Ricostruire la progressione del cancro usando il computer: è questo il risultato di una ricerca all'avanguardia che potrebbe aprire nuove prospettive sulle cause dei tumori e nuove vie per selezionare le terapie più efficaci. Come è stato raggiunto questo risultato? Grazie al nuovo protocollo informatico PiCnIc (Pipeline for Cancer Inference), in grado di suggerire modelli di progressione del cancro attraverso l'analisi delle relazioni di causa ed effetto fra i geni e le mutazioni che fanno progredire la malattia.

Lo studio è stato pubblicato sulla rivista scientifica statunitense PNAS – Proceedings of the National Academy of Science
(Caravagna, Graudenzi, Ramazzotti, Sanz-Pamplona, De Sano, Mauri, Moreno, Antoniotti e Mishra,
Algorithmic methods to infer the evolutionary trajectories in cancer progression
– DOI: 10.1073/pnas.0709640104). Il nuovo metodo computazionale per lo studio del cancro è stato sviluppato dal Dipartimento di Informatica sistemistica e Comunicazione dell'Università di Milano-Bicocca (
DISCO
) in collaborazione con il professor Bud Mishra della New York University e il professor Victor Moreno dell'Istituto Catalano di Oncologia.

La domanda alla base della ricerca: quali sono le condizioni alla base della crescita dei tumori? Il gruppo di ricerca guidato dagli studiosi del laboratorio Bimib è riuscito a ideare un nuovo modo per analizzare grandi quantità di dati relativi alla struttura genetica dei tumori – nello specifico, di oltre 120 pazienti – estratti con tecnologie avanzate di sequenziamento del DNA (NGS, Next Generation Sequencing) e presenti nel database statunitense
The Cancer Genome Atlas (TCGA)
.

Per ogni singolo paziente è stato estratto il profilo mutazionale, cioè l'elenco dei geni che risultano mutati: questi dati costituiscono una "fotografia" del tumore al momento della diagnosi. Impiegando il nuovo protocollo PiCnIc, è possibile dedurre il modo in cui una determinata mutazione potrebbe selezionarne in seguito un'altra, portando ad una fase successiva nella progressione del cancro.

Per testare la validità del modello, i ricercatori hanno comparato le sue "predizioni" con le attuali conoscenze mediche sulla natura della progressione del carcinoma del colon-retto e i risultati ottenuti hanno dimostrato che PiCnIC è effettivamente in grado di riprodurre ciò che la ricerca medica ha riscontrato mediante precedenti studi. Un test reso possibile dalla collaborazione con l'Istituto Catalano di Oncologia. I risultati, infatti, tracciano con precisione ciò che è già stato documentato scientificamente e prefigurano nuove ipotesi da verificare con metodo sperimentale.

La procedura PiCnIc, in concreto, è la sequenza dei passi adottati per processare i dati raccolti e si avvale del pacchetto informatico TRONCO (Translational Oncology), di cui fa parte l'algoritmo CAPRI (Cancer Progression Inference), uno dei più sofisticati al mondo nella ricostruzione della progressione dei tumori. La prossima frontiera di questi studi riguarda la loro applicazione ad altri tipi di cancro, l'inserimento del fattore tempo all'interno di modelli più

complessi e lo studio specifico di singoli pazienti e singoli tumori.

«Siamo riusciti a definire un protocollo bio-informatico in grado di trovare alcune regolarità nell'origine e nello sviluppo di determinati tumori – spiegano Giancarlo Mauri e Marco Antoniotti, professori di Informatica all'Università di Milano-Bicocca – e questo risultato potrebbe rappresentare un passo importante per comprendere meglio una serie di malattie caratterizzate da mutazioni genomiche comuni in diversi pazienti».