



Piano formativo

del Corso* di Alta Formazione in:

Bioinformatica

Anno Accademico	2023/2024
Dipartimento	Scienze biochimiche Alessandro Rossi Fanelli
Data Delibera approvazione di attivazione del corso in Dipartimento	16/10/2023
Direttore del Corso	Stefano Pascarella
Numero minimo di ammessi	10
Numero massimo di ammessi	16
Requisiti di ammissione	Sono ammesse persone in possesso di Laurea Magistrale o equivalente delle seguenti classi: 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

* 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 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 e alle motivazioni o interessi espressi. Il criterio principale di selezione sarà la coerenza del profilo e delle motivazioni del/la candidato/a con gli obiettivi e le finalità del corso. La commissione potrà ammettere con motivata decisione anche candidati in possesso di Laurea Magistrale appartenente a classi diverse da quelle sopra elencate.</p>
Obiettivi formativi	<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 dopo aver verificato il possesso dei requisiti di frequenza obbligatoria.</p>
Risultati di apprendimento attesi	<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 pipeline in bash ed R - installare e utilizzare pacchetti R per l'analisi dei dati biologici (sequenze, trascrittomica, interattomica, dati strutturali)

	<ul style="list-style-type: none"> - scegliere modelli e test statistici per le analisi di dati biologici - individuare e consultare le principali banche di dati biologici - 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. <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>
Data di inizio delle lezioni	05/02/2024
Calendario didattico	Allegare o linkare

Stage	Non previsto
Modalità di erogazione della didattica	mista
CFU assegnati	20
Docenti Sapienza responsabili degli insegnamenti e relativi curricula brevi (max mezza pagina)	Alessio Colantoni Marco d'Abramo Stefano Pascarella Rino Ragno Domenico Raimondo Allegra Via
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 C1 - CU010 - Sapienza – Dipartimento di Chimica e Tecnologie del Farmaco – Aula multimediale – CU019
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	Responsabile amministrativo Dott.ssa Daniela Padulo Daniela.Padulo@uniroma1.it Responsabili organizzativi: Teresa Colombo (CNR) Allegra Via Stefano Pascarella e-mail: caf.bioinfo@uniroma1.it sito web: https://sites.google.com/uniroma1.it/altaformazione-bioinformatica/home



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
Modulo 1: 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
Modulo 2: 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
Modulo 3: 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
Modulo 4: 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 sovrappresentate 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>Modulo 5:</p> <p>Matrici di sostituzione; allineamento di sequenze; programmazione dinamica; matrici di punteggio.</p> <p>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) Stefano Pasquarella (Sapienza) Domenico Raimondo (Sapienza) Allegra Via (Sapienza) Un docente specialista da selezionare</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>Modulo 6:</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) Marco D'Abromo (Sapienza)</p>	<p>BIO/10 CHIM/08 CHIM/02</p>	<p>1,5</p>	<p>14</p>	<p>1 CFU lezione frontale +0,5 CFU laboratorio bioinformatico. Modalità didattica mista</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).						
---	--	--	--	--	--	--

Prova finale	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. L'argomento potrà essere proposto dallo stesso candidato/a. La presentazione 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			