

Corso di Genomica Computazionale (2 c.f.u.)

Fin dai primordi del sequenziamento di DNA, la bioinformatica ha supportato i processi di analisi dei dati genetici. Da quando l'uomo ha cominciato a studiare la sequenza completa del proprio genoma, lo sviluppo di tecniche per il sequenziamento massivo è accelerato progressivamente, e con esso è aumentata di pari passo la necessità di nuovi metodi di analisi dati.

Ad oggi, gli studi genomici risultano fondamentali per la caratterizzazione di qualunque organismo biologico e le tecniche di sequenziamento e di analisi sono in continuo sviluppo.

Il corso di Genomica Computazionale ha l'obiettivo di guidare gli studenti nell'utilizzo dei principali metodi di analisi dati da sequenziamento massivo, e descrivere i principi sui cui questi metodi sono basati. Il programma comprenderà la descrizione degli algoritmi di assemblaggio de novo (OLC e DBG), dei metodi di allineamento (con particolare riferimento all'FM index e l'allineamento BW locale), e delle tecniche di analisi di espressione differenziale (RNA-Seq).