

Piano formativo
del Corso¹ di Alta Formazione in:
Bioinformatica

Anno Accademico	2021/2022
Dipartimento	Scienze biochimiche Alessandro Rossi Fanelli
Data Delibera approvazione di attivazione del corso in Dipartimento	08/11/2021
Direttore del Corso	Stefano Pascarella
Numero minimo di ammessi	8
Numero massimo di ammessi	14
Requisiti di ammissione	<p>Sono ammesse persone in possesso di Laurea Magistrale o equivalente delle seguenti classi:</p> <p>Biologia LM-6 Biotecnologie agrarie LM-7 Biotecnologie industriali LM-8 Biotecnologie mediche, veterinarie e farmaceutiche LM-9 Chimica e Tecnologie Farmaceutiche LM-13 Farmacia e farmacia industriale LM-13 Medicina e chirurgia LM-41 Medicina veterinaria LM-42 Scienze chimiche LM-54 Scienze della natura LM-60 Scienze e tecnologie forestali ed ambientali LM-73 Scienze e tecnologie agrarie LM-69 Scienze e tecnologie alimentari LM-70 Scienze zootecniche e tecnologie animali LM-86 Scienze e tecnologie della chimica industriale LM-71</p>

¹ Art. 1 punto 4 del Regolamento in Materia di Corsi di Master, Corsi di Alta Formazione, Corsi di Formazione, Corsi Intensivi D.R. 915/2018

- per Corso di Alta Formazione (CAF) il corso post - lauream professionalizzante di perfezionamento o approfondimento specialistico istituito in base alla L. 341/1990 art. 6. Vi si accede con la laurea, ha durata inferiore all'anno, consente l'acquisizione di massimo 20 Cfu e alla sua conclusione è rilasciato un attestato di frequenza;
- per Corso di Formazione (CF), il corso di aggiornamento professionale di durata inferiore all'anno che conferisce fino a un massimo di 10 Cfu. Vi si accede anche con il solo diploma di scuola media superiore e alla sua conclusione è rilasciato un attestato di frequenza;
- per Corsi Intensivi Summer/Winter School) i corsi, di norma residenziali, destinati a soggetti in possesso dei requisiti di cui all'art. 29 del presente regolamento, della durata da una a quattro settimane, connotati internazionalmente che conferiscono fino a un massimo di 10 Cfu e si concludono con il rilascio di un attestato di frequenza

	<p>Scienze e tecnologie per l'ambiente e il territorio LM-75 Scienze delle professioni sanitarie tecniche LM/SNT3 Scienze delle professioni sanitarie della prevenzione LM/SNT4</p> <p>L'ammissione al corso verrà decisa da apposita commissione che valuterà i candidati in base al CV e ai titoli presentati. Il criterio principale di selezione sarà la coerenza del profilo del candidato con gli obiettivi e le finalità del corso.</p>
<p>Obiettivi formativi</p>	<p>Il Corso di Alta Formazione si pone l'obiettivo di fornire competenze necessarie per l'utilizzo di tecniche computazionali avanzate nell'analisi di macromolecole biologiche.</p> <p>In particolare, i partecipanti acquisiranno conoscenze teoriche ed abilità pratiche per l'analisi dati nelle seguenti aree di ricerca:</p> <ul style="list-style-type: none"> - genomica e trascrittomica; - bioinformatica strutturale; - interazioni proteiche; - drug design; - reti biologiche. <p>Il Corso di Alta Formazione è rivolto prevalentemente a soggetti già inseriti in un contesto produttivo o di ricerca accademica o industriale nell'area biotecnologica, interessati a integrare le proprie conoscenze ai fini della crescita professionale. Il Corso è altresì fruibile da neolaureati nelle discipline sopra elencate, interessati ad ampliare o approfondire le conoscenze acquisite durante il percorso formativo universitario. Non sono previsti esami al termine di ciascun modulo. L'attestato di frequenza verrà rilasciato a seguito della discussione collegiale di un elaborato o progetto svolto da ciascun iscritto avendo verificato il possesso dei requisiti di frequenza obbligatoria.</p>
<p>Risultati di apprendimento attesi</p>	<p>1. Conoscenza, e comprensione e capacità di applicazione</p> <p>Al termine del percorso formativo i partecipanti saranno in grado di:</p> <ul style="list-style-type: none"> - utilizzare i comandi della shell Linux per la navigazione del filesystem e la manipolazione di file e cartelle - scrivere semplici programmi e flussi di programmi in bash ed R.- installare e utilizzare pacchetti R per l'analisi di dati biologici (dati di sequenze, di espressione genica, di interazioni molecolari e dati strutturali) - scegliere modelli e test statistici per analisi standard di dati biologici - individuare e consultare le principali banche di

	<p>dati biologici</p> <p>- installare e utilizzare programmi e funzioni di base per analisi di dati biologici. In particolare programmi per: ricerca di sequenze omologhe, allineamenti multipli, analisi filogenetiche, grafica molecolare, sovrapposizione di strutture tridimensionali, inferenza di caratteristiche strutturali e modellizzazione di macromolecole biologiche, analisi genomiche, studio di interazioni proteiche (docking) e reti di interazione, minimizzazione dell'energia e dinamica molecolare.</p> <p>2. Autonomia di giudizio</p> <p>Al termine del percorso i partecipanti sapranno utilizzare criticamente i metodi proposti ed interpretare i risultati. Saranno inoltre in grado di selezionare le tecniche più adatte a risolvere un determinato problema conoscendone i limiti.</p> <p>3. Abilità comunicative</p> <p>I partecipanti al Corso di Alta formazione possiedono già abilità comunicative in ambito scientifico. Al termine del corso avranno acquisito un lessico specifico e saranno in grado di comunicare efficacemente gli ambiti di applicazione ed i limiti dei metodi bioinformatici appresi durante il corso, e di illustrare i contenuti di articoli scientifici a carattere bioinformatico.</p> <p>4. Capacità di apprendimento</p> <p>Al termine del percorso formativo i partecipanti avranno acquisito le competenze per comprendere autonomamente nuovi metodi e progredire nello sviluppo ulteriore delle conoscenze specifiche della materia anche nel proprio ambito lavorativo.</p>
Data di inizio delle lezioni	16/02/2022
Calendario didattico	https://sites.google.com/uniroma1.it/altaformazione-bioinformatica/home
Stage	Non previsto

Modalità di erogazione della didattica	mista
CFU assegnati	20
Docenti Sapienza responsabili degli insegnamenti e relativi curricula brevi (max mezza pagina)	Marco Alfò Stefano Pascarella Domenico Raimondo Rino Ragno
Eventuali partner convenzionati	CNR - IBPM
Sede di svolgimento Sapienza o sedi esterne (obbligo di Convenzione)	Sapienza – Dipartimento di Scienze biochimiche A. Rossi Fanelli - Aula Informatizzata Sapienza - Dipartimento di Chimica e Tecnologia del Farmaco – Aula informatizzata
Quota di iscrizione prevista ripartita massimo in due rate	Euro 1400,00
Eventuali quote di esenzioni parziali o totali dal pagamento della parte di quota di pertinenza del Dipartimento espresse in percentuali rispetto alla quota di iscrizione (max due tipi di esenzioni)	No
Contatti di Segreteria	<ul style="list-style-type: none"> • Segreteria corso caf.bioinfo@uniroma1.it • Dott.ssa Maria Elisabetta Dessj (Responsabile amministrativo) mariaelisabetta.dessj@uniroma1.it • Prof. Stefano Pascarella (Direttore del corso) Stefano.Pascarella@uniroma1.it

Piano delle Attività Formative

(Insegnamenti, Seminari di studio e di ricerca, Stage, Prova finale)

Denominazione attività formativa	Responsabile insegnamento	Settore scientifico disciplinare	CFU	Ore	Tipologia	Lingua
Attività I: Bash shell e scripting Concetti fondamentali dei linguaggi di programmazione Programmazione utilizzando R: linguaggio e software specifico per analisi statistica dei dati	Marco Alfò (Sapienza) Teresa Colombo (CNR) Silvia Gioiosa (CINECA) Allega Via (CNR)	INF/01 SECS-S/01	3,5	30	3 CFU frontali + 0.5 CFU laboratorio informatico. Modalità didattica mista	IT/EN G
Attività II: Introduzione al concetto di banca dati ed esempi principali Browser genomici. Il <u>browser genomico UCSC</u> Principali consorzi di dati internazionali Principi e dati FAIR in ricerca	Teresa Colombo (CNR) Loredana Le Pera (ISS) Rino Ragno (Sapienza) Allega Via (CNR)	BIO/10 BIO/11 CHIM/08	1,0	10	0.5 CFU frontali + 0.5 CFU laboratorio informatico. Modalità didattica mista	IT/ENG
Attività III: Tipi di dati, distribuzioni comuni e descrittori, frequenza e probabilità, concetto di informazione ed entropia. Principali test di significatività statistica, parametrici e non-parametrici. Introduzione alla teoria delle reti complesse. Introduzione al Machine learning (ML) e ai suoi algoritmi di più larga applicazione. Introduzione al Deep learning (DL)	Marco Alfò (Sapienza)	INF/01 SECS-S/01	3,0	28	2 CFU frontali + 1 CFU laboratorio bioinformatico. Modalità didattica mista	IT/ENG
Attività IV: Microarrays: piattaforme, formato di dati, applicazioni principali (es. miRNA microarrays, mRNA microarrays). High-throughput sequencing (HTS): piattaforme, dati, principali applicazioni (es. WGS, WES, RNA-Seq, ChIP-Seq, scRNA-Seq, etc.)	Teresa Colombo (CNR) Loredana Le Pera (ISS)	BIO/10 BIO/11	5,0	48	3 CFU frontali + 2 CFU laboratorio bioinformatico. Modalità didattica mista	IT/ENG

<p>WGS/WES: scopi, formato dati, pipeline standard di analisi RNA-Seq: scopi, formato dati, pipeline standard di analisi Tutorial: RNA-Seq (dai dati grezzi di sequenziamento alla matrice di dati normalizzati, analisi di espressione differenziale e analisi statistica di annotazioni funzionali sovrarappresentate in una lista di geni di interesse) ChIP-Seq: scopi, formato dati, pipeline standard di analisi.</p> <p>Tutorial: miRNA microarrays (pipeline di analisi standard) Tutorial: WES data analysis Tutorial: ChIP-Seq data analysis Tutorial: Cytoscape (visualizzazione e analisi di reti geniche)</p>						
<p>Attività V: Matrici di sostituzione; allineamento di sequenze; programmazione dinamica; matrici di punteggio. Allineamenti multipli; profili, LOGO Ricerche in banche dati: BLAST, PSI-BLAST, HMM Predizione di: struttura secondaria; motivi di sequenza; eliche transmembrana; modifiche post-traduzionali (glicosilazione, etc.). Regioni intrinsecamente disordinate. Analisi strutturale: programmi di visualizzazione, analisi e confronto di strutture 3D. Interazioni proteina-proteina, proteina-acidi nucleici, proteina-peptidi, proteina-piccole molecole Utilizzo delle principali banche dati di interazioni (IntAct e STRING) per costruire una rete di interazioni PPI networks, analisi di interazioni proteiche usando Cytoscape</p>	<p>Stefano Pascarella (Sapienza) Veronica Morea (CNR) Elisabetta Pizzi (ISS) Domenico Raimondo (Sapienza) Allegra Via (CNR) Marco D'Abramo (Sapienza)</p>	<p>BIO/10 BIO/11</p>	<p>4,0</p>	<p>36</p>	<p>3 CFU lezione frontale +1 CFU laboratorio bioinformatico. Modalità didattica ibrida</p>	<p>IT/ENG</p>
<p>Attività VI: Chimica Farmaceutica Computazionale Introduzione al Ligand-Based drug design e QSAR.</p>	<p>Rino Ragno (Sapienza)</p>	<p>BIO/10 CHIM/08</p>	<p>1,5</p>	<p>14</p>	<p>1 CFU lezione frontale +0.5 CFU laboratorio bioinformatico. Modalità didattica mista</p>	<p>IT/ENG</p>

Structure-based drug design, Docking molecolare in chimica farmaceutica. Fragment-based drug design.						
--	--	--	--	--	--	--

Prova finale	Discussione dell'elaborato finale di fronte al collegio dei docenti.	SSD non previsto	1,0	25	Elaborato teorico o sviluppo di un progetto scientifico affidato da uno dei docenti del Corso. L'elaborato può essere indifferentemente in italiano o inglese.
Altre attività	Seminari o Lezioni monografiche a invito su argomenti pertinenti il Corso di Alta Formazione	SSD non previsto	1,0	8	Seminari su invito Lingua: IT/ENG
TOTALE CFU			20		