

WORKSHOP

ANTHRO-LAB GOES GENOMIC: ONLINE DATABASES AND ANALYTICAL TOOLS

6-8 ottobre 2010

Dipartimento di Biologia Ambientale, Università di Roma "La Sapienza"

Lo sviluppo incessante di metodologie per lo studio del DNA sta traghettando il settore dell'evoluzione e della biodiversità umana da una dimensione genetica a quella genomica. Grazie all'avanzamento tecnologico e all'abbassamento dei costi, la mole di dati "*genome-wide*" di popolazioni umane disponibili, si sta moltiplicando rapidamente. Nella prospettiva sempre più reale dell'utilizzo, a scopi evuzionistici, dei dati genomici di popolazioni umane il workshop "Antro-lab goes genomic: online databases and analytical tools" l'Istituto Italiano di Antropologia ha voluto organizzare un workshop sulle risorse genomiche disponibili on-line e sugli strumenti, informatici e statistici, per l'acquisizione, la gestione e l'analisi statistica di questi dati.

Il workshop è stato tenuto a Roma dal 6 all' 8 ottobre 2010 presso il Dipartimento di Biologia Ambientale dal Dott. Ignazio Piras della SharDNA di Pula (Cagliari) e ha visto la partecipazione di studenti, dottorandi, post-doc e ricercatori. L'organizzazione è stata curata da Paolo Anagnostou (Università di Bologna).

Partecipanti al workshop

Prof. Giovanni Destro-Bisol

Dott.ssa Cinzia Battaglia (personale tecnico)

Dott.ssa Valentina Coia (Phd)

Dott.ssa Valeria Montano (dottoranda)

Dott. Paolo Anagnostou (dottorando)

Dott. Francesco Montinaro (collaboratore esterno)

Dott.ssa Veronica Marcari (collaboratore esterno)

Dott. Nicola Milia (collaboratore esterno)

Dott.ssa Alessandra Congiu (collaboratrice esterna)

Alessandra Arena (studentessa)

WORKSHOP

ANTHRO-LAB GOES GENOMIC: ONLINE DATABASES AND ANALYTICAL TOOLS

MERCOLEDÌ 6 OTTOBRE

Sessione 1a: Panoramica e gestione database genomici on-line

10:00-10:30 Apertura lavori

10:30-12:00 ***Panoramica su alcuni database on line***

 Piattaforme utilizzate per la genotipizzazione

 Popolazioni genotipizzate

 Formato dei file

 Database scaricabili senza restrizioni (HAPMAP,HPDG,Un. UTAH)

 Database disponibili con autorizzazione (EGA,PROPRES)

12:00-13:00 ***Problemi nella gestione dei dati "genome-wide"***

 Apertura e formattazione dei files

 Cenni su R

 Software specifici

 Sistemi operativi

 Comandi "bash"

 Tempi di calcolo

 "Workflow" per il trattamento dei dati

Pausa pranzo

Sessione 1b: Utilizzo del pacchetto software R per operazioni preliminari sui contenuti digitali

15:00-17:30 *Operazioni preliminari sui file con l'utilizzo di R (esercitazione)*

 Apertura del file

 Visualizzazione

 Estrazione di popolazioni

 Corrispondenza SNP

 Conversione in un formato per le successive elaborazioni

17:30- 18:30 Discussione sui temi della sessione 1

GIOVEDÌ 7 OTTOBRE

Sessione 2: Elaborazioni popolazionistiche (ESERCITAZIONE PRATICA)

10:00-12:00 *Analisi delle componenti principali (software: R e EIGENSOFT 3.0) (esercitazione)*

Conversione del file per EIGENSOFT 3.0

PCA

Post-processing del file di output

Grafici

12:00-13:30 *Ancestry (software: R e FRAPPE 1.1) (esercitazione)*

Conversione del file per Frappe 1.1

Analisi dell'Ancestry

Avvio software da R

Grafici

Pausa pranzo

segue Sessione 2

15:00- 17:00 *PLINK (esercitazione)*

Conversione nel formato per PLINK

Frequenze alleliche

Hardy-Weinberg

Frequenze aplotipiche

Omozigosità

Differenziazione allelica e aplotipica

Post processing del dato

Grafici

VENERDÌ 8 OTTOBRE

Sessione 3: Library di R e la genetica delle popolazioni (ESERCITAZIONE PRATICA)

10:00-11:30 *Library di R (PEGAS) (esercitazione)*

Conversione del file nel formato per PEGAS

Hardy-Weinberg

F_{ST}

Post – processing e Grafici

11:30-13:00 *Identity by State (IBS)* (esercitazione)

Percentuale di similarità tra profili genomici

Liste di SNPs con genotipi identici

Visualizzazione grafica delle differenze tra i profili genetici di coppie di individui

Pausa pranzo

Sessione 4: I database genetici on-line (mtdna e cromosoma Y)

15:00-17:00 I database online mtdna e cromosoma Y

A cura di Nicola Milia e Alessandra Congiu