UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI DI MILANO-BICOCCA

COURSE SYLLABUS

Long read sequencing of entire genomes and transcriptomes

2425-117R-GENOMES

Obiettivi

L’insegnamento è focalizzato sulle caratteristiche e sulle applicazioni delle tecnologie di sequenziamento di terza generazione - a reads lunghe. Particolare enfasi sarà dedicata alle tecnologie a Nanopori.

Conoscenza e capacità di comprensione.
Gli studenti familiarizzeranno con le principali tecnologie di sequenziamento di acidi nucleici e approfondiranno le tecnologie che consentono di sequenziare lunghe molecole di DNA e RNA. Infine, acquisiranno i concetti chiave riguardo all'applicazione di queste tecnologie per la caratterizzazione di regione complesse dei genomi e la loro e utilità nell'ambito biotecnologico e biomedicale.

Capacità di applicare conoscenza e comprensione.
Lo studente sarà in grado di applicare le conoscenze acquisite nel corso di attività di laboratorio e di utilizzare la capacità di comprensione ai fini di successive attività di studio e/o di ricerca.

Autonomia di giudizio.
Lo studente sarà in grado di elaborare quanto appreso e saprà riconoscere le situazioni e i problemi in cui le conoscenze apprese possano essere utilizzate.

Abilità comunicative.
Alla fine dell'insegnamento, lo studente saprà descrivere con proprietà di linguaggio e sicurezza di esposizione argomenti inerenti le tecnologie di sequenziamento di acidi nucleici.

Capacità di apprendimento.
Alla fine dell'insegnamento, lo studente sarà in grado di consultare la letteratura sugli argomenti trattati e saprà analizzare, applicare, integrare e collegare le conoscenze acquisite con quanto verrà appreso in insegnamenti ed esperienze di ricerche correlate.

Contenuti sintetici

1. Introduzione al sequenziamento
2. Sequenziamento a Nanopori
3. Analisi di genomi
4. Analisi di trascrittomi
5. Modificazioni del DNA e dell'RNA
6. Sequenziamento di regioni specifiche
7. Sequenziamento di proteine
8. Applicazioni specifiche

Programma esteso

1. Introduzione al sequenziamento: (i) Introduzione a HTS, (ii) Limitazione del sequenziamento a reads corte, (iii) Confronto del sequenziamento a reads corte e lunghe, (iv) Principali tecnologie di sequenzianento a reads lunghe
2. Sequenziamento a Nanopori: (i) Concetti di base, (ii) Piattaforme di sequenziamento, (iii) Concetti di analisi dati, (iv) Algoritmi di allineamento delle reads
3. Analisi di genomi: (i) Assemblaggio di genomi, (ii) Assemblaggio di genomi applicato a genomi complessi di piante, (iii) Studi di popolazione in uomo, (iv) Metagenomica e studio delle comunità microbiche
4. Analisi di trascrittomi: (i) Analisi a livello di isoforme e splicing alternativo, (ii) Identificazione di interi trascritti, (iii) Diversità òtrascrizionale e annotazione, (iv)
   Analisi a singole cellule, (v) Trascrittomica spaziale
5. Modificazioni del DNA e dell'RNA
6. Sequenziamento di regioni specifiche
7. Sequenziamento di proteine
8. Applicazioni specifiche

Prerequisiti

Prerequisiti: nozioni fondamentali di Biologia Molecolare.
Propedeuticità: nessuna.

Modalità didattica

4 lezioni frontali da 2 ore in modalità erogativa (didattica erogativa, DE). Tutte le attività sono svolte in presenza. L'insegnamento è tenuto in lingua italiana.

Materiale didattico

Slide e registrazioni delle lezioni reperibili sulla piattaforma e-learning dell'insegnamento.
Specifici articoli sono indicati al'interno delle slides.

Periodo di erogazione dell'insegnamento

Secondo semestre

Modalità di verifica del profitto e valutazione

Esame orale: discussione degli argomenti trattati durante il corso.

Orario di ricevimento

Ricevimento su appuntamento via e-mail con il docente.

Sustainable Development Goals

SALUTE E BENESSERE