Il 29 e 30 novembre, nella sede storica della Società Medica Chirurgica di Bologna (piazza Galvani, 6) avrà luogo il Kick-off Meeting del progetto "Next Generation Sequencing Platform for Targeted Personalized Therapy of Leukemia (NGS-PTL)", finanziato dall'Unione Europea con un contributo di € 5.870.815 nell'ambito del Programma FP7 Cooperation (bando FP7-HEALTH-2012-INNOVATION-1).

Il progetto, coordinato dal Prof. Giovanni Martinelli del Dipartimento di Medicina Specialistica, Diagnostica e Sperimentale dell'Università di Bologna e dell'Istituto di Ematologia del Policlinico S.Orsola-Malpighi, ufficialmente iniziato lo scorso 1° novembre, riunisce 10 partner provenienti da sei paesi europei e afferenti alle Università di Bologna, Torino, Ulm (Germania), Leuven (Belgio), Masarykova (Repubblica Ceca), Salamanca (Spagna) oltre alle piccole-medie imprese Personal Genomics srl (Italia), Sinaptica IT srl (Italia), Fasteris SA (Svizzera) e Muenchner Leukemialabor (Germania).

L'obiettivo è quello di esplorare, mediante l'impiego delle più innovative metodologie di sequenziamento del DNA, le differenze molecolari alla base dei diversi sottotipi di leucemia e responsabili delle differenti manifestazioni cliniche e risposte alle terapie. "Approfondire la conoscenza delle alterazioni del genoma che concorrono alla patogenesi delle diverse leucemie e che influenzano la risposta dei singoli individui alle terapie – spiega il Prof. Martinelli - può favorire l'identificazione di strumenti diagnostici e prognostici innovativi per una sempre più efficace applicazione della "medicina personalizzata" nella consueta pratica clinica."

Il sequenziamento massivo parallelo (next generation sequencing), che sta rivoluzionando le possibilità di studio delle malattie, rappresenta uno strumento estremamente prezioso per l'analisi unificata di molteplici alterazioni responsabili di molte patologie, tra cui le leucemie. Il progetto si propone di sviluppare una rete europea di medici e scienziati che utilizzino gli approcci del sequenziamento dell'intero esoma e dell'intero trascrittoma dei singoli pazienti affetti da leucemia al fine di individuare le alterazioni maggiormente responsabili delle risposte alle terapie che variano da individuo a individuo.

Mediante questo approccio sarà inoltre possibile raccogliere nuove informazioni sui meccanismi coinvolti nella leucemogenesi e sviluppare modelli basati sul profilo genomico dei singoli pazienti utili a definire nuovi sottotipi di leucemia.

Tali risultati, affiancati allo sviluppo di strumenti bioinformatici e biostatistici volti a correlare i dati genomici con quelli clinico/molecolari, porteranno alla definizione di veri e propri "pannelli diagnostici" in grado di guidare trattamenti personalizzati e terapie su misura per differenti gruppi di pazienti affetti dalla medesima leucemia, ottimizzando l'efficacia e la sicurezza delle cure anche in termini di effetti collaterali.