

Corso di formazione avanzata di bioinformatica applicata alle patologie oncoematologiche

AOU Careggi – Aula ISPRO, Firenze, 16-18 settembre 2026

PR = pratica

16/09/2026

13:00 – 13:30 Registrazione dei partecipanti

Introduzione – A.M. Vannucchi (Firenze)

I sessione

Moderatore: R. Manfredini (Firenze)

13:30 – 14:00 MPN: setting the stage – P. Guglielmelli (Firenze)

14:00 -14:30 AML: setting the stage – M.T. Voso (Roma)

14:30 – 15:15 **PR**: Database pubblici omici in ematologia: dove sono, come si usano - E. Sauta (Milano)

15:15-16:00 **PR**: Repository pubblici di software: dove sono, come si usano - Ettore Mosca (Milano)

16:00-16:15 *Coffee break*

II sessione

Moderatore: G. Castellani (Bologna)

16:15-16:45 Optical genomics: principi e applicazioni – R. Maffei (Modena)

16:45-17:15 Optical genomics: esperienze nel mieloma multiplo – E. Pelo (Firenze)

17:15 – 17:45 Chiamata e caratterizzazione di varianti germinali – R. Semeraro (Firenze)

17:45- 18:15 Varianti germinali e score poligenici – T. Pippucci (Firenze)

18:15-19:00 **PR**: GOAT: Analisi di mutazioni dai dati di trascrittomica – A. Chiodi (Milano)

19:00 Chiusura giornata

17/09/2026

III sessione

Moderatore: G. Sanguinetti (Trieste)

08:15-08:45 MDS: setting the stage – V. Santini (Firenze)

08:45-09:30 **PR**: Chiamata delle varianti a bassa carica allelica – G. Castellani (Bologna)

09:30-10:00 Applicazioni della tecnologia long-read – N. Bartalucci (Firenze)

10:00-10:45 Spatial transcriptomic: principi di analisi e applicazioni – M. Tarozzi (Bologna)

10:45-11:00 *Coffee break*

11:00-11:45 **PR**: costruzione di atlas da dati di single cell – M. Tarozzi (Bologna)

11:45-12:15 AI: applicazioni allo studio delle neoplasie ematologiche – M.G. Della Porta (Rozzano-MI)

ER Congressi

12:15-13:00 **PR:** Analisi di sequenziamento per ricostruzione di cromatina 3D – D. Colazzo (Firenze)

13:00 – 14:00 *Pausa pranzo*

IV sessione

Moderatore: G. Caravagna (Trieste)

14:00 – 14:30 Neoplasie linfoidi: setting the stage – G. Gaidano (Novara)

14:30 – 15:15 **PR:** Clustering per genomica: Dirichlet clustering e oltre – S. Polizzi (Bologna)

15:15-16:00 Analisi di trajectories: esperienza sul trapianto di cellule emopoietiche - G. Caravagna (Trieste)

16:00 – 16:15 *Coffee break*

16:15 – 17:00 Score prognostici longitudinali neoplasie mieloidi – D. Ramazzotti (Milano)

17:00 - 17:30 Principi di analisi genomica single-cell con piattaforma Tapestry – C. Carretta (Modena)

17:30 – 18:15 **PR:** Analisi epigenetica: principi e risorse – M. Benelli (Firenze)

18:15 *Chiusura giornata*

18/09/2026

V Sessione

Moderatore: M.G. Della Porta (Rozzano-MI)

08:15 – 09:00 RNA velocity – G. Sanguinetti (Trieste)

09:00 – 09:30 Analisi dati epigenetici applicate alle neoplasie mieloidi – S. Ghisletti (Milano)

09:30 – 10:15 **PR:** Biological clock – N. Derus (Bologna)

10:15- 10:30 *Coffee break*

10:30 – 11:15 **PR:** Metodi computazionali per lo studio dell'accessibilità cromatinica – A. Enderti (Firenze)

11:15 – 12:00 **PR:** CITE-Seq: analisi di dati single-cell multiomici – M. Zampini (MI)

12:00 - 12:30 Approcci metodologici con AI – P. Liò (Cambridge,UK)

12:30- 13:00 Come strutturare un referto di diagnostica oncomolecolare – E. Tagliafico (Modena)

13:00 *Questionario di valutazione*

Chiusura evento (AM Vannucchi)