

Il DNA spazzatura può provocare il cancro

Nella genetica, come in ogni terreno poco esplorato, la capacità di guardare il mondo con occhi differenti può essere tutto. Lo dimostra quanto scoperto dai ricercatori del CEINGE-Biotecnologie avanzate di Napoli, che hanno voluto rivedere il ruolo del DNA spazzatura e che, proprio grazie a questa perseveranza, hanno fatto una scoperta molto importante. Grazie all'utilizzo delle tecnologie di sequenziamento più avanzate, hanno scoperto che il "DNA spazzatura" è tutt'altro che "inutile" e che, al contrario, sono rintracciabili in esso elementi che causano il cancro. Il "DNA spazzatura", *Junk DNA*, è quella porzione del genoma che, sino a ieri, non aveva un ruolo funzionale nelle attività biologiche della cellula. Sequenze dette anche noncoding DNA, che costituiscono circa il 99% del genoma umano e che sono oggi un terreno poco esplorato per la sua presunta inutilità.

MUTAZIONI

In particolare, il gruppo di ricerca di Mario Capasso e Achille Iolascon, Principal Investigator del CEINGE e rispettivamente, professore associato e ordinario di Genetica Medica dell'Università degli Studi di Napoli Federico II, ha preso in esame 151 casi di neuroblastoma, uno dei tumori del sistema nervoso periferico più aggressivi e diffusi, che colpisce i bambini nei primi anni di vita. Li hanno analizzati con metodiche di sequenziamento di ultima generazione (Next Generation Sequencing) e hanno scoperto che nel *Junk DNA* sono presenti mutazioni che possono partecipare allo sviluppo di un tumore. La ricerca, di considerevole portata, sia in termini di quantità di casi analizzati (151 pazienti affetti da neuroblastoma), sia per la complessità stessa dell'indagine (è stato realizzato il sequenziamento avanzato dell'intero genoma dei 151 pazienti), è stata pubblicata su una delle più autorevoli riviste scientifiche internazionali, la *Cancer Research* della American Association for Cancer Research.

ENCODE

Il sorprendente risultato è stato ottenuto anche grazie al lavoro di Vito Alessandro Lasorsa, dottorando di Ricerca dell'Università degli Studi di Napoli Federico II, che ha sviluppato un metodo di analisi bioinformatica in cui le mutazioni del DNA non codificante sono state classificate in base al loro contesto genomico. I ricercatori hanno utilizzato dati provenienti dal sequenziamento avanzato dell'intero genoma di 151 pazienti affetti da neuroblastoma e dati pubblici del progetto ENCODE, che sono serviti a "contestualizzare" le mutazioni trovate nel DNA "spazzatura" «Negli ultimi anni, lo sviluppo e la diffusione di metodi di sequenziamento massivo del DNA, definiti "Next Generation Sequencing" – spiega Achille Iolascon – ha portato ad avanzamenti enormi sia in ambito diagnostico, che di ricerca. Anzi, queste tecniche hanno cambiato il modo di pensare di ricercatori e clinici. La ricerca di mutazioni del DNA è, quindi, diventata più immediata, ma sempre non semplice. Oggi si sa che la porzione del genoma umano *Junk* porta con sé regioni essenziali per la regolazione a distanza della funzione dei geni. Appare chiaro che anche mutazioni in queste regioni del genoma possono avere un peso nello sviluppo del cancro». Il tipo di ricerca svolto dai ricercatori del CEINGE ha costi molto elevati ed è stato possibile realizzarlo grazie ai finanziamenti delle associazioni di beneficenza. Con il sostegno dell'Associazione Italiana per la Ricerca contro il Cancro (AIRC), dell'Associazione Oncologia Pediatrica e Neuroblastoma (OPEN) e della Fondazione Italiana per la Lotta al Neuroblastoma, il gruppo di Capasso e Iolascon riesce a portare avanti la propria attività e a dare una speranza di vita ai bambini malati di cancro.

<https://prevenzione-salute.it/35612/genetica-scoperto-il-ruolo-del-dna-spazzatura.html>

PreSa

#promuoviamosalute

