

Attività formativa	GENETICA E GENOMICA FUNZIONALI				
Modulo didattico	MODULO II APPROCCI BIOTECNOLOGICI PER LA GENOMICA				
CFU	2				
Ore	20				
tipo	Lezioni frontali ed esercitazioni				
Obiettivo formativo	Al termine del corso, lo studente possiede le conoscenze di base necessarie per l' utilizzo delle diverse piattaforme di sequenziamento massivo (GWAS, RNAseq), i processi per un corretto disegno sperimentale per le analisi di espressione genica e di non-coding RNA. Con le esercitazioni verranno passati in rassegna i principali metodi di analisi statistiche dei dati ottenuti e verranno evidenziate le problematiche aperte sull'argomento				
TEMATICA			LEZIONI		
Tema	Obiettivo	Ore		Argomenti	Durata (ore)
Introduzione	Lo studente conosce l'organizzazione dell'insegnamento, della verifica e degli argomenti da studiare.	2	1	Organizzazione delle lezioni e modalità di verifica dell'apprendimento. Introduzione agli argomenti del programma. Presentazione tecniche di utilizzo microarray	2
Tecnologia microarray e tecniche NGS	Lo studente comprende le modalità teoriche e sperimentali delle tecnologie genomiche ad alto potere risolutivo. La comparazione fra le diverse tecniche disponibili con evidenza dei vantaggi e dei limiti permetterà di operare con coscienza e conoscenza nella corretta applicazione delle tecniche suddette nell'ambito dei diversi contesti sperimentali	6	2	Tecnologia microarray: storia, evoluzione e tecniche disponibili. Utilizzo della tecnologia microarray per la valutazione dei non-coding RNA e degli SNPs	2
			3	Tecniche di Sequenziamento Genico: dal progetto genoma al next generation sequencing. Principi di base delle varie piattaforme NGS	2
			4	NGS verso microarray; applicazioni, potenzialità e limiti delle diverse tecnologie. L' utilizzo della tecnologia NGS nella diagnostica molecolare.	2
Esercitazioni	Lo studente apprende le informazioni relative ai diversi programmi che permettono di analizzare i dati ottenuti con la tecnologia microarray e NGS. Lo studente impara anche a utilizzare i software più comuni per l'analisi delle funzioni dei miRNA	12	5-10	Esercitazione al computer. Utilizzo dei programmi di accesso libero per le analisi dei dati di espressione genica e di annotation analysis. Utilizzo del software per l'analisi dei miRNA e della predizione dei loro targets	12