

Maurizio Miglino

Ricercatore universitario

✉ ematlab@unige.it

☎ +39 010 353 8953

Istruzione e formazione

1993

Diploma di Specializzazione in Ematologia Generale

50/50

Università di Genova - Genova - IT

1993

Dottorato di Ricerca in Ematologia Sperimentale

Università di Genova - Genova - IT

1985

Laurea in Medicina e Chirurgia

110/110 e lode

Università di Genova - Genova - IT

Esperienza accademica

1996 - IN CORSO

Ricercatore universitario in Ematologia convenzionato con il SSN

Università di Genova - Genova - IT

Sviluppo della ricerca scientifica universitaria svolgimento di compiti didattici e assistenziali in ambito sanitario.

1989 - 1993

Dottorando in Ematologia Sperimentale

Università di Genova - Genova - IT

Sviluppo della ricerca scientifica per la disciplina Ematologia

Interessi di ricerca

Argomento del mio campo di interesse è l'analisi di quali fattori epigenetici concorrano allo sviluppo delle neoplasie ematologiche a fenotipo mieloide. In un primo momento ci stiamo concentrando sullo studio dell'espressione di miRNA (utilizzando un kit commerciale che consente l'analisi dell'espressione di più di 700 miRNA) nelle varie forme di mielodisplasie (MDS). Da una prima analisi condotta su 30 casi di MDS abbiamo notato come l'espressione di 20 miRNA siano in grado di connotare le varie forme di MDS in modo statisticamente significativo. In particolare, esiste una decina di miRNA la cui espressione è comune a tutte le MDS, gli altri dieci si

distribuiscono in maniera differente nei diversi gradi della patologia in esame. Esiste, pertanto, un gruppo di molecole con funzione “driver”, le altre possono essere acquisite, crediamo, nella storia naturale delle MDS. Andando poi a analizzare, in una prima fase da database pubblicati e disponibili, quale siano i geni target di queste piccole sequenze di RNA, abbiamo con sorpresa avuto conferma che questi ultimi “targettano” geni il cui coinvolgimento nel processo di oncogenesi mieloide è ben noto. E’ ora in corso attraverso esperimenti di “deep sequencing” lo studio della espressione e della sequenza di 70 geni che possono essere coinvolti allo scopo di confermare sperimentalmente quanto evidenziato e di evidenziare se i miRNA hanno ruolo soppressivo (come probabile) o ruolo “enhancer”.

Da ultimo è in programma analisi di silenziamento in vitro di miRNA e alternativamente dei geni target al fine di evidenziare se il rapporto fra fattori epigenetici e genetici sia equamente necessario alla leucemogenesi o se uno prevalga sull’altro.