

uniStem

www.unistem.it

**22 gennaio 2016 - 18^a Giornata di Studio sulle Cellule Staminali
Via S. Antonio 12, Sala Napoleonica, Palazzo Greppi, Milano**

La cellula e l'individuo nell'era della genomica umana

09:00 > 09:15 Apertura, Elena Cattaneo

09:15 > 09:50 Orsetta Zuffardi, Università degli Studi di Pavia

Gli studi epidemiologici nell'era della genomica

L'era, già definita "supersonica", dell'attuale genomica permette di evidenziare in tempo reale qualunque tipo di variante. Capire come tali varianti influenzino il rischio di ammalarsi di una qualunque patologia sta modificando l'attuale approccio medico, rendendo sempre più fattibile la medicina di precisione.

09:50 > 10:25 Raffaele Calogero, Università degli Studi di Torino

Le tecnologie per lo studio dei genomi umani

Le tecnologie di sequenziamento del DNA si sono sviluppate grandemente nell'ultima decade: lo "short reads sequencing" ha legato indissolubilmente la genomica alla Medicina di Precisione, mentre il "single-molecule sequencing" sta aprendo nuovi orizzonti, come ad esempio il sequenziamento in campo aperto.

10:25 > 11:00 Massimo Delledonne, Università degli Studi di Verona e Personal Genomics, Spin off

(Im)precision genomics

L'analisi di un genoma umano ha un potenziale formidabile, che per essere sfruttato al meglio richiede una buona comprensione delle attuali limitazioni tecnologiche del sequenziamento del DNA e di identificazione ed interpretazione delle varianti.

11:00 > 11:15 Coffee-break

11:15 > 11:50 Francesco Cucca, Istituto di Ricerca Genetica e Biomedica (CNR) e Università degli Studi di Sassari

Il sequenziamento dell'intero genoma nello studio dei tratti multifattoriali: dove, come e quanto.

Il sequenziamento dell'intero genoma sta rivoluzionando la comprensione delle basi biologiche delle caratteristiche fisiche delle persone e in particolare di quelle rilevanti per lo stato di salute. I principali fattori in grado di influenzare il successo di tali studi saranno discussi con esempi derivati dal lavoro svolto in Sardegna.

11:50 > 12:25 Massimiliano Pagani, Università degli Studi di Milano e Fondazione Istituto Nazionale di Genetica Molecolare

Analisi del trascrittoma su singole cellule: un nuovo strumento per lo studio dei linfociti infiltranti i tumori

Il sequenziamento del trascrittoma umano offre la possibilità di svelare nuovi meccanismi funzionali e regolativi delle cellule del sistema immunitario infiltranti i tessuti tumorali e di individuare nuovi potenziali target terapeutici.

12:25 > 13:00 Gioacchino Natoli, Istituto Europeo di Oncologia - Milano

Oltre il genoma: normalità, diversità e malattia viste attraverso la lente dell'epigenetica

Lo sviluppo delle tecnologie di sequenziamento ad alto throughput ha stimolato enormemente le conoscenze sulle modificazioni del DNA e delle proteine ad esso associate che regolano l'espressione genica e la replicazione del genoma.

13:15 Conclusione dei lavori

La partecipazione è gratuita ed è aperta a Studenti, Ricercatori e Docenti **previa** registrazione entro il 16 gennaio 2016 all'indirizzo unistem@unimi.it. Le registrazioni verranno chiuse raggiunta la capienza dell'aula.

Si ringrazia per la partecipazione Illumina Italy S.r.l., Prodotti Gianni Srl e Voden Medical Instruments