

***Primo Piano - Resolve: nuovo approccio per svelare le origini delle mutazioni nel cancro conferma sinergia tra informatica e medicina***

**Milano - 08 ago 2025 (Prima Pagina News) Un gruppo di ricerca multidisciplinare e interateneo ha sviluppato un nuovo metodo per affinare prognosi, diagnosi e terapie delle diverse tipologie di cancro.**

Affinare la nostra comprensione sui meccanismi evolutivi dei diversi tipi di cancro, per raggiungere diagnosi e terapie sempre più mirate. Un importante passo avanti, è costituito dal nuovo metodo Resolve, basato sullo studio delle "firme mutazionali", cioè schemi ricorrenti di mutazioni nel DNA che raccontano la storia dei danni subiti dalle cellule tumorali e aiutano a identificarne l'origine e i meccanismi di sviluppo. L'analisi delle firme mutazionali è una pratica consolidata nella genomica del cancro ma presenta diverse sfide. Rispetto ai metodi esistenti, Resolve (Robust EStimation Of mutationaL signatures Via rEgularization) permette: una rilevazione più precisa delle firme mutazionali, una stima più affidabile della loro rilevanza nei singoli pazienti e la possibilità di distinguere i tumori in sottotipi molecolari, con ricadute promettenti per la medicina personalizzata. Questo metodo innovativo, illustrato nell'articolo "Comprehensive analysis of mutational processes across 20 000 adult and pediatric tumors" pubblicato sulla rivista Nucleic Acids Research, è stato sviluppato da un gruppo multidisciplinare dell'Università di Milano-Bicocca, coordinato da Daniele Ramazzotti (Dipartimento di Medicina e Chirurgia e Fondazione IRCCS San Gerardo dei Tintori). Al progetto hanno partecipato anche i ricercatori del Dipartimento di Informatica Marco Antoniotti e Alex Graudenzi, del Dipartimento di Medicina Rocco Piazza e Luca Mologni, e Giulio Caravagna dell'Università di Trieste. Il team comprende inoltre Matteo Villa, Federica Malighetti, Luca De Sano, Alberto Maria Villa, Nicoletta Cordani e Andrea Aroldi. Lo studio presenta un nuovo strumento computazionale per analizzare i meccanismi mutazionali alla base del cancro. Applicando questo metodo a circa 20.000 genomi tumorali adulti e pediatrici, i ricercatori sono riusciti a identificare in modo accurato un numero ristretto di firme mutazionali dominanti, associate sia a meccanismi biologici noti (come invecchiamento, esposizione al fumo o difetti nella riparazione del DNA) sia a prognosi cliniche differenti. "Il nostro studio dimostra che, nonostante l'elevata eterogeneità del cancro, è un numero relativamente ristretto di processi mutazionali a generare la maggior parte delle mutazioni osservate. - dice Daniele Ramazzotti, coordinatore dello studio - Questa scoperta apre nuove prospettive per la diagnosi, la prognosi e lo sviluppo di terapie sempre più mirate in ambito oncologico".

(Prima Pagina News) Venerdì 08 Agosto 2025