



Il genoma del cancro

Data 09 aprile 2018
Categoria Clinica

NIH: analisi genomica approfondita su 33 tipi di cancro

I National Institutes of Health (NIH) comunicano che è stato completato il PanCancer Atlas, un'analisi genomica dettagliata, finanziata dagli stessi NIH, su un set di dati di informazioni molecolari e cliniche provenienti da oltre 10.000 casi di tumore analizzati, che rappresentano 33 tipi di cancro.

“Questo progetto è il culmine di oltre un decennio di lavoro pionieristico”, ha affermato Francis S. Collins, Direttore del NIH. “Questa analisi fornisce ai ricercatori oncologici una comprensione senza precedenti di come, dove e perché i tumori insorgono negli esseri umani, consentendo studi clinici e trattamenti futuri più mirati”.

I risultati del PanCancer Atlas, descritti in una raccolta di 27 articoli pubblicati su diverse riviste, riassumono il lavoro svolto dal The Cancer Genome Atlas (TCGA), una collaborazione multicentrica avviata e supportata dal National Human Genome Research Institute (NHGRI) e dal National Cancer Institute (NCI), entrambi membri dei NIH. Al programma, finanziato con oltre 300 milioni di dollari, hanno partecipato più di 150 ricercatori.

Il progetto si è concentrato non solo sul sequenziamento del genoma del cancro, ma anche su diversi tipi di analisi dei dati, come lo studio dei profili di espressione genica e proteica e l'associazione con dati clinici e di imaging.

Cellula di origine, processi oncogeni e vie oncogeniche sono le tre principali categorie analizzate, per ciascuna delle quali è stato redatto un documento che riassume i risultati conseguiti.

Nel primo documento, gli autori riassumono i risultati di una serie di analisi che hanno utilizzato il clustering molecolare, una tecnica che raggruppa i tumori mediante parametri come geni espressi, anomalie cromosomiche e modifiche del DNA. I risultati suggeriscono che i diversi tipi di tumore possono raggrupparsi in base alle loro possibili cellule di origine, consentendo di aumentare la comprensione di come il tessuto tumorale di origine influenzi le caratteristiche del tumore e che potrebbe portare a trattamenti più specifici per diversi tipi di cancro.

Il secondo documento presenta un'ampia panoramica dei risultati del TCGA sui processi che portano allo sviluppo e alla progressione del cancro. Nello specifico, gli autori hanno notato come emergano tre processi oncogeni critici: mutazioni, sia germinali (ereditarie) che somatiche (acquisite); influenza del genoma e dell'epigenoma del tumore sull'espressione genica e proteica; interazione tra tumore e cellule immunitarie.

L'ultimo documento, invece, contiene i risultati delle indagini sulle alterazioni genomiche nelle vie di segnalazione che controllano la progressione del ciclo cellulare, rivelando le analogie e le differenze in questi processi per una vasta gamma di tumori.

L'intera raccolta di documenti del PanCancer Atlas è disponibile sul portale su [cell.com](http://www.cell.com):

<http://www.cell-symposia.com/tcga-2018/>