**“PROGETTI DI GRUPPI DI RICERCA 2020” - POR FESR Lazio 2014-2020**

*“Caratterizzazione del DNA tumorale circolante come biomarcatore di metastizzazione nei pazienti con carcinoma renale”*

**Acronimo:** CircREN

**Parole chiave:** DNA circolante, carcinoma renale

**Contributo complessivo concesso: € 149.999,86 €**

**Data inizio e fine del progetto:** 15/04/2021-15/04/2023

**ODR Richiedente:** Università degli Studi di Roma “Tor Vergata”

**Responsabile UTV**: Prof. Gennaro Melino

**Finanziamento a favore di UTV:** €93.284,63

**ODR Mandante:** Istituto di Farmacologia Traslazionale IFT-CNR

**Responsabile IFT**: Dr. Angelo Peschiaroli

**Finanziamento a favore dell’IFT:** €56.715,23

**­­**

**Descrizione**

Il carcinoma renale (RCC) rappresenta il 2-3% di tutti i tumori e il suo decorso clinico è solitamente asintomatico. Conseguentemente spesso alla diagnosi si evidenzia una neoplasia già in fase avanzata con significativo rischio di metastasi e/o recidiva. L’identificazione di biomarcatori di progressione della malattia rappresenta quindi una priorità per la clinica del RCC.

Il progetto che proponiamo è già inquadrato in più vasto network clinico internazionale che ha lo scopo di caratterizzare il profilo mutazionale, trascrizionale ed epigenetico dei carcinomi renali. In questo contesto intendiamo sviluppare un ulteriore livello di analisi, effettuando la caratterizzazione molecolare del DNA tumorale circolante nel paziente oncologico con possibilità di individuare potenziali nuovi biomarcatori molecolari ematici di metastatizzazione e recidiva. I risultati del progetto forniranno strumenti alle imprese laziali per sviluppare strumenti diagnostici di elevato interesse clinico.



**OBIETTIVI:**

L’obbiettivo generale del nostro studio è quello di caratterizzare il profilo molecolare (DNA) circolante del paziente oncologico con possibilità di individuare potenziali nuovi biomarcatori molecolari e sviluppare nuovi test diagnostici per una diagnosi precoce della patologia.

Nello specifico l’approccio sperimentale coinvolgerà:

* L’identificazione di mutazioni principali/causali e secondarie/accessorie che sono alla base del processo di trasformazione neoplastica
* L’identificazione di profilo di espressione genica con possibilità di individuare potenziali nuovi biomarcatori molecolari
* L’identificazione del profilo di DNA circolante in pazienti affetti da RCC