

Tracciata la prima mappa del genoma del cancro ai polmoni il cosiddetto adenocarcinoma polmonare. Sono state scoperte per ora ben 57 alterazioni del genoma nel tumore, solo una piccola parte delle quali riguarda geni con un ruolo già noto nel cancro; ma i lavori continuano per arrivare a una mappa ancora più dettagliata. La ricerca ha svelato un nuovo oncogene del cancro al polmone, 'NKX2-1', risultato coinvolto in qualcosa come il 12% di tutti i casi di adenocarcinoma polmonare. Resi noti da Matthew Meyerson dell'istituto di ricerca the Broad Institute of MIT e della università di Harvard a Boston, i risultati sono parte del progetto 'Tumor Sequencing Project', finanziato nell'ambito del Progetto Genoma Umano. Gli esperti hanno confrontato 371 campioni di tessuto malato con 242 campioni di tessuto normale analizzando in tutto 250.000 marker genetici. L'analisi ha portato ad identificare molte aree di materiale genetico anomalo, pezzi di Dna ripetuti più volte o al contrario persi nel genoma del tessuto tumorale, alterazioni assenti nei tessuti sani. Sei di queste aree sono già note agli oncologi per essere associate a geni legati al tumore ai polmoni, al contrario le altre sono nuove e di certo nascondono nuovi geni tumorali tutti da identificare. Uno è stato già individuato: NKX2-1 probabilmente agisce nelle cellule degli alveoli. Altri geni del cancro si nascondono nelle aree anomale mappate, pensano gli scienziati ma "questo studio rappresenta un primo passo verso la caratterizzazione genomica per uno dei tumori più comuni, l'adenocarcinoma dei polmoni";.

Nicoletta Consumi - DEApres