

2nd level - 2009/2010 Master Course in **Bioinformatics and Systems Biology**

Post-graduate training course in the new technologies for processing biological information in the post-genomic era

Organizing secretariat

Elisabetta Lombardini

Fondazione per le Biotecnologie
Viale Settimio Severo 63, Turin (I)

tel. +39 011 6600187

fax +39 011 6600708

elisabetta.lombardini@fobiotech.org

www.masterbioinformatica.it



Università degli Studi
di Torino

Università di Torino



Molecular Biotechnology Center



Istituto Giannino Gaslini



Università Vita-Salute
San Raffaele



FONDAZIONE PER LE
BIOTECNOLOGIE

MASTER UNIVERSITARIO INTERATENEO DI SECONDO LIVELLO IN

“BIOINFORMATICA E BIOLOGIA DEI SISTEMI”

¹UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI TORINO - FACOLTA' DI MEDICINA E CHIRURGIA

SCUOLA UNIVERSITARIA INTERFACOLTÀ PER LE BIOTECNOLOGIE

POLITECNICO DI TORINO – III FACOLTÀ DI INGEGNERIA

UNIVERSITÀ VITA-SALUTE SAN RAFFAELE – MILANO

CENTRO UNIVERSITARIO DI STATISTICA PER LE SCIENZE BIOMEDICHE (CUSSB),

IN COLLABORAZIONE CON:

**UNITÀ OPERATIVA BIOLOGIA MOLECOLARE - ISTITUTO GIANNINA GASLINI –
GENOVA**

FONDAZIONE PER LE BIOTECNOLOGIE - TORINO

PROGRAMMA DIDATTICO



Università degli Studi
di Torino

Università di Torino



Molecular Biotechnology Center



Istituto Giannina Gaslini



Università Vita-Salute
San Raffaele



FONDAZIONE PER LE
BIOTECNOLOGIE

Corso di Biologia e Genetica 10 CFU

Principi di Biochimica

- Basi fisico-chimiche dell'interazione tra macromolecole
- La struttura degli acidi nucleici
- La struttura delle proteine
- La struttura delle membrane cellulari
- Enzimi
- Autoassemblaggio di strutture macromolecolari
- Tecnologie proteomiche fondamentali

Biologia molecolare

- Duplicazione dell'informazione genetica
- Trascrizione e processamento dell'RNA
- Traduzione
- Controllo e dinamica dell'espressione genica
- Struttura ed evoluzione dei genomi eucariotici e procariotici
- Principi tecnici per la caratterizzazione degli acidi nucleici
- Tecniche di sequenziamento genomico

Biologia cellulare

- Struttura della cellula
- Compartimenti subcellulari e traffico di macromolecole
- Principi di microscopia

Genetica

- Analisi mendeliana
- Teoria cromosomica dell'eredità: mitosi e meiosi
- Mappatura genetica
- Estensioni dell'analisi mendeliana
- Caratteri non mendeliani
- Mappatura genetica e mappatura fisica
- Genetica di popolazione

Complementi di probabilità, statistica e teoria dei network = 5 CFU

- Principi di Probabilità e processi stocastici
- Inferenza statistica
- teoria dei test
- Analisi di eventi rari
- Analisi di dati biofisici
- Studi di simulazione
- Distribuzione estrema
- Teoria dei network
- Meccanica statistica
- Uso di R

Biostatistica = 5 CFU

- Studi di associazione genetica
- Analisi di QTL
- Modellazione e analisi di studi longitudinali
- Predizione di outcome clinico
- Design e analisi di trial clinici
- Analisi di sopravvivenza

Database biologici: estrazione ed integrazione di informazioni=8 CFU

- Introduzione a Perl
- Overview storica
- Database di sequenze nucleotidiche e aminoacidiche: RefSeq
- Gene e Swissprot
- Unigene
- PubMed e OMIM
- Database e browser genomici: Ensembl e UCSC
- Database di espressione
- Database di interazioni fisiche e funzionali
- Generazione di networks a partire da database biologici
- Problematiche relative alle Bio-banche
- Esercitazioni di scaricamento e integrazione dati mediante Perl per ogni database analizzato.

Analisi di sequenze = 6 CFU

- Sistemi di scoring
- Allineamento a coppie: algoritmo di programmazione dinamica globale e locale
- Allineamento a coppie: algoritmi euristici
- Assemblaggio di sequenze genomiche
- Deep sequencing, assemblaggio di sequenze genomiche di individui
- Catene di Markov e modelli markoviani
- Allineamenti a coppie mediante modelli markoviani
- Allineamento multiplo
- Profili markoviani
- Analisi filogenetica: relazioni di ortologia e paralogia
- Predizione genica mediante reti neurali e modelli markoviani

Genomica funzionale = 8 CFU

- Metodi per l'analisi su vasta scala dell'espressione genica
- Deep sequencing ed espressione genica: nano-cage
- Identificazione di geni differenzialmente espressi
- Clustering di dati di espressione
- Ontologie funzionali e caratterizzazione funzionale di cluster
- Analisi dei promotori di geni coregolati
- Analisi dei miRNA
- CGH arrays e riarrangiamenti genomici
- Interoperabilità tra dati ottenuti su diverse piattaforme: meta analisi

Biologia dei sistemi = 10 CFU

- Analisi ed integrazione di network biologici
- Estrapolazione di dati ottenuti da diverse specie
- Networks di regolazione genica
- Analisi integrata di QTL ed espressione genica
- Predizione di geni-malattia
- Analisi di eventi di integrazione retrovirale
- Modellizzazione di sistemi biologici
- Evoluzione artificiale
- Network dinamici

Tirocinio e redazione della tesi finale = 8 CFU

| COMITATO SCIENTIFICO | |
|------------------------------|--|
| Nominativo | Struttura di appartenenza |
| Ferdinando Di Cunto | Facoltà di Medicina e Chirurgia, Dipartimento di Genetica, Biologia e Biochimica- Torino |
| Clelia Di Serio | Centro Universitario di Statistica per le Scienze Biologiche, Università Vita-Salute San Raffaele - Milano |
| Roberto Garelo | Politecnico di Torino – Dipartimento di Elettronica |
| Enzo Medico | Facoltà di Medicina e Chirurgia, Dipartimento di Scienze Oncologiche- Torino- |
| Roberto Piva | Facoltà di Medicina e Chirurgia, Dipartimento di Scienze Biomediche e Oncologia Umana-Torino |
| Paolo Provero | Facoltà di Medicina e Chirurgia, Dipartimento di Genetica, Biologia e Biochimica-Torino |
| Lorenzo Silengo | Scuola Universitaria interfacoltà per le Biotecnologie. Fondazione per le Biotecnologie-Torino |
| Luigi Varesio | Istituto Giannina Gaslini - Genova |
| Riccardo Zecchina | Politecnico di Torino – Dipartimento di Fisica |
| Direttore del master: | Ferdinando Di Cunto |



Università degli Studi
di Torino



Molecular Biotechnology Center



Istituto Giannina Gaslini



Università Vita-Salute
San Raffaele



FONDAZIONE PER LE
BIOTECNOLOGIE