



SOCIETÀ ITALIANA DI GENETICA AGRARIA

CORSO:

"STRUMENTI BIOINFORMATICI PER L'ANALISI DELLA STRUTTURA
E DELLA FUNZIONE DEL GENOMA"

Volterra, 15-19 giugno 2009

Programma definitivo

Lunedì 15 giugno

In mattinata, arrivi e sistemazione

14.30-15.30 Introduzione al corso (Maria Luisa Chiusano, Università Federico II, Napoli)

15.30-17.00 Gestione ed analisi di dati di sequenza genomici (Paolo Fontana, IASMA, Trento)
Output di un progetto di sequenziamento
Annotazione di sequenze genomiche: dalla sequenza alla funzione, Gene Ontology
Genomica comparativa

17.30-19.00 esercitazioni (Paolo Fontana, IASMA, Trento)

Martedì 16 giugno

09.00-11.00 Analisi di dati di espressione genica: Expressed Sequence Tags (Primetta Faccioli, CRA, Fiorenzuola D'Arda -PC)
Gestione, Consultazione, Utilizzo

11.30-13.30 Metodi predittivi in analisi multivariata di dati: alcune applicazioni alle scienze "omiche"
(Matteo Stocchero, S-IN Soluzioni Informatiche)

14.30-16.30 Consultazione ed Utilizzo di Sequenze Genomiche Annotate (Alessandro Cestaro, IASMA, Trento)
Banche dati nucleotidiche e Genome Browsers

17.00-19.00 Esercitazioni (Alessandro Cestaro, IASMA, Trento)

Mercoledì 17 giugno

09.00-11.00 Analisi di dati di espressione genica: Microarray (Alberto Ferrarini, Università di Verona)
Introduzione alle diverse piattaforme, disegno di probe, analisi dati

11.30-13.00 esercitazioni (Alberto Ferrarini, Università di Verona)

14.30-16.30 Fondamentali sull'allineamento di sequenze (Alberto Policriti, Istituto di Genomica Applicata, Udine)

17.00-19.00 Applicazioni (Simone Scalabrin/Cristian Del Fabbro, Istituto di Genomica Applicata, Udine)
Tour e classificazione dei principali strumenti;
Assemblaggio di sequenze corte.

Giovedì 18 giugno

8.30-10.00 Innovazione nell'analisi genomica: Analisi dei dati di sequenza ottenuti con la tecnologia ILLUMINA (Mario Cappelletti, Affiliazione)

10.30-12.00 Tecnologia SOLiD: da Gigabasi a Terabasi (Raimo Tanzi/Enrico Dallepiatte, Applied Biosystems, Life Technologies)

12.00-13.30 Genome Sequencer 454/Roche, analisi Post-sequenziamento di *long reads* attraverso l'uso dei software dedicati 454 (Michele Iacono, Roche Diagnostics)

15.00-16.30 Analisi funzionale dei Genomi: metodologie e prospettive (Alberto Ferrarini/Massimo Delledonne, Università di Verona)

17.00-19.00 Piattaforme a Confronto (Massimo Delledonne, Università di Verona)

Venerdì 19 giugno

9.00-11.00 Le problematiche in un genoma eterozigote (Riccardo Velasco, IASMA, Trento)

11.30-13.00 L'integrazione dei dati "omics": un esempio (Mario Pezzotti, Università di Verona)

14.30-15.00 Consegna attestati di partecipazione (Prof. Luigi Frusciante, Presidente SIGA)

Direttore del Corso: Daniele Rosellini
Organizzatore Scientifico: Maria Luisa Chiusano

Ulteriori indicazioni:

Il corso offre una panoramica sulle metodologie di bioinformatica per l'analisi genomica nei suoi aspetti strutturali e funzionali. E' mirato, pertanto, a chi svolge attività di ricerca, ha conoscenze di base di biologia molecolare e alfabetizzazione bioinformatica (ossia esperienza di utilizzo delle metodologie piu' diffuse).

Un obiettivo primario del corso è evidenziare le problematiche relative alle specifiche analisi e fornire ai partecipanti conoscenze e strumenti utili per il loro lavoro di ricerca e capacità discrezionale per la risoluzione di specifici problemi.

Si invitano i partecipanti a sottoporre ai docenti problematiche specifiche (esempi da discutere) che siano inerenti alle tematiche del corso in modo che queste possano essere prese in considerazione durante le esercitazioni come casi studio.

Nella domanda di ammissione al corso, da presentare mediante il modulo scaricabile nel sito della Società (www.siga.unina.it), deve essere fornito il titolo del proprio progetto di ricerca, una breve descrizione del livello di conoscenza della bioinformatica e, se esiste, il tipo di problema bioinformatico che si affronta più frequentemente. Nella misura in cui sarà possibile, i docenti programmeranno le esercitazioni tenendo conto delle indicazioni dei partecipanti.

Per ulteriori domande relative all'organizzazione e logistica del corso si prega di rivolgersi al Prof. Daniele Rosellini (roselli@unipg.it).

Per ulteriori domande relative ai contenuti del corso si prega di rivolgersi alla Dott. Maria Luisa Chiusano (chiusano@unina.it)

