Scritto da Red.
Martedì 28 Febbraio 2023 15:06



ARIANO IRPINO – È di Antonio De Falco, ricercatore nel laboratorio di Bioinformatica del centro di ricerca irpino, la prima firma di una ricerca, appena pubblicata dalla rivista internazionale ‘Nature Communications’, sulla caratterizzazione della composizione del microambiente tumorale e sullo studio dell'eterogeneità tumorale ad alta risoluzione.

Nell’articolo si descrive, in particolare, un nuovo algoritmo, *Single Cell Variational Aneuploidy aNalysis (Scevan)* , sviluppato per ottimizzare la deconvoluzione della struttura subclonale del tumore, a partire da dati Rna-seq a singola cellula. ‘’Tale algoritmo – chiarisce Antonio De Falco - permette automaticamente di riconoscere le cellule non maligne del microambiente tumorale ed è in grado di classificare le alterazioni genomiche per ciascuna cellula’’. ‘’In pratica – continua De Falco – in seguito alla separazione delle cellule non maligne del microambiente tumorale da quelle maligne, l'algoritmo ricava automaticamente il profilo del numero di copie delle cellule maligne, identifica le strutture sub-clonali e analizza le alterazioni e le caratteristiche specifiche di ciascuna sottopopolazione’’.

I ricercatori dell’istituto irpino hanno applicato l’algoritmo a 106 campioni tumorali, per un totale di oltre 90mila cellule, in modo da poter studiare i processi di evoluzione e diffusione dei tumori celebrali, con un’altissima risoluzione. L’algoritmo, applicabile a tutti i tipi di tumore e già utilizzato da diversi laboratori in ambito internazionale, ha quindi permesso di scoprire le alterazioni specifiche acquisite dalle cellule alla periferia del tumore.

“L’eterogeneità tumorale, cioè l’insieme delle differenze fra i vari tipi di cellula tumorale e le

interazioni fra le cellule maligne e quelle circostanti (chiamate microambiente) è alla base della resistenza alle terapie e spesso induce la re-insorgenza del tumore''. A spiegarlo è il professore Michele Ceccarelli, responsabile del laboratorio di Bioinformatica e vice-direttore scientifico di Biogem, secondo il quale –"i risultati ottenuti dimostrano che l'algoritmo Scevan rappresenta uno strumento valido e veloce per studiare l'eterogeneità intratumorale e l'evoluzione clonale del cancro, e il nostro metodo permette di analizzare, in modo rapido ed uniforme, una quantità elevata di campioni con alta accuratezza''.

''Un aspetto fondamentale – assicura infine Ceccarelli – soprattutto nell'ambito dei Big Data, caratterizzato da un incremento esponenziale di dati da analizzare''.

È possibile leggere l'articolo al seguente indirizzo: https://t.co/lH6gnUp6df