



UNIVERSITÀ  
DEGLI STUDI DI BARI  
ALDO MORO

ALLEGATO 1

IDEA PROGETTUALE

CODICE SELEZIONE R351/2015

|   |  |
|---|--|
| <b>DIPARTIMENTO</b>                       | Dipartimento di Biologia   |
| <b>SSD</b>                                | BIO/18 – Genetica e Microbiologia  |
| <b>AREA SSD</b>                           | Area 05 - Scienze biologiche   |
| <b>NOME PROGETTO</b>                      | Instabilità genomica, inquinamento e tumore al polmone; definizione di nuovi biomarcatori tumorali.  |
| <b>IDEA PROGETTUALE<br/>(in italiano)</b> | <p>Persiste in Puglia un alto tasso d'incidenza e mortalità per il tumore al polmone, patologia notoriamente associata a fattori di rischio di tipo professionale e ambientale, soprattutto in prossimità di insediamenti industriali (es. ILVA). Cambiamenti nello stato di compattazione della cromatina, in seguito a stress cellulari indotti dall'esposizione ad agenti inquinanti (particolato, derivati del benzene etc.), predispongono all'insorgenza delle rotture al DNA alla base del cancro. Obiettivo di questo progetto è lo studio di tali rotture in campioni pugliesi di tumore al polmone, attraverso analisi di SNP array, FISH, e Next Generation Sequencing (NGS) nei pazienti più informativi, seguiti da studi d'espressione, analisi di metilazione e di modificazioni istoniche delle regioni coinvolte. Sarà così possibile individuare le regioni più prone a rottura (cluster), il loro stato epigenetico, il loro effetto sull'espressione dei geni coinvolti e la loro associazione allo stile di vita dei pazienti, cosa che arricchirà la conoscenza di tale patologia. Interessante sarà, inoltre, verificare se le alterazioni epigenetiche individuate dalle analisi condotte (o fattori a esse associati) siano rilevabili anche nel sangue (DNA circolante) dei pazienti, con l'obiettivo di definire nuovi marker predittivi di tumore al polmone. Individuate eventuali alterazioni geniche ricorrenti, sarà possibile anche progettare e brevettare sonde BAC utili per lo screening diagnostico di tali aberrazioni.</p> |
| <b>DENOMINAZIONE</b>                      | Genomic instability, pollution and lung cancer; definition of new cancer biomarkers.   |
| <b>IDEA PROGETTUALE<br/>(in inglese)</b>  | <p>In Apulia, a high rate of incidence and mortality for lung cancer is reported. This disease is associated with occupational and environmental risk factors, especially close to industrial sites (i.e. ILVA). Changes in the chromatin state of some loci, due to cellular stress induced by exposure to pollutants (particulate matters, benzene derivatives etc), predispose to the onset of the DNA breaks, peculiar for cancer lesions. The main aim of this project is, therefore, the characterization of these breaks in Apulian cases of lung cancer, through SNP array, FISH and Next-Generation sequencing (NGS), and their association with data from expression studies, methylation analysis and histone modification assays of the most interesting cases. This will make it possible to identify break-prone genomic areas, their effect on the expression of the involved genes, and possible association with patient life style, which will enrich the knowledge of this disease. It will be interesting to determine whether epigenetic alterations identified by these analyses (or other related factors) could be also detected in the circulating DNA of these individuals, then possibly defining new risk markers for lung cancer in healthy people exposed to pollutants. If any recurrent genetic alteration is identified, BAC probes for break-apart FISH assays will be patented for diagnostic purposes.</p>   |