



La nuova metodica, messa a punto all'AOU Meyer IRCCS, consentirà una diagnosi più accurata e terapie più mirate



Firenze, 6 agosto 2024 - Il Meyer, unico in Toscana e tra i pochissimi in Italia, mette a punto una complessa e raffinata metodica molecolare che consente di identificare i tumori del sistema nervoso centrale e non solo. Grazie a un lavoro di squadra che ha visto coinvolti la dott.ssa Laura Giunti (Neuro Oncologia), la dott.ssa Anna Maria Buccoliero (Anatomia Patologica), il dott. Iacopo Sardi (Neuro Oncologia) e il dott. Lorenzo Genitori (Neurochirurgia), l'AOU Meyer IRCCS è adesso in grado di valutare il profilo di metilazione (metiloma) delle patologie oncologiche che colpiscono, spesso in modo aggressivo, anche i bambini.

Grazie a un ingente investimento tecnologico e alla competenza dei suoi operatori, l'ospedale Meyer si allinea così ai migliori standard mondiali per la diagnosi e conseguentemente per la terapia di questi tumori rari e ancora poco conosciuti. La metodica introdotta richiede infatti personale altamente specializzato in ambito biomolecolare e bioinformatico e l'impiego di sofisticate attrezzature di nuova generazione e di complessi algoritmi informatici.

Come funziona



La metodica rileva la presenza di gruppi metilici in particolari regioni del DNA chiamate isole di metilazione. La metilazione di queste regioni genomiche regola l'espressione genica vale a dire lo stato "acceso" o "spento" dei singoli geni.

È noto che ogni tumore ha un proprio specifico profilo di metilazione che lo distingue da tutti gli altri tumori, pertanto l'analisi dello stato di metilazione del suo DNA fornisce informazioni utili e in qualche caso indispensabili ai fini diagnostici, prognostici e predittivi.

L'iter sperimentale parte dall'estrazione del DNA da un piccolo frammento tumorale asportato chirurgicamente e si conclude con il confronto del profilo di metilazione del tumore in esame con quello di un grande numero di tumori di riferimento al fine di trovare la precisa corrispondenza diagnostica.

L'introduzione di questa analisi è particolarmente utile per la diagnosi dei tumori con numerosi sottotipi molecolari la cui precisa classificazione ha importanti ricadute prognostico-terapeutiche o in quei casi di tumori in cui le tradizionali metodiche di diagnostica anatomico-patologica si rivelano non conclusive per una precisa ed accurata definizione diagnostica.

Attraverso l'analisi del profilo di metilazione è possibile inoltre identificare aberrazioni cromosomiche che aiutano i medici nella scelta del più efficace e personalizzato trattamento farmacologico post-chirurgico.

Non per ultimo, tale metodica renderà possibile riconoscere e classificare nuove entità tumorali che allo stato attuale delle conoscenze non trovano una corrispondenza diagnostica tra i tumori noti.

Lo studio del profilo di metilazione non ha solo valenza diagnostica, prognostica e terapeutica ma rappresenta anche un utile strumento per la ricerca scientifica. Questa metodica verrà impiegata per aumentare le nostre conoscenze in un ambito oncologico ancora molto poco esplorato e per ottenere nuove correlazioni diagnostico-terapeutiche utili per migliorare la cura dei tumori del sistema nervoso centrale.