



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.