

I tumori simulati al computer

MESSO A PUNTO A TORINO UN PROGRAMMA CHE RIESCE A PREVEDERE LO SVILUPPO DELLE NEOPLASIE DELLA TESTA E DEL COLLO: UN AIUTO PREZIOSO PER IL CHIRURGO



otorinolaringoiatria dell'ospedale Mauriziano di Torino. Tra i temi discussi, la modellizzazione della crescita tumorale ha destato l'interesse dell'uditorio per i suoi risvolti sia di ricerca sia di applicazione clinica. Il metodo che permette di eseguire i calcoli per la modellizzazione, e quindi di seguire l'evoluzione spazio-temporale del tumore fin dall'inizio (quando la neoplasia è costituita da poche cellule), si chiama "Local Interaction Simulation Approach" (LISA). A svilupparlo è stato un gruppo di ricercatori coordinati da Marco Scalerandi del Dipartimento di fisica del Politecnico di Torino, specialisti nel campo della propagazione di onde acustiche, elettromagnetiche, solitoni e nel campo della crescita e diffusione di particelle.

Uno dei risultati di questa interdisciplinarietà, che finalmente sta tornando in auge nell'università italiana dopo anni di arroccamento di ognuno nella propria disciplina, è proprio un modello di crescita tumorale. Un modello matematico e un ibrido fra la realtà, come lo conosciamo attraverso

l'osservazione fenomenologica, e una sua riformulazione in termini tali da poterla trattare matematicamente. In altre parole, un modello deve contenere tutti gli ingredienti necessari, ma allo stesso tempo essere, almeno inizialmente, abbastanza semplice da poter garantire una soluzione corretta e non ambigua del problema.

Successivamente, quando si è sicuri di avere una buona base, occorre aggiungere nuovi ingredienti per rendere il modello sempre più realistico. Diventa così possibile sostituire alcuni esperimenti di laboratorio (di solito molto costosi sia come tempo sia come risorse) con esperimenti virtuali.

Qui non possiamo descrivere il modello nella sua interezza. Possiamo però citare alcuni fra gli ingredienti più importanti: anzitutto la disponibilità, per ogni singola cellula o gruppo di cellule, dei nutrienti essenziali, trasportati dal sangue attraverso il sistema vascolare.

Se questi scarseggiano, la cellula può morire (apoptosi) o cercare altrove regioni meglio irrorate: se abbondano, essa

può duplicarsi (mitosi). Altri ingredienti sono, per esempio, la competizione per i nutrienti con le cellule sane o con altre specie cancerose, la pressione esercitata dal tumore contro i tessuti circostanti, la generazione di nuovi capillari (angiogenesi) stimolata da cellule neoplastiche e così via.

Pur nella sua attuale semplicità, il modello, che funziona attraverso un gran numero di equazioni iterative accoppiate, permette di riprodurre tutti i decorsi osservati a livello cellulare: per esempio una crescita indefinita della neoplasia, l'inizio e il successivo mantenimento del processo di metastasi (diffusione in altri organi di "nidi" di cellule tumorali), la comparsa di un periodo di latenza (cioè d'inattività) anche infinitamente lungo. E considerati i presupposti di versatilità e capacità di adattamento del modello in questione, pur rimanendo un lungo percorso da compiere, è realistica la speranza di poterlo trasformare entro qualche anno in uno strumento di valida applicazione terapeutica.

(*) IRCC, Candiolo Politecnico di Torino

Al Politecnico di Torino, in collaborazione con l'Istituto per la ricerca e la cura del cancro di Candiolo, è stato messo a punto un software che permette di simulare lo sviluppo di alcuni tumori

Guido Bongiovanni e Pier Paolo Del Santo

COME e perché si sviluppa un tumore? Purtroppo questa domanda, nella sua terribile semplicità, ancora non trova una risposta esauriente, anche se grandi passi si sono fatti per identificare le cause ultime del processo di evoluzione tumorale sia a livello cellulare sia a livello molecolare. Benché si contino più di cento forme di crescita neoplastica, esiste una certa similitudine tra i processi di sviluppo dei vari tipi di cellule tumorali. E' quindi un problema di grande attualità quello di spiegare la crescita tumorale non solo attraverso una descrizione qualitativa, ma cercando di inquadrarla come il risultato delle interazioni reciproche fra le diverse cellule (sane e tumorali) che formano l'organo o il tessuto malato.

Dare soluzioni a questo problema, affascinante per il biologo e drammatico per il paziente, non è facile. La presenza in ogni organo di molteplici strutture, differenziate e interagenti tra loro (per esempio

muscolo, osso, cartilagine, vasi sanguigni) rende il sistema da studiare non omogeneo e variabile nel tempo. In queste condizioni non è possibile applicare semplici metodiche statistiche per lo studio della crescita di cellule neoplastiche. Di fronte all'esigenza di un'analisi di un sistema composto da milioni, e addirittura miliardi, di oggetti complessi

(le cellule) in costante interazione fra loro, non c'è da stupirsi se, fino a pochi anni fa, l'idea di costruire un modello matematico per la crescita dei tumori fosse considerata utopistica. Ma pochi mesi fa, nella Patazzina reale di caccia di Stupinigi, si è tenuto un congresso su temi di Oncologia della testa e del collo organizzato dalla Divisione di