

**Piano formativo**  
**del Corso\* di Alta Formazione in:**  
**Bioinformatica**

<b>Anno Accademico</b>	2022/2023
<b>Dipartimento</b>	Scienze biochimiche Alessandro Rossi Fanelli
<b>Data Delibera approvazione di attivazione del corso in Dipartimento</b>	19/10/2022
<b>Direttore del Corso</b>	Stefano Pascarella
<b>Numero minimo di ammessi</b>	8
<b>Numero massimo di ammessi</b>	16
<b>Requisiti di ammissione</b>	<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 Tecnologia 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         </p>

\* 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 Cfù 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 Cfù. 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 Cfù e si concludono con il rilascio di un attestato di frequenza

	<p>Scienze e tecnologie della chimica industriale LM-71  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, ai titoli presentati e alle motivazioni espresse. Il criterio principale di selezione sarà la coerenza del profilo e delle motivazioni del candidato con gli obiettivi e le finalità del corso.</p> <p>La commissione potrà ammettere con motivata decisione anche candidati in possesso di Laurea Magistrale appartenente a classi diverse da quelle sopra elencate.</p>
<b>Obiettivi formativi</b>	<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"> <li>- genomica e trascrittomica;</li> <li>- bioinformatica strutturale;</li> <li>- interazioni proteiche;</li> <li>- drug design;</li> <li>- reti biologiche</li> </ul> <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>
<b>Risultati di apprendimento attesi</b>	<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"> <li>- utilizzare i comandi della shell Linux per la navigazione del filesystem e la manipolazione di file e cartelle</li> <li>- scrivere semplici programmi e pipeline in bash ed R</li> <li>- installare e utilizzare pacchetti R per l'analisi dei dati biologici (sequenze, trascrittomica,</li> </ul>

	<p>interattomica, dati strutturali)</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- scegliere modelli e test statistici per le analisi di dati biologici</li> <li>- individuare e consultare le principali banche di dati biologici</li> <li>- installare e utilizzare i programmi di base per analisi e inferenze 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.</li> </ul> <p>2. Autonomia di giudizio</p> <p>Al termine del percorso i partecipanti sapranno utilizzare criticamente i metodi proposti ed interpretare correttamente 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>
<b>Data di inizio delle lezioni</b>	15/02/2023
<b>Calendario didattico</b>	Allegare o linkare

<b>Stage</b>	Non previsto
<b>Modalità di erogazione della didattica</b>	mista
<b>CFU assegnati</b>	20
<b>Docenti Sapienza responsabili degli insegnamenti e relativi curricula brevi (max mezza pagina)</b>	Alessio Colantoni Marco d'Abramo Stefano Pascarella Rino Ragno Domenico Raimondo Allegra Via
<b>Eventuali partner convenzionati</b>	CNR - IBPM
<b>Sede di svolgimento Sapienza o sedi esterne (obbligo di Convenzione)</b>	- Sapienza – Dipartimento di Scienze biochimiche A. Rossi Fanelli - Aula Informatizzata C1 - CU010 - Sapienza – Dipartimento di Chimica e Tecnologie del Farmaco – Aula multimediale – CU019
<b>Quota di iscrizione prevista ripartita massimo in due rate</b>	Euro 1400,00
<b>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)</b>	No
<b>Contatti di Segreteria</b>	Responsabile amministrativo Dott.ssa Maria Elisabetta Dessj mariaelisabetta.dessj@uniroma1.it  Responsabili organizzativi: Teresa Colombo (CNR) Allegra Via Stefano Pascarella e-mail: caf.bioinfo@uniroma1.it  sito web: <a href="https://sites.google.com/uniroma1.it/altaformazione-bioinformatica/home">https://sites.google.com/uniroma1.it/altaformazione-bioinformatica/home</a>



### 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
<b>Modulo 1:</b> Bash shell e scripting Concetti fondamentali dei linguaggi di programmazione Programmazione utilizzando R: linguaggio e software specifico per analisi statistica dei dati	Teresa Colombo (CNR) Allegra Via (Sapienza) Alessio Colantoni (Sapienza) Un docente specialista da selezionare	INF/01 SECS-S/01	3,5	30	3 CFU frontali + 0.5 CFU laboratorio informatico. Modalità didattica mista	IT/ENG
<b>Modulo 2:</b> Introduzione al concetto di banca dati ed esempi principali Browser genomici. Il browser genomico UCSC. Principali consorzi di dati internazionali Principi e dati FAIR in ricerca	Teresa Colombo (CNR) Allegra Via (Sapienza) Rino Ragno (Sapienza) Domenico Raimondo (Sapienza)	BIO/10 BIO/11 CHIM/08	1,0	10	0.5 CFU frontali + 0.5 CFU laboratorio informatico. Modalità didattica mista	IT/ENG
<b>Modulo 3:</b> 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)	Alessio Colantoni (Sapienza) Allegra Via (Sapienza)	INF/01 SECS-S/01	3,0	28	2,0 CFU frontali + 1 CFU laboratorio bioinformatico. Modalità didattica mista	IT/ENG
<b>Modulo 4:</b> 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) Tre docenti specialisti da selezionare	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</p> <p>RNA-Seq: scopi, formato dati, pipeline standard di analisi</p> <p>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)</p> <p>ChIP-Seq: scopi, formato dati, pipeline standard di analisi.</p> <p>Tutorial: miRNA microarrays (pipeline di analisi standard)</p> <p>Tutorial: WES data analysis</p> <p>Tutorial: ChIP-Seq data analysis</p> <p>Tutorial: Cytoscape (visualizzazione e analisi di reti geniche)</p>						
<p><b>Modulo 5:</b></p> <p>Matrici di sostituzione; allineamento di sequenze; programmazione dinamica; matrici di punteggio. Allineamenti multipli; profili, LOGO</p> <p>Ricerche in banche dati: BLAST, PSI-BLAST, HMM</p> <p>Predizione di: struttura secondaria; motivi di sequenza; eliche transmembrana; modifiche post-traduzionali (glicosilazione, etc.). Regioni intrinsecamente disordinate.</p> <p>Analisi strutturale: programmi di visualizzazione, analisi e confronto di strutture 3D.</p> <p>Interazioni proteina-proteina, proteina-acidi nucleici, proteina-peptidi, proteina-piccole molecole</p> <p>Utilizzo delle principali banche dati di interazioni (IntAct e STRING) per costruire una rete di interazioni</p> <p>PPI networks, analisi di interazioni proteiche usando Cytoscape</p>	<p>Veronica Morea (CNR)</p> <p>Stefano Pascarella (Sapienza)</p> <p>Domenico Raimondo (Sapienza)</p> <p>Allegra Via (Sapienza)</p> <p>Un docente specialista da selezionare</p>	<p>BIO/10</p> <p>BIO/11</p>	<p>4,0</p>	<p>36</p>	<p>3 CFU lezione frontale</p> <p>+1 CFU laboratorio bioinformatico.</p> <p>Modalità didattica ibrida</p>	<p>IT/ENG</p>
<p><b>Modulo 6:</b></p> <p>Docking molecolare proteina-proteina</p> <p>Structure-based protein, peptide and drug design.</p> <p>Umanizzazione di anticorpi. Cenni di dinamica molecolare.</p>	<p>Rino Ragno (Sapienza)</p> <p>Marco D'Abramo (Sapienza)</p>	<p>BIO/10</p> <p>CHIM/08</p> <p>CHIM/02</p>	<p>1,5</p>	<p>14</p>	<p>1 CFU lezione frontale</p> <p>+0.5 CFU laboratorio bioinformatico.</p> <p>Modalità didattica mista</p>	<p>IT/ENG</p>

Interazioni di farmaci con target farmacologici. Ligand-based and Structure-based drug design. Molecular Docking per piccole molecole bioattive. Virtual screening mediante approccio farmacoforico e relazioni quantitative struttura- attività (QSAR e 3D QSAR).						
---	--	--	--	--	--	--

<b>Prova finale</b>	Svolgimento del progetto e discussione dell'elaborato finale di fronte al collegio dei docenti.	SSD non previsto	1,0	25	Presentazione di un piccolo progetto scientifico svolto individualmente o in gruppo sotto la supervisione di un docente individuato tra quelli del corso o esterno. L'argomento potrà essere proposto dallo stesso candidato/a. La presentazione può essere indifferentemente in italiano o inglese.
<b>Altre attività</b>	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
<b>TOTALE CFU</b>			<b>20</b>		