

26/05/2017



**09:30 - 15:00 | Sala Conferenze
Rettorato Università del Salento**

LifeWatch-ERIC

Una infrastruttura di ricerca
Europea sulla biodiversita'
per scienza e societa'

LifeWatch-ERIC

**L'infrastruttura di ricerca Europea
sulla biodiversita' per scienza e societa'**
Conferenza Scientifica



**UNIVERSITÀ
DEL SALENTO**



Banca
Popolare
Pugliese

Lo studio della Biodiversità Molecolare nell'era dei Big Data

Graziano Pesole, CNR-IBIOM e Università di Bari



Istituto di Biomembrane, Bioenergetica
e Biotecnologie Molecolari



**UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI DI BARI
ALDO MORO**

LA BIODIVERSITA'

E' la ricchezza e varietà delle forme di vita e degli ecosistemi del nostro pianeta.

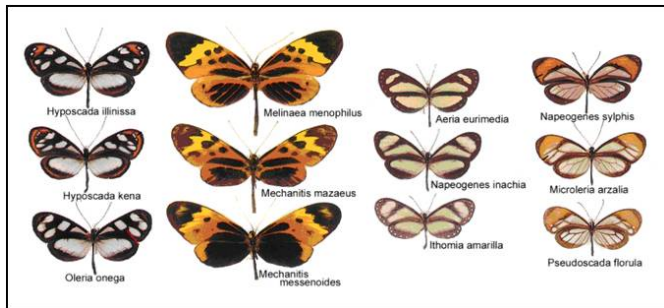
Dato che ogni organismo vivente è dotato di un **corredo genetico specifico sia della specie che dell'individuo** ne discende che l'approccio molecolare, basato sulla caratterizzazione del materiale genetico (e.g. sequenziamento del DNA) è uno strumento potente e oggettivo per determinare la varietà e l'abbondanza relativa delle specie che popolano un dato ambiente.



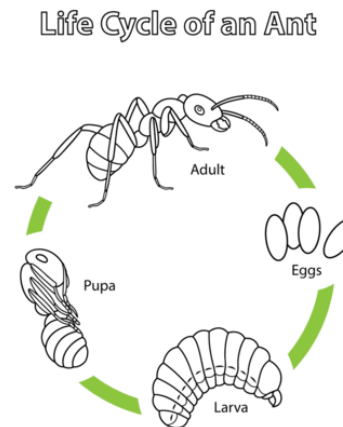
LA BIODIVERSITA' MOLECOLARE

L'approccio molecolare per lo studio della Biodiversità offre una serie di vantaggi rispetto alle metodologie tradizionali, che comunque vanno preservate.

Specie criptiche



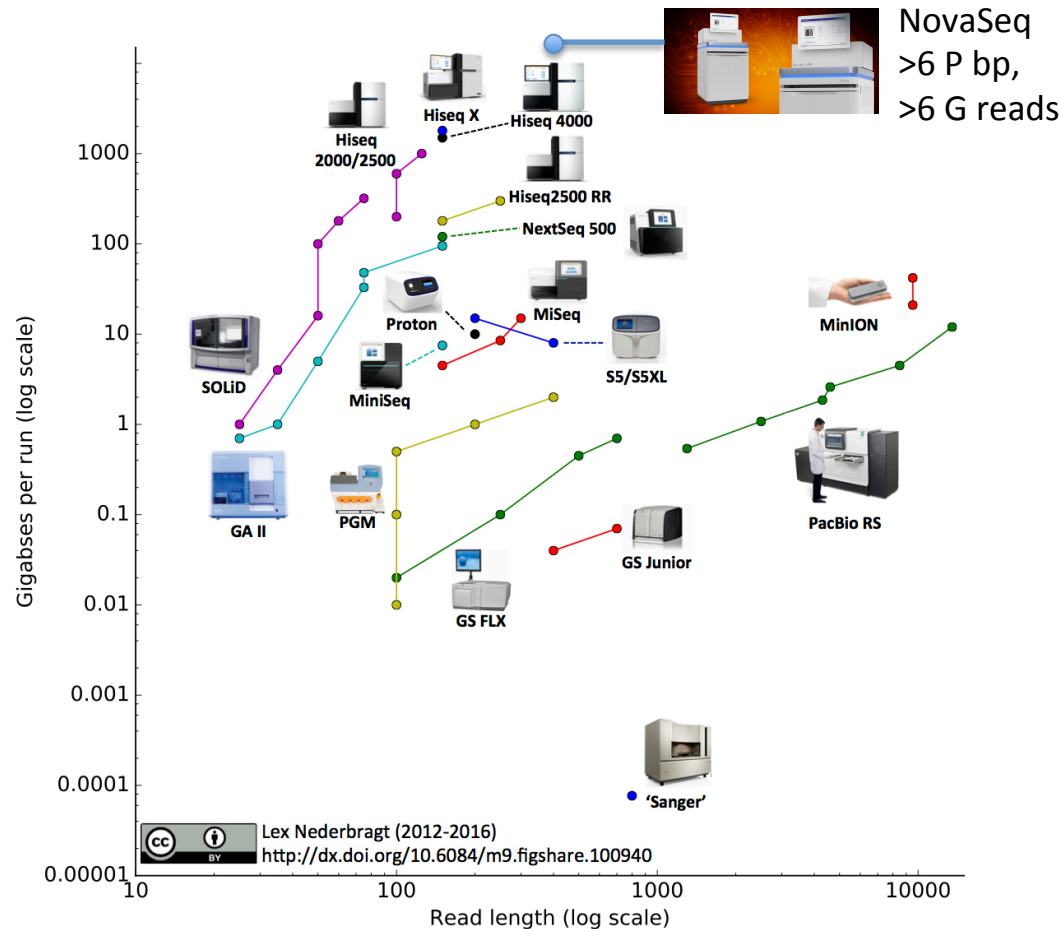
Fasi di sviluppo



Biodiversità microbica



SEQUENZIAMENTO MASSIVO DI SECONDA E TERZA GENERAZIONE



Volume dei
dati prodotti

Costo / bp
(ora 30 cent / Mb)

APPROCCI MOLECOLARI PER L'ANALISI DELLA BIODIVERSITA'

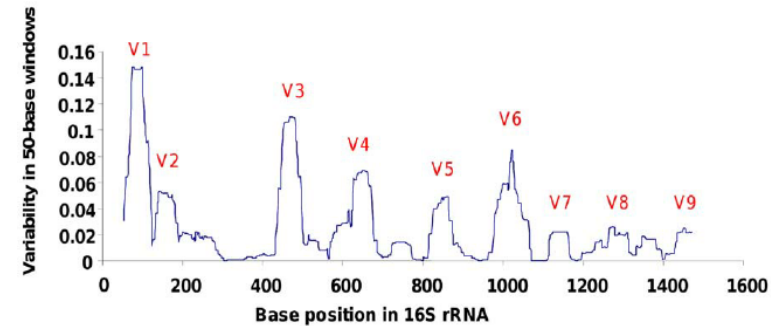
DNA barcoding

1



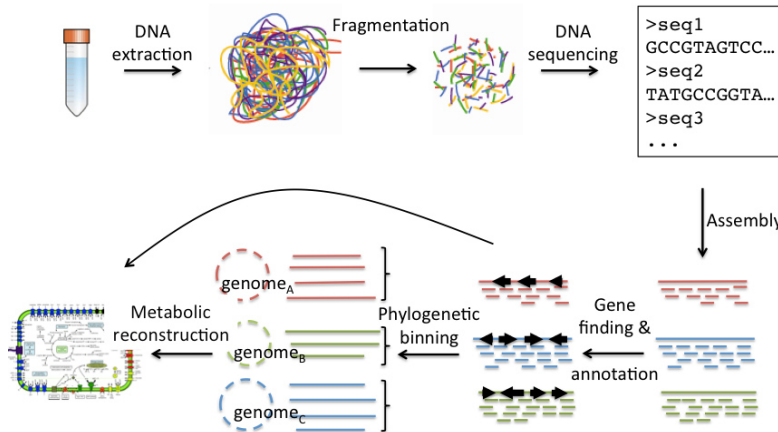
2

DNA metabarcoding



Metagenomica shotgun

3



Metagenomica funzionale

4



Il **Centro Tematico Biomolecolare** di LifeWatch-Italia presso l'IBIOM-CNR di Bari, include anche il Laboratorio di Biodiversità Molecolare (MoBiLab) che mette a disposizione una infrastruttura avanzata per la produzione e l'analisi dei dati di interesse per studi di Biodiversità.

Main Applications

Whole genome sequencing;
RNA sequencing;
Exome sequencing;
and more..



Main Applications

16S Metagenomics;
Targeted RNA;
Custom amplicon;
De novo sequencing;
and more..



1. **Protocolli Meta-barcoding e shotgun** basati su tecnologie di high-throughput sequencing (HTS);
2. **Strumenti per analisi molecolari e bioinformatiche** di organismi procariotici ed eucariotici e loro comunità;
3. **Strumenti per analisi molecolari e bioinformatiche** dei genomi procariotici ed eucariotici e della loro espressione.

BIOINFORMATICA PER LO STUDIO DELLE BIODIVERSITA' MOLECOLARE

L'analisi dei dati richiede l'applicazione di strumenti bioinformatici avanzati, interconnessi a una serie di Banche Dati internazionali, e la disponibilità di infrastrutture ICT adeguate sia in termini di potenza di calcolo che di capacità di storage (es. RECAS, CINECA, etc.).



Bioinformatic analysis of Metagenomic AmpliconS



Workflow for taxon classification of host-associated microbiome from shotgun metagenomic data



A Galaxy Suite for Applied targeted metagenomics

ELIXIR - INFRASTRUTTURA EUROPEA PER I DATI BIOLOGICI



Watch the introduction to ELIXIR

BIOINFORMATICA – FAIR “GOOD PRACTICE” STANDARDS PER I DATI E GLI STRUMENTI DI ANALISI

FAIR Principles

Make your data:

- **F**indable
- **A**ccessible
- **I**nteroperable
- **R**eusable

Findable

- Descriptive metadata
- Persistent Identifiers

Accessible

- Determining what to share
- Participant consent and risk management
- Access status

Interoperable

- XML standards
- Data Documentation Initiative
- CDISC

Reusable

- Rights and licence models
- Permitted and non-permitted use

- Data Quality Management (DQM)
- Data and Tools long-term preservation (LTP)
- Authentication and Authorization Infrastructure (AAI)
-

<http://datafairport.org/>

ACKNOWLEDGMENTS

