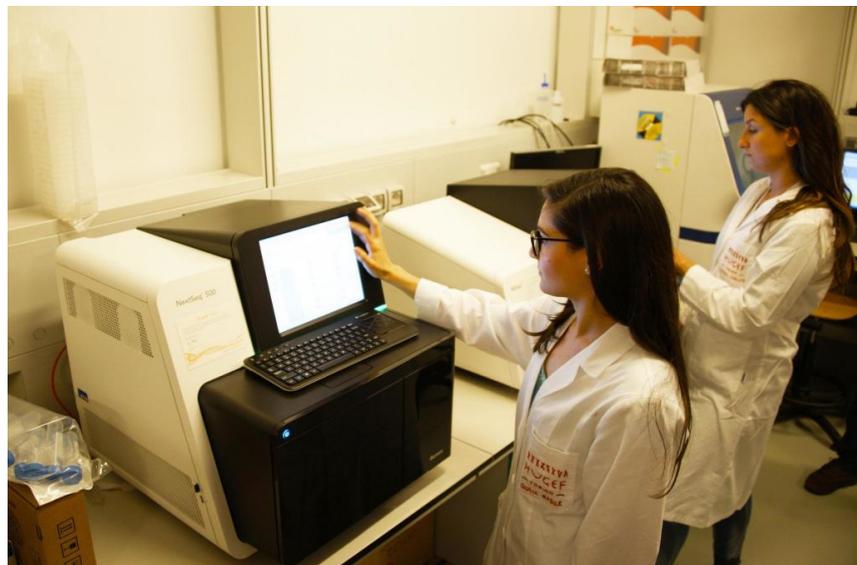




UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI TORINO



Torino, 22 giugno 2016 – Oggi, alle ore 11.00, nell'Aula Copernico del Centro Interdipartimentale di Ricerca per le Biotecnologie Molecolari (MBC) dell'Università di Torino (Via Nizza 52), è stata inaugurata la strumentazione per implementare la piattaforma tecnologica per lo studio del genoma, si tratta di sequenziatori di DNA di nuova generazione che l'Università di Torino ha acquisito grazie al contributo della Compagnia di San Paolo, nell'ambito della convenzione con l'Ateneo, per il sequenziamento e l'analisi dei genomi con tecnologie di sequenziamento parallelo.

All'evento di presentazione sono intervenuti Gianmaria Ajani, Rettore UniTO, Alberto Piazza, Presidente HuGeF, Fiorella Altruda, Direttore Centro Interdipartimentale di Ricerca per le Biotecnologie Molecolari – MBC, Cristina Giacomà, Direttore Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi, Franca Fagioli, Componente del Consiglio Generale della Compagnia di San Paolo e Salvatore Oliviero, Vice Direttore Ricerca Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi e responsabile della piattaforma genomica, Giannino Del Sal, Dipartimento Scienze della Vita- Università di Trieste.



La disponibilità delle sequenze di riferimento del genoma umano e di organismi modello ha generato una vera rivoluzione nella ricerca biologica e biomedica e ha permesso lo sviluppo di strumenti per analisi genomica accoppiata alla possibilità di analizzare i dati con metodi bioinformatici. La piattaforma genomica si avvale di strumentazione di ultima generazione per il sequenziamento del genoma e l'analisi dell'espressione genica che permettono una produzione di dati genomici ad alta densità (big data) e ad alta velocità.

I metodi di next-generation sequencing (NGS) permettono di generare grandi quantità di sequenziamenti in parallelo per studiare i geni, le modificazioni epigenetiche, le interazioni proteina-DNA, le interazioni proteina-RNA e le variazioni dell'espressione genica a livello globale.

È importante sottolineare che grazie all'integrazione di queste nuove attrezzature con le attrezzature già esistenti presso l'Human Genetics Foundation (HuGeF) e l'Università di Torino sarà possibile anche effettuare analisi di singole cellule per risolvere problemi biologici e di biomedicina che al momento possono solo essere affrontati con analisi di popolazioni cellulari. Si tratta di una nuova frontiera dello studio della variabilità di popolazioni cellulari in condizioni fisiologiche o patologiche.

Le linee di ricerca che si potranno avvalere di queste nuove strumentazioni vanno dall'analisi della risposta cellulare a segnali extracellulari, allo studio di sistemi modello sia animali che vegetali, alle analisi genetiche di popolazione e di cellule tumorali, all'analisi di angiogenesi normale e tumorale e alle analisi fenotipiche dovute a virus di cellule animali.

La richiesta di effettuare analisi genomiche nasce da esigenze concrete di molti ricercatori dell'Università di Torino. I dipartimenti di UniTO proponenti dell'acquisto dei nuovi sequenziatori di DNA sono: Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi (capofila), Biotecnologie Molecolari e Scienze della Salute, Oncologia, Scienze Agrarie - Forestali e Alimentari, Scienze Cliniche e Biologiche, Scienze Mediche, Scienze della Sanità Pubblica e Pediatriche e Scienze Veterinarie). Oltre a tutti i ricercatori dell'università di Torino potranno accedere al servizio di sequenziamento NGS anche utilizzatori esterni di altre Università, Enti, Agenzie territoriali ed anche piccole e medie industrie.

fonte: ufficio stampa