

IL CANCRO È FRAGILE

*Uno studio IEO pubblicato su "Cancer Discovery" rivela che il tumore cresce per effetto della deregolazione di più di 50 geni e può quindi essere attaccato su più fronti.
Spiegata l'inefficacia di molte terapie molecolari.
I farmaci del futuro saranno multitarget e su misura.*

Milano, 9 giugno 2016 - Una ricerca dell'Istituto europeo di Oncologia, sostenuta dall'Associazione Italiana per la Ricerca sul Cancro e dal Ministero della Salute, segna un passo avanti concreto verso nuovi farmaci anticancro. I risultati sono appena stati pubblicati sulla rivista *Cancer Discovery*. Luisa Lanfrancone, Direttore dell'Unità di ricerca IEO "Target identification and validation", insieme ai ricercatori della sua équipe Daniela Bossi e Angelo Cicalese, hanno scoperto, studiando casi di melanoma metastatico, che sono circa 50 i geni responsabili della crescita di ciascun tumore, e che per la maggior parte sono specifici del paziente.

«Questa è un'ottima notizia per i pazienti - commenta Lanfrancone - perché significa che il **cancro è più fragile e attaccabile** di quanto abbiamo finora ipotizzato. È più fragile perché i geni da cui dipende la sua crescita sono più numerosi di quanto pensassimo. È più attaccabile perché è sufficiente eliminarne uno solo per bloccarne la crescita».

«La **seconda buona notizia** - continua Lanfrancone - è che si aprono **nuove prospettive per le terapie** antitumorali. Abbiamo infatti scoperto un nuovo gruppo di geni importanti per la crescita del tumore, molto numerosi, specifici di ogni singolo paziente e soprattutto **non "mutati"**, a differenza di ciò che si è sempre pensato. Fino ad ora la ricerca si è concentrata sull'identificazione dei geni che hanno subito una mutazione, dando così origine al processo di formazione del tumore, e sulla costruzione di farmaci molecolari in grado di correggerla. Le terapie personalizzate di cui oggi facciamo uso sono infatti dirette contro geni mutati nei tumori: ogni tumore ha la sua specifica mutazione e quindi il suo specifico farmaco. Invece i geni che abbiamo identificato con il nostro screening *in vivo* non sono mutati: sono parte di percorsi molecolari finemente regolati all'interno delle cellule, la cui **deregolazione contribuisce allo sviluppo del tumore**. Per alcuni di questi geni già esistono farmaci specifici».

I ricercatori IEO hanno utilizzato una piattaforma di "screening in vivo", in altre parole hanno studiato il comportamento e l'evoluzione di cellule di melanoma avanzato del paziente, trapiantate in animali di laboratorio. Agendo su questi tumori indotti hanno disattivato un **gruppo di 236 geni** regolatori della cromatina, già noti per avere un ruolo nel cancro, selezionati in base alla cosiddetta "druggability", vale a dire la possibilità di trovare farmaci molecolari in grado di **bloccharli o interferire con la loro funzione**.

«Studiando l'effetto dello spegnimento di ogni singolo gene – spiega ancora Lanfrancone - abbiamo identificato quelli che hanno un ruolo nella crescita del tumore *in vivo* nell'animale, trovando che ciascun gene è deregolato in modo diverso da paziente a paziente. È stato un lavoro molto impegnativo, durato quattro anni. Da domani – conclude - inizieremo **nuovi screening** con altri gruppi di geni per identificare quelli

essenziali e potenzialmente attaccabili dai farmaci nel melanoma e in altri tumori, a partire da quello della mammella. Vorremmo anche mettere a punto dei semplici test che consentano di traslare *in vitro* la piattaforma di screening con le cellule del paziente, in modo da identificare ancora più rapidamente i geni essenziali per la crescita tumorale e verificare la loro sensibilità ai farmaci».

Per informazioni, ufficio stampa:

Donata Francese donata.francese@dfpress.it

Francesca Massimino francesca.massimino@dfpress.it

02 89075019 – 335 6150331 – 339 5822332