

Alessandra R. Brazzale, 25/06/2011

Sintesi:

-----

I progressi scientifici e tecnologici nel campo della genomica funzionale hanno permesso di passare dallo studio di un numero molto ristretto di geni e proteine all'analisi di un intero genoma, consentendo di ottenere una visione globale dei meccanismi biologici alla base del funzionamento cellulare. L'opportunità, senza precedenti, di poter comprendere i processi che trasformano le cellule normali in cellule patologiche, o le cellule staminali in cellule terminalmente differenziate, non può però prescindere dallo sviluppo di metodi e modelli statistici per l'analisi delle informazioni acquisite con le recenti tecnologie genomiche. Infatti, nonostante l'importante e rapido sviluppo tecnologico, gravi lacune nei metodi per l'analisi e la modellazione dei segnali biologici costituiscono tuttora l'elemento limitante per un reale sfruttamento dei dati genomici.

L'enorme quantità e varietà di dati di espressione genica disponibili nelle banche dati pubbliche rappresenta una risorsa solo parzialmente sfruttata. La maggior parte dei dati sono stati, infatti, analizzati con lo scopo di identificare quei geni che caratterizzano in maniera distintiva un determinato fenotipo, mentre poco si è fatto per utilizzare i profili di espressione genica nello studio dei meccanismi regolativi della trascrizione, ovvero nella ricostruzione delle reti geniche. È sempre più evidente che per ricostruire efficacemente i circuiti che regolano l'espressione genica è necessario integrare i dati di espressione con informazioni genomiche funzionali e strutturali. È quindi cruciale sviluppare nuovi modelli probabilistici e tecniche statistiche in grado di supportare, attraverso l'analisi della grande quantità di dati biologici disponibili, lo studio globale dei meccanismi alla base del funzionamento cellulare.

Il programma formativo di ricerca proposto mira allo sviluppo di un approccio statistico innovativo per l'analisi integrata dei meccanismi regolativi trascrizionali e post-trascrizionali dell'espressione genomica e delle informazioni genomiche funzionali e strutturali. I risultati raggiunti saranno applicati allo studio del differenziamento delle cellule staminali emopoietiche e cellule mieloidi.