Obiettivi formativi:

Il corso mira ad illustrare i principali approcci di genomica funzionale. Gli studenti impareranno ad approfondire le tecnologie basate sui DNA microarrays e sul sequenziamento di nuova generazione NGS, affrontandone i problemi e comprendendone le prospettive. In particolare gli studenti familiarizzeranno con il data mining: dalla normalizzazione al filtraggio statistico dei dati al gene clustering e alla classificazione ontologica. Si passerà poi a studiare la disponibilità e l'utilizzo di dati di genomica funzionale nei database pubblici e la loro rilevanza per la ricerca in biomedicina. Lo scopo principale è mettere gli studenti in grado di comprendere a fondo le potenzialità delle tecniche di genomica funzionale e le problematiche connesse, in modo da poter giudicare in modo critico le applicazioni ai lavori riportati dalla letteratura scientifica.

-Obiettivi generali:

L'illustrazione teorica dei principi alla base delle principali metodologie utilizzate in genomica funzionale sarà complementata da alcune esercitazioni pratiche sull'uso di software di analisi e in seguito dalla discussione di lavori presi dalla letteratura recente. In tal modo lo studente potrà sviluppare un'attitudine ad interpretare i lavori di genomica funzionale con spirito critico e a pesare il valore e la portata di analisi di quel tipo.

- Obiettivi specifici:

1.Conoscenza e comprensione: Lo studente dovrà conoscere i principi di base, le potenzialità e le possibili criticità delle tecniche di genomica funzionale più utilizzate

2.capacità di applicare conoscenza e comprensione: Lo studente dovrà essere in grado di applicare queste conoscenze all'interpretazione critica di lavori recenti presenti nella letteratura scientifica

3.capacità critiche e di giudizio: Lo studente dovrà dimostrare capacità critiche e di giudizio nel valutare l'impatto e la solidità di lavori presentati di recente nella letteratura scientifica e 4. di saper comunicare al docente e ai colleghi le sue conclusioni

5. Lo studente dovrà dimostrare capacità di proseguire l'applicazione degli strumenti di analisi appresi (software specifici, disponibili gratuitamente in rete) nel suo lavoro sperimentale.

Tecniche ad ampio spettro di Genomica Funzionale:

Microarrays and next generation sequencing 0.3 CFU

Tecnologie basate su DNA microarrays 0.3

Selezione Target, marcatura ed ibridazione dei probe 0.3

Normalizzazione e filtraggio statistico dei dati 0.2

Softwares per analisi microarray 0.4

False discovery rate e significatività dei dati 0. 2

Metodi di Gene clustering 0.4

Gene ontology 0.4

Meta-clustering and meta-analysis 0.3

Biomarcatori per le patologie 0.2

Metodologie per RNAseq 0.2

Pipeline for processing RNAseq data 0.2

Database di dati trascrittomici 0.2

Database di organismi modello 0.2

Immunoprecipitazione della cromatina ChIP 0.2

Mappatura genomica di proteine (ChIP on chip and Chipseq) 0.2

Studio delle interazioni genetiche tra proteine 0.2

Studio delle interazioni fisiche tra proteine 0.2

Organizzazione della cromatina 0.5

Tecniche di analisi della cromatina 0.3

Tecniche di analisi single cell 0.2

Modelli per systems’ biology 0.2

Tecniche di analisi del Microbioma 0.2

General aims:

The course aims to introduce the students to the main approaches to functional genomics. Students will learn to apply the high-throughput techniques based on DNA microarrays and next generation sequencing NGS, measuring their potentials and their problems and limits. Focus will be placed on data mining methodologies, from image analysis to data normalization and statistical filtering to gene clustering and gene ontology. The availability of functional database and their use for improving biomedical research will also be explained.

Specific Topics

Functional genomics and high-throughput methodologies: Next generation sequencing and array-based techniques ; DNA microarrays technology: designing an experiment ; Preparing targets, labeling and hybridization; Image analysis, normalization and statistical filtering; Microarray analysis softwares; False discovery rate and experimental design ;Gene clustering and data mining methods;Gene ontology Il metaclustering; Local and general Databases; model organisms’ Databases; Chromatin Immunoprecipitation; Genomic localization of proteins; Transcriptional regulation of cell cycle ; Damage response; Transcriptional networks in eukaryotic genomes; Genome-wide analysis of epigenetic modifications; Protein Interaction networks and functional networks.

Functional Genomics and high-throughput techniques:

Microarrays and next generation sequencing 0.3 CFU

DNA microarrays technology – experimental design 0.3

Target selection, probe labeling and hybridization 0.3

Data normalization and statistical filtering 0.2

Softwares for microarray analysis 0.3

False discovery rate and data significance 0. 2

Gene clustering methods and data mining 0.4

Gene ontology 0.4

Meta-clustering and meta-analysis 0.4

Using microarrays for pathology profiling 0.2

RNAseq Methodologies 0.2

Pipeline for processing RNAseq data 0.2

Transcriptomics databases 0.2

Model Organisms Databases 0.2

Chromatin Immunoprecipitation 0.2

Genomic mapping of proteins (ChIP on chip and Chipseq) 0.3

Analysis of genetic interactions 0.2

Analysis of physical interactions 0.2

Transcriptional networks and their evolution 0.3

Genomewide chromatin modification analysis 0.4

Techniques for studying single cell transcriptome and epigenome 0.2

Models for systems’ biology 0.2

Microbiome analysis tools 0.2