

*Studio collaborativo europeo su EBiomedicine, guidato dall'Università di Firenze, ha raccolto e analizzato in pazienti affetti dalla patologia più di 240 milioni di sequenze del recettore dei linfociti T, molecola cardine del nostro sistema immunitario*



Firenze, 12 giugno 2021 - I big data nella medicina sono una delle nuove frontiere della scienza, che possono far compiere importanti passi avanti nella conoscenza e cura delle malattie, anche quelle di causa sconosciuta, come la sclerosi multipla.

Questo tipo di approccio è stato seguito nel recente studio europeo guidato dall'Università di Firenze e pubblicato su *EBiomedicine* (edito da The Lancet), che ha coinvolto e condiviso un'enorme mole di dati molecolari con gruppi di ricerca francesi, inglesi, norvegesi e italiani ("TCR repertoire diversity in Multiple Sclerosis: high-dimensional bioinformatics analysis of sequences from brain, cerebrospinal fluid and peripheral blood" <https://doi.org/10.1016/j.ebiom.2021.103429>).



*Prof.ssa Clara Ballerini*

“Un ruolo fondamentale nella sclerosi multipla, malattia cronica infiammatoria del sistema nervoso centrale a base autoimmune - spiega il contesto Clara Ballerini, docente di Patologia generale all'Ateneo fiorentino e coordinatrice del lavoro insieme ad Andreas Lossius dell'Università di Oslo - è svolto dai linfociti T autoreattivi che, filtrati dalla barriera ematoencefalica, circolano fra sangue periferico, liquido cefalorachidiano e cervello, luogo dove nella patologia orchestrano e determinano il danno al tessuto nervoso”.

La scienza medica attuale è cosciente che i linfociti T di un organismo, grazie allo sviluppo delle tecniche di sequenziamento, possono essere studiati tramite l'assetto molecolare del loro recettore (recettore dei linfociti T o TCR), molecola altamente variabile e pilastro della nostra capacità di difesa da molteplici patogeni, anche sconosciuti. Ad oggi lo studio di questo recettore, presente in ciascuno di noi con più di un miliardo di molecole diverse (in media), si è scontrato con un limite: i pochi campioni analizzati nei singoli studi condotti su liquido cefalorachidiano e l'assenza di una analisi statistica condivisa.

“A questo problema ovvia il nostro studio su EBiomedicine - afferma Ballerini, che è stata coadiuvata in primo luogo da Roberta Amoriello, giovane post-doc del laboratorio di Neuroimmunologia del dipartimento fiorentino di Medicina Sperimentale e Clinica - Abbiamo realizzato una collaborazione con più laboratori europei, che ci ha permesso di costruire un unico database con più di 240 milioni di sequenze, discusse e analizzate insieme a un gruppo di bioinformatici dell'Università di Oslo, creando un ponte fra il dato molecolare, la funzione biologica del recettore e la malattia”.

“La nostra analisi, a cui ha contribuito la Fondazione Italiana Sclerosi Multipla (FISM), ha fornito una caratterizzazione completa delle diverse dimensioni che costituiscono il repertorio TCR nella Sclerosi Multipla e della variabilità di queste dimensioni nei tessuti studiati, suggerendo una strada anche per gli

studi futuri”, conclude Ballerini.

Al lavoro, fra gli altri, hanno contribuito anche il dipartimento fiorentino di Neuroscienze, Psicologia, Area del Farmaco e Salute del Bambino (Neurofarba) e l’Azienda ospedaliero universitaria Careggi.