## SCHEDA PROGETTO

TITOLO DELL'*ATTIVITÀ DI RICERCA*

| |
|---|
| Analisi bioinformatica di dati trascrittomici ("RNA-sequencing") in campioni di soggetti affetti da polmonite |

SOGGETTO PROPONENTE

| |
|---|
| **Professoressa Luisa Bracci**<br>**Direttore Dipartimento di Biotecnologie Mediche** |

OBIETTIVI/FINALITA`: **descrizione** ***dell'attività di ricerca***

| |
|---|
| Analisi di dati trascrittomici generati mediante lo strumento Ion Proton di Next Generation Sequencing. I dati provengono da RNA estratto dal sangue intero di volontari affetti da infezioni polmonari. La finalità del progetto è quella di ottenere: (i) un'analisi preliminare dei dati (MDS plots, heatmaps); (ii) l'analisi dei geni differenzialmente espressi nei soggetti infetti; (iii) il posizionamento dei geni differenzialmente espressi in specifiche "pathway" della risposta immune. L'analisi dovrà essere effettuata utilizzando specifici pacchetti (EdgeR, Deseq2, tmod, pathview) del programma R/Bioconductor. |

RESPONSABILE ***dell'attività di ricerca***

| |
|---|
| Prof. Donata Medaglini |

*Il Responsabile dell'attività oggetto della collaborazione garantisce il rispetto delle modalità di espletamento della collaborazione stessa, al solo fine di valutare la rispondenza del risultato con quanto richiesto e la sua funzionalità rispetto agli obiettivi prefissati*

**Eventuale descrizione dell'**ATTIVITÀ COMPLESSIVA ***di ricerca***

| |
|---|
| Si utilizzeranno strumenti bioinformatici quali il programma R/Bioconductor ed i pacchetti sviluppati per l'analisi dei dati trascrittomici (RNA sequencing) per analizzare la risposta immunitaria in soggetti affetti da polmonite acquisita in comunità. Verranno analizzati i dati ottenuti dall'RNA del sangue dei soggetti arruolati, confrontandoli con i dati da volontari sani. L'analisi consisterà nella valutazione preliminare della solidità e coerenza dei dati, essenzialmente mediante "Principal Component Analysis" e clustering dei campioni. Verrà quindi applicata, ove necessaria, una correzione in base alla presenza di "batch effect" e/o l'eventuale esclusione di campioni per i quali si riscontrino problemi tecnici.<br>Si procederà poi all'analisi dei geni differenzialmente espressi nei soggetti affetti da polmonite. La selezione dei geni avverrà utilizzando pacchetti di R quali DeSeq2 ed EdgeR, che tengono in considerazione sia la numerosità dei geni analizzati che l'abbondanza dei trascritti. I geni differenzialmente espressi saranno infine utilizzati per l'analisi dei pathway di espressione in modo da individuare gruppi di geni (moduli) attivati o repressi (co-regolati) specificamente dall'infezione polmonare. |

*Dovranno essere indicate le fasi/sottofasi e i tempi di realizzazione dell'attività (arco di tempo complessivo). Si richiede di prevedere i tempi di realizzazione anche per le fasi dell'attività che si estendono oltre l'anno, anche se in modo meno puntuale. Nell'ultima colonna devono essere indicati i risultati che si intende raggiungere per ciascuna fase. Il numero delle fasi deve essere proporzionato alla durata dell'incarico di collaborazione.*

| | DESCRIZIONE FASI E SOTTOFASI *dell'attività di progetto* | **Tempi di realizzazione (n. giorni)** | **Obiettivi delle singole fasi** |
|---|---|---|---|
| 1 | Analisi preliminare dei dati | **10** | Produzione di grafici ed heatmap che illustrino i rapporti reciproci fra i diversi campioni in esame. Eventuali azioni correttive per eliminare "batch effects". |
| 2 | Analisi dei geni differenzialmente espressi | **10** | Individuare il numero di geni differenzialmente espressi ("up- e down-regolati") fra i diversi gruppi di campioni (affetti o meno da polmonite). |
| 3 | Individuazione di "pathway" della risposta immune attivate dall'infezione polmonare | **10** | Utilizzo dei pacchetti tmod e pathview per classificare e visualizzare i gruppi di geni differenzialmente espressi |

DURATA complessiva dell'attività (giorni) 30

**Il Proponente**
**Professoressa Luisa Bracci**

**Il Responsabile del progetto**
**Prof. Donata Medaglini**