



*A perfezionare la piattaforma, il Working Group Sarcomi che per questo studio specifico si è avvalso del coordinamento scientifico dell'IFO-Istituto Nazionale Tumori Regina Elena di Roma (IRE) e del Centro di Riferimento Oncologico di Aviano (CRO). Le risultanze del lavoro sono state pubblicate sulla rivista *Frontiers Oncology**



Roma,
27 aprile 2020 - C'è uno strumento nuovo in oncologia per il corretto inquadramento diagnostico dei sarcomi ed il miglioramento terapeutico complessivo: è la piattaforma condivisa tra i laboratori degli IRCCS che aderiscono ad Alleanza Contro il Cancro - la Rete Oncologica Nazionale fondata dal Ministero della Salute - creata per identificare, mediante approcci di sequenziamento del genoma di ultima generazione (NGS), alterazioni la cui individuazione risulta fondamentale per il corretto inquadramento della patologia.

A
perfezionarla, il Working Group Sarcomi che per questo studio specifico si è avvalso del coordinamento scientifico dell'IFO-Istituto Nazionale Tumori Regina

Elena di Roma (IRE) e del Centro di Riferimento Oncologico di Aviano (CRO). Le risultanze del lavoro sono state pubblicate sulla rivista *Frontiers Oncology*.

“I sarcomi sono un gruppo di tumori rari particolarmente aggressivo che colpisce le cellule costituenti il tessuto connettivo (ossa, muscoli, nervi, vasi sanguigni, tessuto adiposo e tendini) la cui prognosi può risultare piuttosto severa - spiegano Roberta Maestro e Rita Falcioni, che hanno coordinato lo studio - I sarcomi nel loro complesso costituiscono un gruppo molto eterogeneo costituito da oltre 60 tipi tumorali diversi. Ecco che effettuare una diagnosi accurata per pianificare il trattamento terapeutico più adeguato è fondamentale, ma spesso richiede l’impiego di indagini molecolari complesse, laboriose e non alla portata di tutti i laboratori”.

Di qui l’impegno concreto di Alleanza Contro il Cancro che ha messo a punto la piattaforma che identifica rapidamente anomalie genetiche presenti in un terzo circa dei sarcomi. “Sono irregolarità chiamate traslocazioni cromosomiche - aggiungono - che provocano lo spostamento di pezzi di cromosoma dalla loro sede in altre dando di fatto origine a dei cromosomi anomali. Ciò porta alla formazione di geni ibridi, detti di fusione, che non hanno corrispondenza in cellule normali ma che sono esclusivi di quella tumorale”.

Essendo i geni di fusione differenti nelle varie tipologie di sarcoma, l’importanza della loro identificazione nella classificazione delle varianti diagnostiche, è di fondamentale importanza perché da una diagnosi accurata dipende l’efficacia del trattamento terapeutico.

Hanno partecipato al lavoro: Unità di Oncogenetica e Oncogenomica Funzionale, IRCCS Centro di Riferimento Oncologico di Aviano (CRO), Aviano; Dipt. di Ricerca, Diagnosi e Tecnologia Avanzata, IRCCS Istituto Nazionale Tumori Regina Elena, Roma; Dipt. di Onco-Ematologia e Unità di Terapia Cellulare e Genica, IRCCS Ospedale Bambino Gesù, Roma; Dipt. di Patologia, IRCCS Istituto Nazionale Tumori, Milano; Lab. Di Ricerca Oncologica Avanzata, IRCCS Istituto di Oncologia Veneto, Padova; Div. Di Oncologia Medica, FPO-IRCCS Istituto per la Ricerca sul Cancro, Candiolo; Lab. Di Oncologia Sperimentale,

IRCCS Istituto Ortopedico Rizzoli, Bologna; Centro di Osteoncologia e Tumori Rari, IRCCS Istituto Oncologico Romagnolo per lo Studio e la Cura dei Tumori, Meldola; Dipt. di Oncologia Sperimentale, IRCCS Istituto Nazionale Tumori Fondazione “G. Pascale”, Napoli; Dipt. di Patologia, Azienda Ospedaliera Universitaria di Padova, Padova.