

Corso teorico-pratico

APPROCCI BIOINFORMATICI PER L'ANALISI D'ESPRESSIONE GENICA

16-18 SETTEMBRE 2015

SALA ANFITEATRO, CENTRO DI RICERCA CODIVILLA-PUTTI
ISTITUTO ORTOPEDICO RIZZOLI, BOLOGNA

Docenti

Dr. Andrea Grilli

Laboratorio di Oncologia Sperimentale
Istituto Ortopedico Rizzoli, Bologna

Dr.ssa Manuela Ferracin

Laboratorio per le Tecnologie delle Terapie
Avanzate (LTTA), Università di Ferrara

Dr. Daniel Remondini

Dipartimento di Fisica e Astronomia
Università degli Studi di Bologna

Dr.ssa Valentina Maran

Agilent Technologies Italia, Milano

Comitato Organizzatore

Dott.ssa Katia Scotlandi

Dr. Massimo Serra

Laboratorio di Oncologia Sperimentale
Istituto Ortopedico Rizzoli, Bologna

Comitato Scientifico

Consiglio direttivo dell' AICC
Associazione Italiana di
Colture Cellulari

Informazioni

La partecipazione è limitata
ai **soci AICC** in regola
con la quota associativa
e ai **dipendenti IOR**

Saranno accettate le
domande di partecipazione
inviata entro il **31 agosto 2015**

Iscrizioni

Contattare la segreteria scientifica:
Dott.ssa Evelina F. Sciandra
evelinafiorenza.sciandra@ior.it
Tel: 051/636.6937

Per iscrizioni all'AICC consultare il
sito www.onlus-aicc.org

Corso Accreditato ECM
previsti circa 19-20 crediti

Descrizione

I microarray sono a tutt'oggi la più usata e collaudata tecnica per l'analisi dei profili di espressione genica. Questo workshop è rivolto a **biologici, biotecnologi, medici** e ad altre figure legate alla ricerca che vogliono acquisire e migliorare le loro conoscenze sull'interpretazione dei dati dei microarray, al fine di comprendere i passaggi necessari per definire una signature genica (download di dataset pubblici, analisi dei dati) e per la successiva interpretazione dei dati post-analisi (analisi di enrichment e applicazioni cliniche). Non mancherà un confronto con le nuove tecnologie di Next Generation Sequencing (NGS). Le lezioni in aula saranno seguite da esercitazioni sugli argomenti trattati.

Programma

Mercoledì 16

13.00-14.15 Installazione dei programmi, Registrazione

14.15-14.30 **Saluti dalle autorità**

Sessione I: Introduzione, la preparazione dei campioni, i database

14.30-16.00 **Introduzione:** concetti base sulla tecnologia dei microarray

16.00-16.15 *Coffee-Break*

16.15-17.00 **Wet-lab:** la preparazione dei campioni

17.00-18.00 **Database di microarray:** protocollo MIAME e i repository GEO e ArrayExpress

Giovedì 17

Sessione II: Identificazione di signature geniche, annotazione funzionale

09.00-11.00 **L'analisi dei microarray:** QC, normalizzazione, accenni di statistica, signature geniche

11.00-11.15 *Coffee-Break*

11.15-12.30 **Annotazioni e network:** Gene Ontology, Kegg e i programmi per l'analisi funzionale

12.30-13.30 *Pranzo*

Sessione III: Confronto con le nuove tecnologie NGS

13.30-14.30 **NGS:** la tecnologia, confronto con i microarray.

14.30-14.45 *Coffee-Break*

14.45-18.00 **ESERCITAZIONE**

Venerdì 18

Sessione IV: Uso degli array in clinica

09.00-11.00 **Signature geniche in clinica:** valore diagnostico, prognostico e predittivo

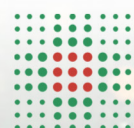
11.00-11.15 *Coffee-Break*

11.15-12.30 **ESERCITAZIONE**

12.30-13.00 **Discussione finale.** Compilazione del questionario. Conclusioni.



ASSOCIAZIONE ITALIANA
CULTURE CELLULARI



SERVIZIO SANITARIO REGIONALE
EMILIA-ROMAGNA
Istituto Ortopedico Rizzoli di Bologna
Istituto di Ricovero e Cura a Carattere Scientifico

