

Laboratorio di Bioinformatica - Presentazione NAR

Relazione associata

Chiara Solito e Aurelia Timis

Corso di Laurea in Bioinformatica
Università degli studi di Verona
A.A. 2021/22

La presente è una relazione riguardante la presentazione nell'ambito dei database trattati nell'issue di. Per il corso di **Laboratorio di Bioinformatica** del CdS in Bioinformatica (Università degli Studi di Verona). Per la stesura di questa dispensa si è fatta fede al materiale didattico fornito direttamente dal professore nell'Anno Accademico 2021/2022. Eventuali variazioni al programma successive al suddetto anno non saranno quindi incluse.

Insieme a questo documento in formato PDF viene fornito anche il codice \LaTeX con cui è stato generato.

Contents

1 Introduzione

2

1 Introduzione

La maggior parte delle varianti, individuate attraverso i GWAS, si trova nella parte non codificante del genoma: ciò suggerisce che tali varianti vadano ad intaccare tratti complessi, alterando l'espressione dei geni vicini, attraverso meccanismi di regolazione, e influenzando in maniera significativa le malattie studiate dai GWAS. Identificare un gene causale è difficile poiché bisogna integrare dati dai GWAS con dati di trascrittomica, proteomica ed epigenomica prendendo in considerazione un'ampia tipologia cellulare o tissutale. In assenza di un portale già esistente che consenta di rispondere sistematicamente a un'ampia gamma di domande biologiche, è stato costruito OTG sulla base della tecnologia più recente per consentire di aggiungere e sfogliare facilmente i dati.