



CORSO SIGA

“Bioinformatica per tutti e per tutto: genomica, epigenomica, trascrittomica”

Udine, 28 Giugno – 1 Luglio 2016

La Società Italiana di Genetica Agraria comunica l'organizzazione del Corso "Bioinformatica per tutti e per tutto: genomica, epigenomica, trascrittomica" che si svolgerà da Martedì 28 Giugno a Venerdì 1 Luglio 2016 a Udine.

Il corso, aperto ad un massimo di 30 partecipanti, è rivolto a ricercatori con basi di biologia molecolare e/o bioinformatica interessati all'analisi di dati di genomica, trascrittomica ed epigenetica che intendano acquisire i fondamenti bioinformatici necessari per l'analisi di dati ottenuti da sequenziatori di nuova generazione.

Per ogni argomento sarà svolta una lezione teorica seguita da un laboratorio pratico di elaborazione dei dati generati da piattaforme Illumina. Lo scopo del corso è quello di rendere i partecipanti autosufficienti nelle analisi base di dati di Next Generation Sequencing.

Il Corso si svolgerà presso il Polo Scientifico Rizzi dell'Università degli Studi di Udine (Via delle Scienze, 206). L'alloggio è previsto presso il B&B Hotel Udine (<http://www.hotelbb.com>). La quota di registrazione al Corso è di Euro 500,00, comprensiva di spese per il pernottamento, coffee break, pranzi, cena sociale e navetta dall'Hotel alla sede del Corso e ritorno; le cene sono a carico dei partecipanti. Per chi desiderasse non usufruire dell'alloggio, la quota è di Euro 300,00. Per coloro che sono Soci SIGA o afferenti a gruppi di Soci SIGA, in regola con il versamento delle quote sociali sino al 2015 incluso, la quota di registrazione è rispettivamente di Euro 450,00 e di Euro 250,00.

Gli interessati a partecipare al Corso sono pregati di compilare l'allegata scheda di pre-registrazione e di inviarla via e-mail entro il 15 Maggio 2016 alla Segreteria della SIGA (segretario@geneticagraria.it), specificando “Corso SIGA” nell'area “Oggetto” della mail. Entro il 25 Maggio 2016 i candidati ammessi al Corso, selezionati in base alla data di trasmissione della scheda di pre-registrazione, all'appartenenza alla SIGA o a gruppi di ricerca diretti da Soci SIGA ed al curriculum, saranno contattati dalla Segreteria SIGA per le istruzioni relative al versamento della quota di partecipazione. La domanda di ammissione al Corso è scaricabile anche dal sito della Società all'indirizzo <http://www.geneticagraria.it>. Con la domanda di ammissione, ogni partecipante si impegna, per l'intera durata del corso, a frequentare regolarmente e attivamente tutte le lezioni e le attività didattiche previste. Alla fine del Corso sarà consegnato l'attestato di partecipazione.

Il Direttore del Corso
Prof. Emidio Albertini

Il Segretario
Prof. Edgardo Filippone

Domicilio Fiscale: Via Università 100 - 80055 Portici (NA) - C. F. 91012180336
Segreteria: Prof. Edgardo Filippone - Dipartimento di Agraria - Via Università 100 - 80055 Portici (NA) - Italy
Tel/Fax (+39) 081 2539100 segretario@geneticagraria.it www.geneticagraria.it

La SIGA aderisce alla Federazione Italiana Scienze della Vita ed alla Associazione Italiana Società Scientifiche Agrarie

Corso SIGA
"Bioinformatica per tutti e per tutto:
genomica, epigenomica, trascrittomica"

Programma

Martedì 28 giugno

Room	Time	Duration	Session	Topic	Speaker
BETA2 (b3)	8:30-9:00	30m	Welcome speech	Presentation of the course	Fabio Marroni
	9:00-10:30	1h30m	Theoretical	Aligning reads to a reference and SNP calling	Gabriele Magris
Caffetteria	10:30-11:00	30m	Coffee break		
BETA3 (b3)	11:00-13:00	2h	Practical	Introduction to Linux/shell	Cristian Del Fabbro
Caffetteria	13:00-14:00	1h	Lunch and socialization		
BETA3 (b3)	14:00-16:00	2h	Practical	Aligning reads to a reference	Gabriele Magris
Caffetteria	16:00-16:30	30m	Coffee break		
BETA3 (b3)	16:18:30	2h	Practical	SNP calling	Mara Miculan

Mercoledì 29 giugno

Room	Time	Duration	Session	Topic	Speaker
BETA3 (b2)	9:00-10:00	30m	Theoretical	Introduction to DNA methylation analysis by BS-seq: overview, challenges and issue	Emanuele De Paoli
Caffetteria	10:00-10:30	30m	Coffee break		
BETA3 (b2)	10:30-12:30	2h	Theoretical	From BS-seq data to genome mapping	Cristian Del Fabbro
BETA3 (b2)	10:30-12:15	1h45m	Theoretical	Genome-wide analysis of small RNAs: miRNA genes and heterochromatic small RNA loci	Emanuele De Paoli
Caffetteria	12:15-13:30	1h15	Lunch and networking		
BETA3 (b3)	13:30-15:15	1h45m	Theoretical	Genome-wide analysis of small RNAs: miRNA genes and heterochromatic small RNA loci	Emanuele De Paoli
Caffetteria	15:15-15:45	30m	Coffee break		
BETA3 (b3)	15:45-17:45	2h	Practical	Genome-wide analysis of small RNAs with the ShortStack software	Emanuele De Paoli

Giovedì 30 giugno

Room	Time	Duration	Session	Topic	Speaker
BETA3 (b3)	9:00-10:15	1h15m	Practical	From BS-mapping to Methylome	Cristian Del Fabbro
Caffetteria	10:15-10:45	30m	Coffee break		
BETA3 (b3)	10:45-12:45	2h	Practical	Analysing the methylome: statistics and visualization	Emanuele De Paoli
Caffetteria	12:45-14:00	1h15	Lunch and socialization		
BETA3 (b3)	14:00-16:00	2h	Theoretical	Applications of RNA-seq	Fabio Marroni
Caffetteria	16:00-16:30	30m	Coffee break		
BETA3 (b3)	16:30-18:30	2h	Practical	RNA-seq data analysis	Fabio Marroni

Venerdì 1 luglio

Room	Time	Duration	Session	Topic	Speaker
BETA3 (b3)	8:30-10:30	2h	Theoretical	Genotyping by Sequencing	Davide Scaglione
Caffetteria	10:30-11:00	30m	Coffee break		
BETA3 (b3)	11:00-13:00	2h	Practical	Genotyping by Sequencing	Davide Scaglione
Caffetteria	12:45-14:00	1h15	Lunch and socialization		
IGA	14:00-14:30	30m		Transfer to IGA	
Caffetteria	14:30-15:45	1h15	Visit to IGA		
IGA	15:45-16:45	1h'	Theoretical	Seminar at IGA	Michele Morgante