

7 giugno 2019

IN VIVO SINGLE-CELL ANALYSIS

dalla tecnologia alla biologia e medicina

19ª Giornata di Studio sulle Cellule Staminali

Sala Napoleonica - Via Sant'Antonio 12, Milano

- 9:00 – 9:10** **APERTURA**, Elena Cattaneo e Fulvio Gandolfi, Centro UniStem
- 9:10 – 9:45** **ANALISI SINGLE-CELL MULTI-OMICS DEL MICROAMBIENTE TUMORALE**
Massimiliano Pagani, Università degli Studi di Milano e Istituto Nazionale di Genetica Molecolare "Romeo ed Enrica Invernizzi", Milano
Il microambiente tumorale gioca un ruolo cruciale nel determinare crescita e diffusione delle cellule neoplastiche. In particolare, lo studio delle relazioni fra le componenti del sistema immunitario che infiltrano i tumori è alla base dell'introduzione delle nuove terapie immuno-modulatorie che stanno rivoluzionando il modo in cui intendiamo il trattamento dei tumori. L'introduzione di recenti metodologie che studiano le caratteristiche molecolari delle singole cellule permette di indagare i meccanismi che plasmano le caratteristiche funzionali delle cellule del sistema immunitario e le loro relazioni con le altre componenti del microambiente tumorale.
- 9:45 – 10:20** **ANALISI SINGLE-CELL RNA-SEQ DELLO STRIATO FETALE UMANO**
Vittoria Bocchi, Università degli Studi di Milano e Istituto Nazionale di Genetica Molecolare "Romeo ed Enrica Invernizzi", Milano
L'eterogeneità cellulare che caratterizza il tessuto cerebrale si realizza nel corso dello sviluppo fetale attraverso l'attività di reti geniche la cui identità e ruolo sono ancora largamente sconosciute. L'utilizzo delle nuove tecnologie di sequenziamento dell'RNA a partire da materiale fetale autoptico umano, unito a metodi computazionali avanzati, consente oggi di investigare lo sviluppo di un'area cerebrale fortemente implicata nella fisiologia e patologia del cervello umano.
- 10:20 – 10:55** **DIFFERENZIAMENTO CELLULARE COME DINAMICA IN UNO SPAZIO MULTIDIMENSIONALE**
Gioele La Manno, School of Life Science, EPFL Lausanne, Svizzera
Tecniche sperimentali e computazionali moderne ci hanno permesso di trasformare il modello teorico del differenziamento, originariamente proposto negli anni '50 da Conrad Waddington, da un puro esercizio teorico ad una tecnica che produce risultati che possiamo visualizzare e studiare per comprendere lo sviluppo embrionale e altri processi biologici dinamici.
- 10:55 – 11:15** **COFFEE BREAK**
- 11:15 – 11:50** **CONTROLLO TRASCRIZIONALE E MANIPOLAZIONE TERAPEUTICA DELLA RISPOSTA INFIAMMATORIA**
Renato Ostuni, San Raffaele Telethon (SR-Tiget) e Università Vita-Salute San Raffaele, Milano
I meccanismi molecolari che controllano l'attivazione dei macrofagi e le modalità con cui i tumori interferiscono con questo processo, con particolare enfasi su recenti analisi effettuate su singola cellula. La conoscenza e la manipolazione terapeutica di questi processi permetteranno di sviluppare nuove immunoterapie basate su approcci di terapia genica e cellulare.
- 11:50 – 12:25** **DE HUMANI CORPORIS FABRICA: DECONVOLUZIONE DEL NEUROSVILUPPO TRAMITE ORGANOIDI CON RISOLUZIONE A SINGOLA CELLULA**
Nicolò Caporale, European School of Molecular Medicine (SEMM), Università degli Studi di Milano, Istituto Europeo di Oncologia
Lo studio della complessa regolazione del neurosviluppo costituisce una delle principali sfide contemporanee della biologia molecolare. Lavori recenti hanno analizzato processi cellulari quali la proliferazione e la polarizzazione dei progenitori neuronali attraverso il modello sperimentale degli organoidi di corteccia cerebrale umana. Combinando il differenziamento di organoidi con la trascrittomica bulk e a singola cellula, è possibile studiare diversi aspetti della corticogenesi umana, durante molteplici stadi di sviluppo, contribuendo all'avanzamento scientifico e tecnologico, potenziato dalla genomica a singola cellula.
- 12:25 – 13:00** **RIPROGRAMMAZIONE CELLULARE, GENE-EDITING E ANALISI DELL'ESPRESSIONE GENICA SU SINGOLA CELLULA PER CONTRASTARE LE DISTROFIE MUSCOLARI**
Maurilio Sampaolesi, KU Leuven, Belgium e Università degli Studi di Pavia
Nel campo della ricerca sulle distrofie muscolari, il sequenziamento dell'RNA a singola cellula ha permesso di identificare popolazioni di cellule interstiziali che regolano l'eccessivo deposito di grasso nei muscoli distrofici. Queste nuove informazioni, oltre ad ampliare la nostra conoscenza sull'accumulo patologico di grasso nel muscolo scheletrico, possono aprire la strada a nuovi trattamenti terapeutici per prolungare la funzionalità dei muscoli distrofici.
- 13:00** **CONCLUSIONE DEI LAVORI**

Partecipazione gratuita previa registrazione all'indirizzo unistem@unimi.it fino ad esaurimento posti

Con il contributo di

