COMUNICATO STAMPA

RESOLVE: un nuovo approccio per svelare le origini delle mutazioni nel cancro, conferma la sinergia tra Informatica e Medicina

Un gruppo di ricerca multidisciplinare e interateneo ha sviluppato un nuovo metodo per affinare prognosi, diagnosi e terapie delle diverse tipologie di cancro. Lo studio computazionale apre a una medicina oncologica sempre più personalizzata ed efficace.

Monza, 7 agosto 2025 – Affinare la nostra comprensione sui meccanismi evolutivi dei diversi tipi di cancro, per raggiungere diagnosi e terapie sempre più mirate. Un importante passo avanti, è costituito dal nuovo metodo **RESOLVE**, basato sullo studio delle "**firme mutazionali**", cioè schemi ricorrenti di mutazioni nel DNA che raccontano la storia dei danni subiti dalle cellule tumorali e aiutano a identificarne l'origine e i meccanismi di sviluppo.

L'analisi delle firme mutazionali è una pratica consolidata nella genomica del cancro ma presenta diverse sfide. Rispetto ai metodi esistenti, RESOLVE (Robust EStimation Of mutationaL signatures Via rEgularization) permette: una **rilevazione più precisa** delle firme mutazionali, una **stima più affidabile** della loro rilevanza nei singoli pazienti e la possibilità di **distinguere i tumori in sottotipi molecolari**, con ricadute promettenti per la medicina personalizzata.

Questo metodo innovativo, illustrato nell'articolo "**Comprehensive analysis of mutational processes across 20 000 adult and pediatric tumors**" pubblicato sulla rivista Nucleic Acids Research, è stato sviluppato da un gruppo multidisciplinare dell'Università di Milano-Bicocca, coordinato da **Daniele Ramazzotti** (Dipartimento di Medicina e Chirurgia e Fondazione IRCCS San Gerardo dei Tintori). Al progetto hanno partecipato anche i ricercatori del Dipartimento di Informatica **Marco Antoniotti** e **Alex Graudenzi**, del Dipartimento di Medicina **Rocco Piazza** e **Luca Mologni**, e **Giulio Caravagna** dell'Università di Trieste. Il team comprende inoltre **Matteo Villa**, **Federica Malighetti**, **Luca De Sano**, **Alberto Maria Villa**, **Nicoletta Cordani** e **Andrea Aroldi**.

Lo studio presenta un nuovo strumento computazionale per analizzare i meccanismi mutazionali alla base del cancro. Applicando questo metodo a circa **20.000 genomi**

tumorali adulti e pediatrici, i ricercatori sono riusciti a identificare in modo accurato un numero ristretto di **firme mutazionali dominanti**, associate sia a meccanismi biologici noti (come invecchiamento, esposizione al fumo o difetti nella riparazione del DNA) sia a prognosi cliniche differenti.

«Il nostro studio dimostra che, nonostante l'elevata eterogeneità del cancro, **è un numero relativamente ristretto di processi mutazionali a generare la maggior parte delle mutazioni** osservate - dice **Daniele Ramazzotti**, coordinatore dello studio -. Questa scoperta apre nuove prospettive per la diagnosi, la prognosi e lo sviluppo di terapie sempre più mirate in ambito oncologico».

Per maggiori informazioni
Ufficio Stampa Università di Milano-Bicocca
Maria Antonietta Izzinosa, tel. 02 6448 6076 cell. 338 694 0206
Veronica D'Uva, tel. 02 6448 6373 cell. 335 168 5364
Chiara Azimonti, tel. 02 6448 6353 cell. 335 709 8619
ufficio.stampa@unimib.it

Ufficio Stampa Fondazione IRCCS San Gerardo dei Tintori
Veronica Todaro tel. 039 233 9890
ufficio.stampa@irccs-sangerardo.it