

# Analisi dell'espressione genica su vasta scala.

**Giovanna Chiorino**

Cancer Genomics Lab del Fondo Edo Tempia di Biella.

La conoscenza della sequenza del DNA e lo sviluppo sempre più rapido di nuove tecnologie per utilizzarla stanno definendo un importante momento di transizione della ricerca biologica e biomedica.

La sola conoscenza della sequenza del DNA non è sufficiente per capire come i geni agiscano, come la cellula operi e cosa non “funzioni” in caso di malattia.

Tra gli strumenti tecnologici più versatili ed efficaci volti alla comprensione di tali fenomeni vi sono i “microarrays” ad oligonucleotidi, mediante i quali si analizza il cosiddetto “trascrittoma”, ossia l'insieme dei geni trascritti dal DNA in RNA messaggero (prodotto intermedio della via di produzione delle proteine).

Diversamente dal genoma, il trascrittoma è molto dinamico e cambia rapidamente e drammaticamente in risposta a qualsiasi evento cellulare o perturbazione indotta da agenti esterni.

Obiettivo naturale dell'analisi del trascrittoma è la selezione dei geni differenzialmente espressi, ovvero l'identificazione dei geni che nelle condizioni sperimentali considerate esibiscono livelli di espressione statisticamente diversi.

Nel corso del seminario verranno illustrate la tecnologia dei “microarrays” e gli step principali dell'analisi dei dati da essa prodotti, facendo riferimento a specifiche applicazioni in campo oncologico.