



IFOM Fondazione Istituto FIRC di Oncologia Molecolare

COMUNICATO STAMPA

CONFERITO A UN GIOVANE SCIENZIATO DELL'IFOM IL PREMIO INTERNAZIONALE "AMICI DI MILANO"

Loris De Cecco, giovane ricercatore dell'Istituto FIRC di Oncologia Molecolare, tra gli assegnatari dell'edizione 2006 del Premio Internazionale "Amici di Milano", Targa d'argento del Presidente della Repubblica Italiana e Targa d'Argento del Presidente della Regione Lombardia.

Esaminare l'attività dei geni per prevedere la risposta alla terapia adiuvante nel trattamento del tumore della mammella. Grazie a questo progetto altamente innovativo e alla sofisticata tecnologia che ne permette la realizzazione, il 32enne Loris De Cecco, giovane scienziato dell'IFOM (IFOM Fondazione Istituto FIRC di Oncologia Molecolare) e dell'Istituto Nazionale per lo Studio e la Cura dei Tumori, riceve oggi il Premio Internazionale "Amici di Milano" alla presenza del Sindaco di Milano Gabriele Albertini e delle autorità. Il Premio, Targa d'Argento del Presidente della Repubblica Italiana e Targa d'Argento del Presidente della Regione Lombardia, è assegnato a giovani che con il loro lavoro hanno portato un contributo innovativo – nel contesto nazionale o internazionale – alla città di Milano. La cerimonia di premiazione si svolgerà oggi, martedì 24 gennaio alle ore 18:30, presso la Sala Alessi di Palazzo Marino.

Arrivato a Milano sei anni fa, De Cecco è riuscito a mettere a punto un sistema molto avanzato per lo studio dei "profili di espressione genica", specie di "ritratti molecolari" dei tessuti dai quali gli scienziati sono in grado di capire quali geni sono attivi e quali silenti. Informazioni fondamentali per risalire ai meccanismi di base della vita e delle malattie.

Sappiamo che quasi ogni gene del nostro DNA contiene il codice di montaggio di una proteina (o di una famiglia di proteine). Sapere se in una specifica cellula o in un specifico tessuto un gene o un gruppo di geni è "acceso", cioè sta inviando segnali perché vengano costruite e messe in funzione le proteine di sua competenza, potrebbe costituire un parametro di valutazione preciso e personalizzato per decidere se somministrare o meno una certa terapia anticancro. "Supponiamo – spiega De Cecco – di osservare due tessuti biologici, prelevati durante l'asportazione di tumore della mammella in due pazienti. Supponiamo anche di sapere che, dopo l'intervento, entrambe le pazienti sono state sottoposte a una certa terapia. E supponiamo di sapere che tale terapia si è rivelata efficace solo su una delle due pazienti. L'analisi dell'espressione genica ci permette di mettere in evidenza geni o gruppi di geni associati o con la risposta alla terapia o con l'assenza di tale risposta. Una volta identificati questi gruppi di geni, che noi chiamiamo 'profili genici', li possiamo utilizzare per stabilire se

nuovi gruppi di pazienti risponderanno o no alla terapia e quindi per decidere il tipo di cura da intraprendere.”

L'informazione relativa alla presenza o meno di certi profili genici specifici costituirebbe dunque, secondo De Cecco, un parametro di valutazione estremamente preciso e funzionale a fornire indicazioni sulle terapie più efficaci da adottare. “Il traguardo al quale puntiamo – dice De Cecco – è fornire informazioni immediatamente utilizzabili dai medici per l'applicazione di terapie farmacologiche altamente personalizzate. Al momento ci troviamo nella fase della ricerca dei profili genici, ma stiamo già mettendo a punto dei protocolli che, consentendoci di utilizzare in maniera standardizzata le informazioni raccolte, potranno essere successivamente applicati nella fase di valutazione delle terapie.”

E l'innovazione introdotta da De Cecco abbraccia anche gli aspetti tecnologici del progetto. La tecnologia, messa a punto nel 2001 dal giovane scienziato dopo due anni di test, è un mix peculiare di processi automatizzati sulle scale dell'infinitamente piccolo e di applicazione versatile e flessibile della conoscenza delle sequenze dei geni del genoma. Il sistema si chiama “*cDNA array*” (cioè “matrici di DNA codificante”). Su un “*chip*” (che è poi un vetrino molto simile a quelli da microscopio) vengono “depositati”, con un apposito robot, migliaia di geni noti. Quando un tessuto biologico (il campione) viene messo a contatto con il vetrino, interagisce con i geni lì presenti. Il risultato è un'immagine fatta di migliaia di puntini colorati: ogni puntino corrisponde a un gene e colore indica se quel gene è acceso oppure no nel campione studiato.

Nato a Ginevra il 3 aprile 1973 da una coppia di operai friulani emigrati in Svizzera all'inizio degli anni '60, De Cecco ha conseguito la laurea in biologia all'Università degli Studi di Trieste. Nel 1999 si è trasferito a Milano dove ha successivamente iniziato il dottorato presso l'Istituto Nazionale per lo Studio e la Cura dei Tumori. Il suo lavoro di dottorato, interamente portato avanti nei laboratori dell'IFOM, consiste proprio nella messa a punto del sistema del *cDNA array* e nello svolgimento, insieme ad altri scienziati IFOM, del progetto di analisi dell'espressione genica nel cancro in particolare nel tumore della mammella.

Milano, 24 gennaio 2006