

Piattaforma tecnologica a supporto delle Scienze *OMICHE*

Scienze “Omiche”

Genomica

Trascrittoma

Proteomica

Tessuti

Linee Cellulari

Le scienze *omiche* hanno permesso un approccio sistematico allo studio della biologia molecolare e biochimica rendendo possibile correlare dati di sequenza del DNA genomico, di espressione genica analizzando fluttuazioni del trascrittoma (RNA), e composizione del proteoma e dei metaboliti cellulari, con singole analisi.

Le nuove tecniche di sequenziamento e l'utilizzo dello spettrometro di massa, hanno rappresentato una vera e propria rivoluzione nella ricerca biologica e biomedica, consentendo di osservare fenomeni biologici ad un livello di dettaglio finora impensabile. Queste tecnologie potrebbero portare grandi benefici anche in termini di pratica clinica, facilitando la comprensione dei meccanismi molecolari che stanno alla base delle patologie e soprattutto permettendo di eseguire saggi diagnostici estremamente accurati e ad altissima risoluzione.

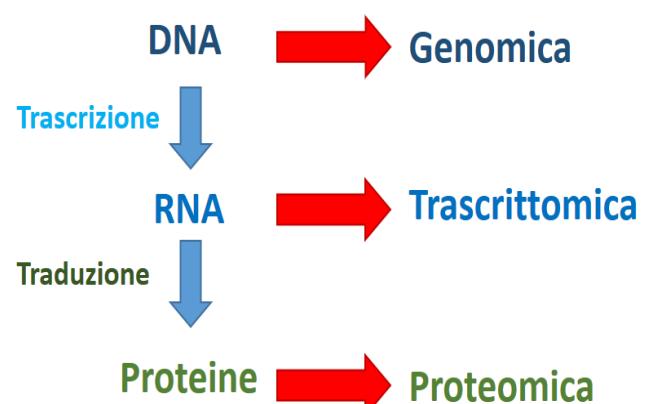
Settori applicativi

Oncologia e Teranostica

Piattaforma

Scienze della Vita

L'era Post-Genomica si è aperta con l'utilizzo di strumenti ad alto throughput con una enorme mole di dati.



PIATTAFORMA TECNOLOGIA PER L'INGEGNERIA
TISSUTALE, TERANOSTICA ED ONCOLOGIA.



Piattaforma tecnologica a supporto delle Scienze *OMICHE*

ASPECTI INNOVATIVI

DESCRIZIONE PRODOTTO

La Piattaforma Tecnologica offre un servizio di analisi genomica e proteomica. In particolare, dispone di una piattaforma di sequenziamento NGS che si basa su tecnologia ION Torrent PGM e di uno spettrometro di massa TRIPLE TOF 5600 (AB Sciex) accoppiato ad un sistema di nanocromatografia liquida Eksigent ekspert nanoLC400, che è considerato uno degli strumenti più innovativi nell'ambito della proteomica quantitativa.

La piattaforma di sequenziamento NGS permette il sequencing di un elevato numero di nucleotidi (10Mb) in poche ore e ad elevata accuratezza (98%). Questa apparecchiatura permette un'analisi a carattere sistematico come il sequencing di un piccolo genoma (microorganismo) o di un intero trascrittoma (mRNA, miRNA), o anche un'analisi differenziale attraverso confronto tra 2 trascrittomi come per esempio tra quello di una cellula normale e quello di una cellula tumorale.

Lo spettrometro di massa e il sistema di nanocromatografia rappresentano una piattaforma unica che combina alta sensibilità, alta risoluzione, alta velocità di acquisizione e accuratezza, in cui si integrano analisi qualitative approfondite, caratterizzazioni rapide e quantizzazioni ad alta risoluzione di analiti poco abbondanti in matrici complesse.

Gli strumenti in se rappresentano una grande innovazione tecnologica che permetteranno lo studio molecolare di differenti patologie ad alta risoluzione.

Risultano strumenti molto flessibili che permettono un ampia gamma di possibili applicazioni.

POTENZIALI APPLICAZIONI

Targeted Sequencing: analisi di un gruppo di geni (pannello) e eventuale comparazione tra campioni.

Whole-Exome Sequencing – WES: analisi dell'intera regione codificante di tutti i geni di un campione e eventuale comparazione tra più campioni.

Transcriptome Analysis: analisi di tutti gli RNA prodotti da una cellula (trascrittoma) e eventuale comparazione tra campioni.

Data-Dependent Analysis (DDA), qualitative e quantitative;

Targeted Data-Independent Analysis (DIA) quale la SWATH (Sequential Windowed Acquisition of All Theoretical Fragment ion mass spectra)



Spettrometro di massa
TRIPLE TOF 5600

Piattaforma tecnologica a supporto delle Scienze *OMICHE*

ESEMPIO DI APPLICAZIONE

Analisi NGS per **Whole-Exome Sequencing**
analisi dei messaggeri di un campione

DESCRIZIONE APPLICAZIONE

PROGETTO PON01_01059 "Sviluppo di una piattaforma tecnologica per il trattamento non invasivo di patologie oncologiche e infettive basata sull'uso di ultrasuoni focalizzati".

Gli RNA estratti da campioni trattati con ultrasuoni focalizzati (Lo strumento "Magnetic Resonance guided Focused Ultrasound Surgery", MRgFUS) e il relativo controllo sono stati retrotrascritti in cDNA e successivamente amplificati con un pool di oligonucleotidi sintetici volti ad amplificare l'intero trascrittoma. All'amplificato sono stati aggiunti successivamente le sequenze tag (barcode) che identificano il campione (per es. campione o controllo).

Quindi le varie reazioni di amplificazione sono state utilizzate nella costruzione delle librerie su biglie magnetiche, per emulsion-PCR. Un pool delle varie librerie così costruite (analisi in multiplex) sono state poi sequenziate attraverso lo ION Torrent PGM.

L'analisi riesce a discernere le varie librerie in base al barcode utilizzato. I risultati vengono poi filtrati attraverso i database, in modo da ottenere le liste dei geni espressi dai vari campioni, garantendo un'analisi qualitativa e quantitativa dei processi molecolari modulati dal trattamento con i MRgFUS.

PARTNER COINVOLTI

- PROMEDICA Bioelectronics SRL
- Laboratorio Studi Preclinici e Chirurgici Istituto Ortopedico Rizzoli

TEMPI DI REALIZZAZIONE

Sequencing NGS: 4-6 giorni (in base al tipo di analisi).

Spettrometro di massa: 7-12 giorni (in base al numero ed al grado di complessità dei campioni ed al tipo di analisi).

RISULTATI OTTENUTI

I risultati ottenuti sembrerebbe che il trattamento MRgFUS ad alte potenze (400-630J) possa determinare una selezione di una sotto-popolazione di cellule di osteosarcoma in grado di sopravvivere al trattamento, inducendo un aumento dell'espressione di geni implicati nella sopravvivenza e sostentamento cellulare quali *RUNX2*, *BGLAP*, *SPP1* e *ALPL*.

VALORIZZAZIONE

Possibilità di analizzare e comparare genomi, trascrittomi e proteomi con la possibilità di ottenere una enorme mole di dati in tempi relativamente ridotti.

**Sistema di sequenziamento
ION Torrent PGM**





SERVIZIO SANITARIO REGIONALE
EMILIA - ROMAGNA
Istituto Ortopedico Rizzoli di Bologna
Istituto di Ricovero e Cura a Carattere Scientifico



investiamo nel vostro futuro

REFERENZE

PROMEDICA Bioelectronics SRL

PIATTAFORMA TECNOLOGICA PER L'INGEGNERIA TISSUTALE, TERANOSTICA E ONCOLOGIA

DESCRIZIONE LABORATORIO

La Piattaforma Tecnologica per l'Ingegneria Tissutale, Teranostica e Oncologia dell'Istituto Ortopedico Rizzoli è un centro di eccellenza, costituito da laboratori di ricerca siti a Palermo presso la Sezione di Biologia e Genetica del DI.BI.MED. - Università di Palermo e a Bagheria (PA) presso il Dipartimento Rizzoli-Sicilia, che svolge attività di ricerca scientifica traslazionale e ricerca industriale, offrendo un servizio alle aziende del settore bio-medicale, alle strutture di ricerca universitarie e sanitario-ospedaliere.

La missione della Piattaforma si articola su tre linee di ricerca: (a) medicina rigenerativa ed ingegneria tissutale; (b) medicina personalizzata; e (c) oncologia.

La presenza di ricercatori altamente qualificati e quella di apparecchiature di ultimissima generazione per l'analisi ultrastrutturale, proteomica, genica, biochimica, istologica e lo sviluppo di costrutti biomedicali ingegnerizzati in vitro con l'utilizzo di bioreattori, consentono l'offerta dei seguenti servizi:

Analisi di biologia cellulare ed ultrastrutturali;
Analisi di biologia molecolare;
Analisi genetica;
Analisi proteomica;
Modelli preclinici in vitro ed in vivo;
Analisi istologiche ed istomorfometriche



**Sezione di Biologia e Genetica
DI.BI.MED. - Università di Palermo**



**Dipartimento Rizzoli -Sicilia
Bagheria (Palermo)**

<http://www.ior.it/laboratori/laboratori-lab-ing-tiss/piattaforma-tecnologica-ingegneria-tissutale-teranostica-e-oncologia>

Contatti Dr. Gianluca Giavaresi - gianluca.giavaresi@ior.it