



OPEN ACCESS LAB: LA RICERCA DI UNITO PER IL TERRITORIO

Nuova Spettrometria di Massa dell'Università di Torino

Enrico Davoli, IRCCS Mario Negri, Milano: “Da Seveso a Stoccolma, quattro passi per capire la spettrometria di massa”

La spettrometria di massa ha avuto una grande evoluzione negli ultimi anni e, partendo dai laboratori chimici di analisi del petrolio e delle diossine, è arrivata a Stoccolma, meritando il premio Nobel per le sue applicazioni nel campo della biologia e della medicina. La tecnica di per sé è molto semplice: ha grandissima sensibilità e specificità e permette misure di elevata qualità. Purtroppo la strumentazione è ancora importante, anche se compaiono all'orizzonte le prime apparecchiature miniaturizzate. La tecnica è oggi costosa ed è molto oneroso mantenere il laboratorio aggiornato. Il meccanismo dei finanziamenti alla ricerca in Italia non è sicuramente il sistema ideale per supportare questo mondo affascinante.

Una breve introduzione per far capire cosa possa fare tale tecnica nei vari settori scientifici e fino a dove possiamo spingerci con le misure analitiche di frontiera.

Andrea Petretto, Istituto G. Gaslini, Genova: “La proteomica nella ricerca traslazionale e clinica”

In questi ultimi anni, gli studi di proteomica, basati su Spettrometria di Massa ad Alta Risoluzione, hanno rivoluzionato il campo della biologia e della medicina, svelando meccanismi d'interazione prima sconosciuti e mappando quantitativamente le modulazioni proteiche in linee cellulari e tessuti. Le recenti tecniche di preparazione del campione, le nuove tecnologie e i software di ultima generazione consentono la caratterizzazione del signaling cellulare mediante lo studio delle alterazioni dei network proteici e dei pathways cellulari.

L'informazione così raccolta è usata per proporre un modello di studio estremamente innovativo, il Proteotipo. Raramente, infatti la sola informazione genetica ha consentito la comprensione dei meccanismi molecolari che sono alla base delle malattie, poiché genotipo e fenotipo non sono unicamente legati all'informazione presente nel genoma; la ragione è da cercarsi nel condizionamento ambientale e nei fenomeni che ne derivano (epigenetica).

Al contrario il modello che proponiamo in molte delle nostre collaborazioni si basa sul concetto che ad un genotipo corrisponda un'espressione proteica che si organizza secondo interazioni specifiche e condizionate dall'ambiente - il proteotipo - e che da questo si determini il fenotipo. Quindi, attraverso il proteotipo possiamo spiegare o prevedere il fenotipo, ampliando la conoscenza dei meccanismi legati alla malattia.

Le linee di ricerca, che fanno riferimento al Laboratorio di Proteomica, sono lo studio di diverse patologie - come la prematurità, le malattie renali, la fibrosi cistica, l'oncologia e i meccanismi molecolari che regolano

il sistema immunitario - mediante spettrometria di massa, per l'identificazione e la quantificazione proteica dei sistemi complessi.

Il laboratorio, è, quindi, costantemente impegnato nello sviluppo di nuove tecniche di preparazione del campione, di metodi analitici, di analisi computazionale al fine di caratterizzare quantitativamente le differenti espressioni proteiche e proporre modelli d'interazione in reti molecolari complesse. Acquisire queste informazioni consente lo sviluppo sistematico di una ricerca avanzata per il trattamento di tumori, infezioni virali e difetti genetici.

Riccardo Zecchi, Università di Firenze: "Imaging Mass Spectrometry per mappare la distribuzione dei farmaci e biocomposti"

Imaging mass spectrometry è una tecnica relativamente giovane che viene impiegata per localizzare e la distribuzione e le quantità di composti organici all'interno di tessuti animali e vegetali. La strumentazione necessaria per questo tipo di esperimenti consiste in uno spettrometro di massa equipaggiato con sorgente MALDI (Matrix Assisted Laser Desorption Ionization) che altro non è che un laser in grado di generare ioni da campioni in fase solida. Una volta raccolta una sezione istologica di tessuto su di un vetrino è possibile effettuare una scansione completa su tutta la superficie del tessuto. Ne conseguiranno una serie di spettri di massa desorbiti da ogni punto del campione dai quali sarà possibile visualizzare tramite una mappa colorimetrica la posizione e la quantità relativa di centinaia di analiti allo stesso momento.

È quindi facile comprendere come questa tecnica innovativa sia di grande aiuto e supporto per innumerevoli studi nell'ambito della ricerca di base, la biologia, la ricerca farmaceutica e medica, con particolare attenzione per quello che sono le tecniche di identificazione "untargeted" verso nuovi potenziali biomarker per diagnosticare patologie e oncogenesi in maniera sempre più precoce.