

		Programma M-FOR 23 UOC Sviluppo Organizzativo e del Capitale Umano	N. 115 M-FOR. 23 Rev.7 01.06.22 PAG 1 DI 2
--	---	---	---

Istituti Fisioterapici Ospitalieri – Provider n. 1270

Titolo evento, Edizione	CROP-SEQ in genome scale CRISPi screening
Sede di svolgimento dell'evento	IFO, Aula B
Data di svolgimento	1/10/2026
Destinatari dell'attività formativa	Tutte le professioni
Obiettivi Formativi	Formazione e integrazione professionale
Numero crediti previsti	2
Responsabile Scientifico	Stefano Giuliani

Giovedì 01/10/2026

h. 14:30-16:00	Stefano Giuliani: CROP-SEQ in genome scale CRISPi screening
h.16:00-16:30	Discussione e prospettive future

Referente organizzativo:
Tel 06 52662545 email: adele.petricca@ifo.it

Profili Professionali

STEFANO GIULIANI (C.F. GLNSFN92L22H5010): è un biologo molecolare con una solida esperienza nella ricerca oncologica e nell'epigenetica dei tumori. Attualmente svolge la propria attività di ricerca presso l'IRCCS Istituto Nazionale Tumori Regina Elena, dove studia i meccanismi epigenetici e non genetici alla base della resistenza ai trattamenti, con particolare interesse per il mieloma multiplo e il melanoma. La sua attività integra approcci di genomica e biologia molecolare, tra cui ATAC-seq, RNA-seq e CRISPRi/CROP-seq, per identificare i circuiti regolatori coinvolti nella sopravvivenza e nella progressione tumorale. Il suo obiettivo è contribuire all'identificazione di nuovi bersagli terapeutici e biomarcatori predittivi per lo sviluppo di strategie di trattamento personalizzate.
ITALIA FALCONE (C.F. FLCTLI82M57I438E, sostituto): è una ricercatrice sanitaria biologa con una solida formazione in oncologia traslazionale e biologia molecolare. Ha esperienza diretta in modelli preclinici, organoidi derivati da paziente, vettori lentivirali e analisi multi-omiche, integrando approcci sperimentali e bioinformatici. Affianca a questo un forte impegno nella scrittura scientifica, nei progetti di grant e nella valutazione critica della letteratura.

Riferimenti bibliografici:

Gostimskaya I. (2022). CRISPR–Cas9: A History of Its Discovery and Ethical Considerations of Its Use in Genome Editing. *Biochemistry (Moscow)* 87(8):777–788. doi:10.1134/S0006297922080090.

Seijas A., Cora D., Novo M., Al-Soufi W., Sánchez L., Arana Á.J. (2025). CRISPR/Cas9 Delivery Systems to Enhance Gene Editing Efficiency. *Int. J. Mol. Sci.* 26(9):4420. doi:10.3390/ijms26094420.

		Programma M-FOR 23 <i>UOC Sviluppo Organizzativo e del</i> <i>Capitale Umano</i>	N. 115 M-FOR. 23 Rev.7 01.06.22 PAG 2 DI 2
---	---	---	--

He Y., Tu X., Xue Y., Chen Y., Ye B., Li X., Li D., Zhong Z., Zhong Q. (2026). CRISPR screening redefines therapeutic target identification and drug discovery with precision and scalability. *Journal of Pharmaceutical Analysis* 16(2):101357. doi:10.1016/j.jpha.2025.101357.

Datlinger P., Rendeiro A.F., Schmidl C., Krausgruber T., Traxler P., Klughammer J., Schuster L.C., Kuchler A., Alpar D., Bock C. (2017). Pooled CRISPR screening with single-cell transcriptome readout. *Nature Methods* 14(3):297–301. doi:10.1038/nmeth.4177.

Bock C., Datlinger P., Chardon F., Coelho M.A., Dong M.B., Lawson K.A., Lu T., Maroc L., Norman T.M., Song B., Stanley G., Chen S., Garnett M., Li W., Moffat J., Qi L.S., Shapiro R.S., Shendure J., Weissman J.S., Zhuang X. (2022). High-Content CRISPR Screening. *Nature Reviews Methods Primers* 2(1):8. doi:10.1038/s43586-021-00093-4.

Grillone K, Ascrizzi S, Cremaschi P, Amato J, Polerà N, Croci O, Rocca R, Riillo C, Conforti F, Graziano R, Brancaccio D, Caracciolo D, Alcaro S, Pagano B, Randazzo A, Tagliaferri P, Iorio F, Tassone P. An unbiased lncRNA dropout CRISPR-Cas9 screen reveals RP11-350G8.5 as a novel therapeutic target for multiple myeloma. *Blood*. 2024 Oct 17;144(16):1705-1721. doi: 10.1182/blood.2023021991.

Morelli E, Fulciniti M, Samur MK, Ribeiro CF, Wert-Lamas L, Henninger JE, Gullà A, Aktas-Samur A, Todoerti K, Talluri S, Park WD, Federico C, Scionti F, Amodio N, Bianchi G, Johnstone M, Liu N, Gramegna D, Maisano D, Russo NA, Lin C, Tai YT, Neri A, Chauhan D, Hideshima T, Shamma MA, Tassone P, Gryaznov S, Young RA, Anderson KC, Novina CD, Loda M, Munshi NC. A MIR17HG-derived long noncoding RNA provides an essential chromatin scaffold for protein interaction and myeloma growth. *Blood*. 2023 Jan 26;141(4):391-405. doi: 10.1182/blood.2022016892.

Bruno T., Cappelletto M.C., Cortile C., Di Giovenale S., Amadio B., De Nicola F., Falcone I., Giuliani S., Palermo B., Catena V., Ciuffreda L., Cerruti F., Cascio P., Merola R., Masi S., De Pascale V., Annibali O., Ferraro S., Gumenyuk S., Pisani F., Marchesi F., Mengarelli A., Fanciulli M., Corleone G. (2025). Nuclear respiratory factor 1 promotes cell survival in multiple myeloma under proteasome inhibition therapy. *Blood* 146(24):2945–2962. doi:10.1182/blood.2025028441.