

Capasso: “Nel profilo genetico armi contro le leucemie infantili”

Di Giuseppe Del Bello

“L’obiettivo è identificare mutazioni del Dna che possano diventare nuovi bersagli terapeutici. Con avanzate tecnologie, abbiamo analizzato migliaia di geni”

La ricerca oncologica pediatrica ha messo a fuoco ulteriori dettagli interpretativi su alcuni tumori infantili. Lo ha fatto avvalendosi del finanziamento della Fondazione Open. Il progetto, che si chiama Editor ed è stato sviluppato con il “Ceinge – Biotecnologie Avanzate Franco Salvatore” con la Federico II e il sostegno di Buonissimi, si è concentrato sulla predisposizione genetica nelle leucemie linfoblastiche acute (LLA) pediatriche. Lo studio che ne consegue è in via di pubblicazione. Dei risultati di tre anni di attività parla Mario Capasso, il principal investigator del Ceinge che ha coordinato il progetto con Achille Iolascon: «In Italia si registrano circa 400 nuovi casi all’anno di questo tipo di leucemia tra 0 e 17 anni. Di questi, la variante di tipo B è in assoluto la più comune, rappresentando l’85 per cento del totale (circa 340 bambini)».

Professor Capasso, quali le modalità di ricerca?

«Attraverso tecnologie di sequenziamento di nuova generazione abbiamo analizzato circa 800 campioni biologici grazie a una rete multidisciplinare di collaborazione tra centri italiani e internazionali».

Cosa è emerso dai primi risultati?

«L’accuratezza dei dati raccolti ci consente di comprendere meglio i meccanismi genetici alla base di questi tumori. Insieme al professor Gianni Cazzaniga dell’università Milano-Bicocca abbiamo unito competenze diverse con un obiettivo comune: identificare mutazioni genetiche che possano diventare nuovi bersagli terapeutici. Lo studio ha potuto contare su una delle casistiche più ampie a livello nazionale. Sfruttando avanzate tecnologie, i nostri ricercatori hanno analizzato contemporaneamente migliaia di geni. Le complesse analisi bioinformatiche eseguite da Ferdinando Bonfiglio e Giampiero Pirozzi, hanno portato a una scoperta di grande rilievo».

Quale?

«Che il 12,3 per cento di bambini analizzati è risultato portatore di varianti patogeniche in geni già noti per la predisposizione al cancro. Poi, una delle alterazioni più frequenti colpisce il gene CHEK2, quello che funge da “freno” naturale contro la moltiplicazione incontrollata delle cellule. Quando questo scudo genetico è difettoso, la vulnerabilità del bambino allo sviluppo e all’aggressività della malattia aumenta drasticamente».

Potrebbe cambiare lo scenario terapeutico.

«I pazienti con queste varianti sembrano rispondere meno efficacemente alla chemioterapia standard e presentano un rischio fino a quattro volte più alto di recidiva nel sistema nervoso centrale. I risultati segnano un passo avanti cruciale verso la medicina di precisione: conoscere fin dalla diagnosi il profilo genetico permetterà ai medici di strutturare consulenze mirate e, soprattutto, disegnare strategie terapeutiche su misura».

©RIPRODUZIONE RISERVATA

https://napoli.repubblica.it/cronaca/2026/06/23/news/capasso_nel_profilo_genetico_armi_contro_le_leucemie_infantili-425428700/

The screenshot shows a news article from the 'la Repubblica Napoli' website. The article is titled 'Capasso: “Nel profilo genetico armi contro le leucemie infantili”' and is written by Giuseppe Del Bello. The article discusses the research of Professor Mario Capasso on pediatric leukemia, focusing on genetic mutations and the development of targeted therapies. It mentions that the research is part of the 'Ceinge' project, funded by the Italian government and the University of Milan-Bicocca. The article also highlights the importance of genetic profiling in understanding the disease and developing personalized treatments.

Capasso: “Nel profilo genetico armi contro le leucemie infantili”
di Giuseppe Del Bello

“L’obiettivo è identificare mutazioni del Dna che possano diventare nuovi bersagli terapeutici. Con avanzate tecnologie, abbiamo analizzato migliaia di geni”

23 GIUGNO 2026 AGGIORNATO 24 GIUGNO 2026 ALLE 10:45

La ricerca oncologica pediatrica ha messo a fuoco ulteriori dettagli interpretativi su alcuni tumori infantili. Lo ha fatto avvalendosi del finanziamento della Fondazione Open. Il progetto, che si chiama Editor ed è stato sviluppato con il “Ceinge- Biotecnologie Avanzate Franco Salvatore” con la Federico II e il sostegno di Buonissimi, si è concentrato sulla predisposizione genetica nelle leucemie linfoblastiche acute (LLA) pediatriche. Lo studio che ne consegue è in via di pubblicazione. Dei risultati di tre anni di attività parla Mario Capasso, il principal investigator del Ceinge che ha coordinato il progetto con Achille Iolascon: «In Italia si registrano circa 400 nuovi casi all’anno di questo tipo di leucemia tra 0 e 17 anni. Di questi, la variante di tipo B è in assoluto la più comune, rappresentando l’85 per cento del totale (circa 340 bambini).

Professor Capasso, quali le modalità di ricerca?

«Attraverso tecnologie di sequenziamento di nuova generazione abbiamo analizzato circa 800 campioni biologici grazie a una rete multidisciplinare di collaborazione tra centri italiani e internazionali».

Cosa è emerso dai primi risultati?

«L’accuratezza dei dati raccolti ci consente di comprendere meglio i meccanismi genetici alla base di questi tumori. Insieme al professor Gianni Cazzaniga dell’università Milano-Bicocca abbiamo unito competenze diverse con un obiettivo comune: identificare mutazioni genetiche che possano diventare nuovi bersagli terapeutici. Lo studio ha potuto contare su una delle casistiche più ampie a livello nazionale. Sfruttando avanzate tecnologie, i nostri ricercatori hanno analizzato contemporaneamente migliaia di geni. Le complesse analisi bioinformatiche eseguite da Ferdinando Bonfiglio e Giampaolo Pirozzi, hanno portato a una scoperta di grande rilievo».

Quale?

«Che il 12,3 per cento di bambini analizzati è risultato portatore di varianti patogeniche in geni già noti per la predisposizione al cancro. Poi, una delle alterazioni più frequenti colpisce il gene CHEK2, quello che funge da “freno” naturale contro la moltiplicazione incontrollata delle cellule. Quando questo scudo genetico è difettoso, la vulnerabilità del bambino allo sviluppo e all’aggressività della malattia aumenta drasticamente».

Potrebbe cambiare lo scenario terapeutico.

«I pazienti con queste varianti sembrano rispondere meno efficacemente alla chemioterapia standard e presentano un rischio fino a quattro volte più alto di recidiva nel sistema nervoso centrale. I risultati segnano un passo avanti cruciale verso la medicina di precisione: conoscere fin dalla diagnosi il profilo genetico permetterà ai