

# Testi del Syllabus

Resp. Did. **LICASTRO DANILO** **Matricola: 013722**

Docente **LICASTRO DANILO, 3 CFU**

Anno offerta: **2017/2018**

Insegnamento: **610SM - ANALISI INFORMATICHE DI DATI GENOMICI**

Corso di studio: **SM53 - GENOMICA FUNZIONALE**

Anno regolamento: **2017**

CFU: **3**

Settore: **BIO/11**

Tipo Attività: **D - A scelta dello studente**

Anno corso: **1**

Periodo: **Primo Semestre**

Sede: **TRIESTE**



## Testi in italiano

**Lingua insegnamento** Italiano

**Contenuti (Dipl.Sup.)**

Elementi di genomica

- Richiami sull'organizzazione del genoma e dei metodi per il sequenziamento massivo di DNA ed RNA.
- Banche dati di acidi Nucleici (EMBL,NCBI, EBI)

Elementi di analisi dei dati genomici in ambiente R

- Nozioni di base sul linguaggio R
- variabili e strutture dati
- istruzione condizionale e iterativa
- concetto di funzione e libreria di funzioni
- input/output da file (formati csv, txt)
- elementi di output grafico (istruzione plot)
- Introduzione alla libreria Bioconductor
- Database biologici
- Uso dei navigatori genomici (UCSC Genome, Ensemble, BioMart)
- Elaborazione in R delle tabelle di annotazione UCSC, Ensemble, BioMart
- Analisi dati di microarray in ambiente R
- Analisi di qualità (normalizzazione)
- Analisi geni differenzialmente espressi (test statistici e fold change)
- Gene set enrichment (GO, GSEA)
- Analisi di sequenze in ambiente R
- Algoritmi di allineamento
- Algoritmi di predizione regioni codificanti.
- Algoritmi di annotazione
- Metanalisi su sequenze pubbliche.

**Testi di riferimento** Dispense distribuite dal docente durante il corso.

<b>Obiettivi formativi</b>	L'insegnamento di ANALISI INFORMATICHE DI DATI GENOMICI si propone di fornire conoscenze delle tecniche di base per l'analisi di dati in Genomica. Al termine del corso lo studente conoscerà le interrelazioni esistenti tra la produzione ,in laboratorio, dei dati genomici e la sua analisi. Apprenderà inoltre i principali processi di analisi di microarray e delle diverse piattaforme NGS.
<b>Altre informazioni</b>	Danilo Licastro PhD. CBM S.c.r.l. Area Science Park 34149 Basovizza, Trieste T +390403757720 F +390403757710 email: danilo.licastro@cbm.fvg.it  Orario di Ricevimento: da Lunedì a Venerdì ore 9-13 Previa appuntamento
<b>Modalità di verifica dell'apprendimento</b>	La modalità di verifica dell'apprendimento si compone di 1) Esame a risposta multipla volto ad accertare l'acquisizione delle conoscenze fondamentali del corso. L'esame generalmente consiste in 15 domande, inerenti i temi trattati durante le lezioni frontali. 2) Esercitazione pratica sui contenuti del corso. L'esame generalmente consiste in un progetto da consegnare come codice commentato entro la fine del corso. La valutazione, espressa in trentesimi, tiene conto del livello di conoscenza e di approfondimento degli argomenti trattati.



## Testi in inglese

	Italian
	<p>Elements of genomic</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Organization of the genome, methods for deep sequencing of DNA and RNA.</li> <li>• Databases of Nucleic Acids (EMBL, NCBI, EBI)</li> </ul> <p>elements of genomic data analysis in the environment R</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Basics on the R language</li> <li>• Variables and data structures</li> <li>• Conditional statement and iterative</li> <li>• Concepts of function and function library</li> <li>• File input / output (csv formats, tsv)</li> <li>• Graphic output elements (plot instruction)</li> <li>• Introduction to Bioconductor Library</li> <li>• Biological Database</li> <li>• Use of genomic navigators (UCSC Genome, Ensemble, BioMart)</li> <li>• Processing in R of the UCSC annotation tables, Ensemble, BioMart</li> <li>• Microarray data analysis in R</li> <li>• Analysis of the quality (normalization)</li> <li>• Analysis of differentially expressed genes (statistical tests and fold change)</li> <li>• Gene September enrichment (GO, GSEA)</li> <li>• Sequence analysis environment R</li> <li>• Alignment Algorithms</li> <li>• Prediction of regions coding algorithms</li> <li>• Annotation Algorithms</li> <li>• Meta-analysis of public sequences.</li> </ul>

Handouts distributed by the teacher during the course.