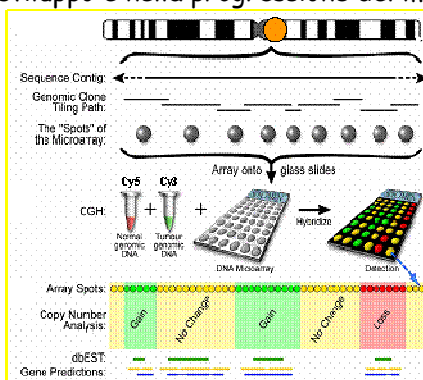




# Genoma e Melanoma

*S. Boi, A. Quattrone, C. Cantaloni, L. Pasini, V. Adami, S. Fasanella, R. Micciolo, P. Dalla Palma, M. Barbareschi, M. Cristofolini.*

Il melanoma è un tumore maligno che si sviluppa soprattutto sulla pelle, colpisce spesso soggetti giovani e se non viene identificato e trattato nelle fasi iniziali di sviluppo, può avere un comportamento aggressivo e portare a morte il paziente. La sua incidenza è notevolmente aumentata negli ultimi decenni. Sono stati identificati diversi fattori di rischio associati allo sviluppo della malattia, alcuni legati all'individuo come il colore della pelle o fototipo, la presenza di nevi multipli, e la familiarità per melanoma; altri legati all'ambiente, come esposizione ai raggi UV o a particolari condizioni lavorative. Alla base dello sviluppo del tumore ci sono meccanismi molecolari complessi, la cui alterazione è coinvolta nello sviluppo e nella progressione del melanoma.

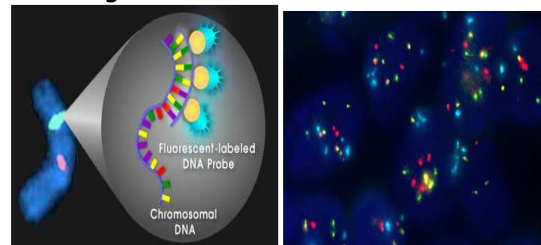


Questo suggerisce che nel melanoma, come probabilmente in tutti i tipi di cancro, una classificazione molecolare del tumore potrebbe avere un ruolo predittivo, identificando gruppi di pazienti da

indirizzare al trattamento più adeguato, in base al tipo di alterazione molecolare presente.

Ecco perché la ricerca scientifica si sta sempre più focalizzando sull'utilizzo di tecniche biomolecolari per questa patologia.

Dal 2009 per questo motivo, è stata formalizzata una collaborazione tra l'U.O. di Anatomia Patologica dell'Ospedale S. Chiara di Trento, il CIBIO (Centro di Biologia Integrata) e il settore di statistica del Dipartimento di sociologia e ricerca sociale dell'Università di Trento, con il sostegno della LILT (Lega italiana per la lotta contro i tumori) che prevede lo sviluppo di nuove tecniche di indagine molecolare come l'array CGH e la FISH che permettono di mappare guadagni e perdite cromosomiche su scala genomica. Il vantaggio della CGH è dato dal fatto che con tale tecnica in un'unica ibridazione si possono ottenere informazioni sulla dimensione e sulla localizzazione di tutti gli sbilanciamenti cromosomici. La FISH invece è basata sull'ibridazione di sequenze target del DNA a filamento singolo con modelli complementari marcati (sonde) e permette la correlazione fra alterazione cromosomica e morfologia.



Lo scopo del progetto è quello di migliorare la definizione delle lesioni ambigue e avere una classificazione più precisa che possa offrire una base a nuove strategie terapeutiche e in definitiva portare a un miglioramento della prognosi.