

SCHEDA PROGETTO

TITOLO DELL'ATTIVITÀ DI RICERCA

Analisi bioinformatica di dati trascrittomici ("RNA-sequencing") in campioni di soggetti vaccinati

SOGETTO PROPONENTE

Professoressa Luisa Bracci
Direttore Dipartimento di Biotecnologie Mediche

OGGETTIVI/FINALITÀ: 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 vaccinati. 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 vaccinati; (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 Medagliani

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 vaccinati. Verranno analizzati i dati ottenuti dall'RNA del sangue dei soggetti arruolati dopo somministrazione del vaccino, confrontandoli con i dati prima della vaccinazione. 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. Si procederà poi all'analisi dei geni differenzialmente espressi ai vari tempi dopo vaccinazione. 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 dalla vaccinazione.

Devono essere indicate le fasi sottolisi e i tempi di realizzazione dell'attività (con 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.
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

 UNIVERSITÀ
DI SIENA 1240
DIPARTIMENTO DI BIOTECNOLOGIE MEDICHE

Il Responsabile del progetto
Prof. Donata Medaglini

