

In copertina presentiamo una nuvola di tag (tag cloud in Inglese), rappresentazione visiva delle etichette (tag) o parole chiave usate negli abstract dei lavori del Congresso.
Generalmente questa lista è presentata in ordine alfabetico, con la peculiare caratteristica di attribuire un font più grande alle parole più importanti. Si tratta quindi di una lista pesata.
Le nuvole di tag costituiscono un elemento di interfaccia per gli architetti dell'informazione, che le possono utilizzare per progettare navigazioni alternative all'interno di un sito web.
(testo tratto da Wikipedia)



ISBN 9788890580550



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI PALERMO



DIPARTIMENTO DI SCIENZE E TECNOLOGIE
BIOLOGICHE CHIMICHE E FARMACEUTICHE (STEBICEF)



Area di Palermo



Congresso:

**Ricerca di base, interdisciplinare e traslazionale in ambito
Biologico e Biotecnologico (II ed.)**

26 e 27 Giugno 2014

Aula Mutolo della Sezione di

Biologia Cellulare del Dipartimento di Scienze e Tecnologie

Biologiche, Chimiche e Farmaceutiche (STEBICEF)

Comitato Scientifico:

Vincenzo Cavalieri (STEBICEF)

Davide Corona (STEBICEF)

Marta Di Carlo (IBIM)

Mirella Ciaccio (IBIM)

Segreteria Organizzativa:

Giovanni Morici

Francesca Faillaci

Veronica La Fiora

Silvia Casamirra

Giuseppina Turturici

Grafica e impaginazione: *Giovanni Morici*

mail: eventi.stebicef@unipa.it

stampato presso: *Officinegrafiche Palermo*

Anche quest'anno, il Dipartimento di Scienze e Tecnologie Biologiche, Chimiche e Farmaceutiche (STEBICEF) dell'Università di Palermo e l'Istituto di Biomedicina e Immunologia Molecolare (IBIM) del CNR di Palermo promuovono un convegno scientifico congiunto.

Il convegno, dal titolo "Ricerca di Base, Interdisciplinare e Traslazionale in ambito Biologico e Biotecnologico", avrà luogo il 26 e 27 Giugno 2014 presso l'Aula Mutolo della Sezione di Biologia Cellulare del Dipartimento STEBICEF, in viale delle Scienze, Edificio 16.

Tale evento si innesta pienamente nel contesto della convenzione Università-CNR, proponendo uno scambio interculturale mirato a diffondere lo stato dell'arte delle ricerche condotte dai componenti dei due Enti.

Il convegno offre inoltre un'importante occasione di confronto e di incontro anche per colleghi che operano in altre Strutture.

Durante lo svolgimento dei lavori i partecipanti avranno anche l'occasione di trovare momenti di approfondimento sulle tematiche proposte (quali Biologia Molecolare, Biochimica, Biologia dello Sviluppo, Genetica, Fisiologia, Microbiologia e molte altre ancora), sia da un punto di vista prettamente metodologico che per quanto attiene la nascita di nuove e proficue collaborazioni.

Per raggiungere tali obiettivi, il convegno si articola alternando due tipologie di sessioni: una inerente le comunicazioni orali e l'altra l'esposizione di poster.

Al fine di promuovere la divulgazione delle attività, tutte le comunicazioni scientifiche sono incluse negli Atti.

Il Comitato Scientifico

Dr. Vincenzo Cavalieri

Dr. Davide Corona

Dr. Marta Di Carlo

Dr. Mirella Ciaccio

Abstract Poster:

Gene and Protein Signatures Associated to Treatment of MDA-MB231 Breast Cancer cells with JAHA , a novel Histone Deacetylases Inhibitor

Librizzi M.,^{1*} Dębski J.,² Dadlez M.,² Spencer J.,³ Luparello C.^{1*}

¹Dipartimento STEBICEF, Università di Palermo (Italy)

²Institute of Biochemistry and Biophysics, Polish Academy of Sciences, Warsaw (Poland)

³Department of Chemistry, School of Life Sciences, University of Sussex (United Kingdom)

*mariangela.librizzi@unipa.it *claudio.luparello@unipa.it

Keywords: **HDACi, Differential Display PCR, Real Time PCR, Proteomic analysis, gene and protein expression patterns**

Jay Amin hydroxamic acid (JAHA) [1] is a novel metal-based SAHA analogue synthesized in vitro, that shows significant cytotoxic activity [2] on MDA-MB231 breast cancer cells. To identify protein signatures associated to its cytotoxic activity, we utilized a proteomic approach to reveal protein expression changes after 18, 24 and 48 h of exposure. The protein identification was performed by mass spectrometry, and a total of eleven differentially-expressed proteins were visualized. Subsequently, Differential Display (DD) gene expression analysis was used to identify gene signatures in MDA-MB231 human breast cancer cell line after exposure to JAHA. We found two genes, Rad50 (DNA repair protein) and NTRK2 (neurotrophic tyrosine kinase, receptor, type 2), upregulated in treated cell preparations, and five genes that encode for Protein kinase C epsilon type, Protein kinase C iota type, Ergic (ER-Golgi intermediated compartment 2KDa protein), MED25 (Mediator of RNA Polymerase II transcription subunit25) and Brefeldine A-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 3 that were significantly down-regulated after treatment with JAHA. The result obtained by DD-PCR will be confirmed by Real Time PCR analysis. Further study will be required to compare the reported signature pattern with that obtained after exposure of MDA-MB231 cells with the parental molecule SAHA, and to understand the biological implications of the expression changes found.

[1] Spencer et al. (2011). *ACS Med Chem Lett.* **2**, 358-62.

[2] Librizzi et al. (2012). *Chem. Res. Toxicol.* **25**, 2608-16.

The effect of the HDACi JAHA on DNA Methylation of breast cancer cells by down-regulating DNMT1 through ERK signaling

Librizzi M.,¹ Chiarelli R.,¹ Segreto C.,^{1*} Caradonna F.,¹ Spencer J.,² Bosco L.,¹ Roccheri M.C.,¹ Luparello C.^{1*}

¹Dipartimento STEBICEF, Università di Palermo (Italy)²Department of Chemistry, School of Life Sciences, University of Sussex (United Kingdom) *claudiasegreto@libero.it, *claudio.luparello@unipa.it

Keywords: **HDACi, DNA Methylation, DNMT1 level, ERK signaling, MDA-MB231 breast cancer cells**

Methylation of CpG repeats in the upstream/promoter regions of genes is an established mechanism of gene silencing in many cell types. DNA methylation results in the recruitment of histone deacetylases (HDACs) to promoter regions, thereby repressing expression of genes. General inhibitors of class I and II HDACs (HDACi), suppress the growth of cancer cells in vitro and in vivo. In this study, we investigated the effect of JAHA [1], a novel HDACi, on the intracellular signaling pathways of MDA-MB231 breast cancer cells. Concerning the MEK pathway JAHA repressed MAP kinase (ERK) activation after 18 h until 30 h of the treatment, and also down-regulated DNA (cytosine-5-)-methyltransferase 1 (DNMT1), a downstream ERK target, already at 18h with an increase up to 48 h. To check the occurrence of changes in the extent of global DNA methylation, genomic DNA was submitted to MeSAP (Methylation Sensitive Restriction Arbitrarily-Primed) PCR [2] using Afa and then HpaII enzymes followed by PCR amplification with an arbitrary primer binding preferentially to guanine and cytosine (GC)-rich regions of DNA, including CpG islands. Preliminary indications suggest the ability of JAHA to induce hypomethylation patterns in tumoral breast cancer cells after 30 h of the treatment. Collectively, these data demonstrate that the HDACi JAHA, by inhibiting ERK activity, regulates DNMT1 expression and ultimately DNA methylation.

[1] Spencer J. et al. (2011). *ACS Med Chem Lett.* **2**, 358-62.

[2] Naselli F. et al. (2014). *Gene* **536**: 29-39