroblastoma. I risultati, pubblicati sulla rivista Cancer Research, dimostrano che il Dna ‘spazzatura’ (Junk Dna, cioè quello che non contiene le istruzioni per produrre proteine) è tutt’altro che inutile, anzi potrebbe perfino custodire le radici di quei tumori di cui ancora non si sono scoperte le cause genetiche.

Lo studio – come riporta l’Ansa – è stato condotto dal gruppo di Mario Capasso e Achille Iolascon, rispettivamente professore associato e ordinario di Genetica Medica dell’Università di Napoli Federico II, grazie al sostegno di Associazione Italiana per la Ricerca contro il Cancro (Airc), Associazione Oncologia Pediatrica e Neuroblastoma (Open) e Fondazione Italiana per la Lotta al Neuroblastoma. Proprio questo tumore del sistema nervoso periferico è stato esaminato in 151 pazienti: il loro Dna è stato ‘letto’ per intero grazie a metodiche di sequenziamento di ultima generazione (Next Generation Sequencing). Usando poi un nuovo metodo di analisi bioinformatica (sviluppato dal dottorando Vito Alessandro