



ACCADEMIA MEDICA DI ROMA

Giovedì 12 gennaio 2023, ore 16.00
Auditorium Prima Clinica Medica
Policlinico Umberto I, viale del Policlinico 155, Roma

La conferenza potrà essere seguita in presenza presso la sede sopra descritta oppure in streaming sulla piattaforma Zoom utilizzando il seguente link

<https://uniroma1.zoom.us/j/92312414393?pwd=cDM2bTZ3VldoWEFjSnNjNXR6bmtJdz09>

(Meeting ID: 923 1241 4393; Passcode: accademia)

Giuseppe Macino

Professore Emerito Sapienza Università di Roma

Parlerà sul tema:

“La trascrittomiche 3D identifica le interazioni spaziali di singole cellule nei tessuti sani e patologici”

La S.V. è invitata ad intervenire.

L'ACCADEMICO SEGRETARIO
ANTONIO MUSARO'

IL PRESIDENTE
VINCENZO BARNABA

La trascrittomiche 3D identifica le interazioni spaziali di singole cellule nei tessuti sani e patologici

Giuseppe Macino, Professore Emerito Sapienza

Lo sviluppo di tecnologie di sequenziamento del DNA-RNA ha portato alla approfondita conoscenza delle differenze tra tessuti diversi. Negli ultimi dieci anni è stato possibile sequenziare con grande efficienza i trascritti da singole cellule, cosa che ha determinato la possibilità di riconoscere con grande accuratezza l'identità cellulare.

La necessità di disgregare un tessuto per isolare le singole cellule ha però portato alla perdita della informazione della loro localizzazione spaziale, della comunicazione intercellulare e della specifica funzione di ogni cellula nel tessuto.

Le nuove recenti tecnologie di "Spatial Transcriptomics" stanno iniziando a produrre le mappe di localizzazione spaziale di migliaia e talvolta milioni di cellule nel tessuto di riferimento. Racconterò gli esperimenti che ho condotto negli ultimi tre anni presso il Berlin Institute for Medical System Biology nel Laboratorio del Prof. Nikolaus Rajewsky che ci hanno permesso di ricostruire mappe bidimensionali di complessi tessuti ed ora di mappe 3D di grande accuratezza.

GIUSEPPE MACINO

SAPIENZA UNIVERSITÀ DI ROMA

Curriculum

Dal 1.11.2017	In quiescenza
2019	Professore Emerito
2018 -2022	Visiting Professor Berlin Institute of Health - Charité -Berlino
2016-2019	Membro consiglio scientifico Lincei per la Scuola- Coordinatore dei poli di Roma e Perugia
2012 – 2019	Direttore del Progetto Bandiera EPIGEN-CNR
1986 – 2017	Professore Ordinario di Biologia Cellulare presso l'Università di Roma La Sapienza
2016 – 2017	Presidente e fondatore del Corso di Laurea in Bioinformatics in inglese presso l'Università di Roma La Sapienza
2007 - 2016	Presidente del Corso di Laurea Interfacoltà in Biotecnologie presso l'Università di Roma La Sapienza
2009 – 2015	Direttore del Dipartimento di Biotecnologie Cellulari ed Ematologia presso l'Università di Roma La Sapienza
1998 – 2002	Responsabile della sezione di Genetica Molecolare del Dipartimento di Biotecnologie cellulari ed ematologia presso il Policlinico Umberto I di Roma
1992 – 1996	Coordinatore della Scuola di Dottorato in Biologia Umana – basi molecolari e cellulari
1983 – 1986	Ricercatore in Biologia presso l'Università di Roma “La Sapienza”
1977 – 1983	Contrattista presso "Sapienza" Università di Roma
1977 – 1979	Post Dottorato in Biologia Genetica e Molecolare presso Columbia University, New York USA
1971 – 1976	Assegnista in Biologia Molecolare presso "Sapienza" Università di Roma
1966 – 1971	Laurea in Chimica presso l'Università di Roma “La Sapienza”
1997 – oggi	Professore aggiunto presso il Dipartimento di Biologia della New York University

Accademie

- 2021 Socio Nazionale dell'Accademia Nazionale dei Lincei
- 2009 Socio corrispondente dell'Accademia Nazionale dei Lincei
- 2008 Membro dell'Accademia Nazionale delle Scienze detta dei XL
- Dal 1999 Membro italiano dell'EMBO: Organizzazione Europea per la Biologia Molecolare
- Dal 2008 -20012 Membro del Council of Scientists of Human Frontier Science Program Organization(HFSPO)

Premi e Riconoscimenti

- 2007 Premio del Presidente della Repubblica dell'Accademia Nazionale dei Lincei
- 2004 Premio Internazionale "Prof. Luigi Tartufari" dell'Accademia Nazionale dei Lincei
- 2015 Premio della Fondazione Levi Montalcini

-Attività scientifica

Studio del genoma dei mitocondri di *Saccharomyces cerevisiae*

Dal 1971 al 1981 ha condotto esperimenti che hanno permesso di determinare la sequenza nucleotidica del DNA mitocondriale di *S. cerevisiae* e di determinare la funzione di tutti i geni codificati da questo importante genoma.

Studio del genoma mitocondriale di *Neurospora crassa*

Dal 1980 al 1987 ha condotto esperimenti per determinare la sequenza del DNA mitocondriale e la composizione dei geni nel fungo *Neurospora crassa*.

Studio del genoma mitocondriale di *Aspergillus nidulans*

Questo studio sulla evoluzione del genoma mitocondriale confrontando il genoma di *A. nidulans* con quello di *N. crassa* è stato pubblicato su *Nature* nel 1980.

Studio della regolazione genica in *N. crassa* in risposta alla luce blu

Dal 1988 al 1993 ha condotto importanti studi che hanno portato alla comprensione del meccanismo di regolazione, nei funghi e nelle piante, dell'espressione genica in risposta alla luce blu.

Scoperta del silenziamento genico

Dal 1990 al 2006 durante gli studi sul ruolo della luce nell'espressione genica in *N. crassa* ha scoperto un fenomeno mai osservato precedentemente che è stato chiamato Quelling. Alcuni di questi lavori sono stati pubblicati su *Science* e *Nature*. Questi studi hanno avuto una enorme risonanza in quanto la loro estensione ad un modello animale come il nematode *C. elegans*, condotta da Fire e Mello negli Stati Uniti, ha portato al Premio Nobel nel 2006 per questi ricercatori.

Studio dei MicroRNA nel sistema immunitario e nelle leucemie

Dal 2007 al 2015 i suoi studi sono stati dedicati al ruolo dei microRNA nel sistema immunitario, nelle leucemie e nelle malattie autoimmuni. Il ruolo del microRNA 223 nella artrite reumatoide è stato il lavoro più citato dell'anno 2010 della rivista *Human Immunology*.

Il ruolo di AGO2 nell'organizzazione della cromatina

Nel 2015 sono iniziati gli studi per determinare il ruolo del meccanismo di silenziamento ed in particolare della proteina Argonauta 2 nella organizzazione della cromatina nelle cellule umane.

Trascrittomica Tridimensionale

Dal 2018 lavora a Berlino allo sviluppo di tecnologie innovative per la determinazione dell'espressione genica a singola cellula *in situ* nei tessuti normali e patologici

Citazioni

20864 citazioni in Google scholar,
H index 47

Referenze (110 lavori pubblicati)

- 1-Cogoni, C., Macino, G. (1999) Gene silencing in *Neurospora crassa* requires a protein homologous to RNA-dependent RNA polymerase *Nature*, **399** 166-169.
- 2-Cogoni, C., Macino, G. (1999) Posttranscriptional gene silencing in *Neurospora* by a RecQ DNA helicase *Science*, **286** 2342-2344.
- 3-Sood, P., Krek, A., Zavolan, M., Macino, G., Rajewsky, N. (2006) Cell-type-specific signatures of microRNAs on target mRNA expression *PNAS*, **103** 2746-2751.
- 4-López-Tobón A, et al., Macino G, et al., Testa G. (2019) Human cortical organoids expose a differential function of GSK3 on cortical neurogenesis. *Stem Cell Reports* **13** 847-861.
- 5-Della Chiara G, et al., Macino G, et al. Pagani M. (2021) Epigenomic landscape of human colorectal cancer unveils an aberrant core of pan-cancer enhancers orchestrated by YAP/TAZ *Nature communications* **12** 2340