

<b>Titolo</b>	<b><i>Genomica e Proteomica computazionale per biologi sperimentali</i></b>
<b>Abstract</b>	Alla figura del biologo sperimentale contemporaneo è richiesta l'abilità di saper combinare tecniche di laboratorio avanzate con la capacità di manipolare e processare dati dal punto di vista bioinformatico. Sebbene il processamento intensivo di dati su larga scala richiede capacità computazionali molto specifiche, l'analisi fine di dati su scala diagnostica richiede precisione e accuratezza e si basa imprescindibilmente sull'interpretazione umana del dato supportata da conoscenze bioinformatiche di base. Questo corso vuole trasferire ai biologi sperimentali conoscenze di base per la comprensione e l'utilizzo di tecniche di bioinformatica nel campo della genomica e della proteomica. Il corso include 40 ore di lezioni frontali e pratiche su dati pubblicamente disponibili ed è rivolto a biologi ad ogni stadio della loro carriera. La conoscenza della bioinformatica non è un prerequisito. Al termine di questo corso i partecipanti avranno familiarizzato con i principali formati di file e pipelines utilizzate nello studio del next-generation sequencing (NGS), con le risorse pubblicamente accessibili relative alle proteine, ed imparato ad utilizzare i principali database di genomica e proteomica attraverso l'interfaccia grafica online. Il corso fornirà ai partecipanti la capacità di effettuare analisi di NGS utilizzando la piattaforma Galaxy, di dati proteomici utilizzando il portale EXPASY, e di utilizzare i dati contenuti nei principali database di genomica e proteomica (Ensembl, Biomart, Variant Effect Predictor, UniProt, PRIDE, risorse sul Proteoma Umano).
<b>Target Audience</b>	Biologi Sperimentali a qualsiasi stadio della loro carriera. La conoscenza della bioinformatica non è un prerequisito.
<b>Obiettivi</b>	Al termine di questo corso i partecipanti avranno familiarizzato con i principali tools bioinformatici e i formati di file utilizzati in genomica e proteomica ed imparato ad accedere ai principali database ed utilizzarli per analisi bioinformatiche attraverso l'uso dell'interfaccia grafica
<b>Risultati attesi</b>	Al termine di questo corso i partecipanti saranno capaci di effettuare analisi di NGS attraverso l'utilizzo della piattaforma Galaxy, caricare e analizzare dati sperimentali nei browser ENSEMBL e UCSC, recuperare dati da Ensembl utilizzando BioMart, effettuare analisi funzionali divarianti genetiche utilizzando Variant Effect Predictor, di effettuare analisi di risultati di studi proteomici con gli strumenti del portale EXPASY e di estrarre informazioni dalle banche dati UniProt, PRIDE, Human Proteome.
<b>Numero di partecipanti</b>	Max 20
<b>Quota di iscrizione</b>	175 Euro

	titolo	ore	Data	Orario	durata	Attività
1	<b>introduzione alla produzione del dato</b>	3.5	2 set mer	15:00	00:30	<i>Introduzione al corso, obbiettivi</i>
				15:30	01:00	<i>Presentazione dei partecipanti (5 minuti ciascuno)</i>
				16:30	00:45	<i>Lezione frontale I parte</i>
				17:15	00:15	<i>Pausa</i>
				17:30	00:30	<i>Lezione Frontale II parte</i>
				18:00	00:30	<i>Domande e discussione</i>
				18:30		<i>Conclusione</i>
2	<b>introduzione alla bioinformatica</b>	3	7 set lun	15:00	00:30	<i>Recap della lezione precedente e verifica</i>
				15:30	00:45	<i>Lezione frontale I parte</i>
				16:15	00:15	<i>Pausa</i>
				16:30	00:30	<i>Lezione Frontale II parte</i>
				17:00	00:30	<i>Domande e discussione</i>
				17:30		<i>Conclusione</i>

<b>3</b>	<b>introduzione alla genomica funzionale</b>	<b>3</b>	<b>9 set mer</b>	15:00	00:30	<i>Recap della lezione precedente e verifica</i>
				15:30	00:45	<i>Lezione frontale I parte</i>
				16:15	00:15	<i>Pausa</i>
				16:30	00:30	<i>Lezione Frontale II parte</i>
				17:00	00:30	<i>Domande e discussione</i>
				17:30		<i>Conclusione</i>
<b>4</b>	<b>introduzione alla proteomica</b>	<b>2.5</b>	<b>14 set lun</b>	15:00	00:30	<i>Recap della lezione precedente e verifica</i>
				15:30	00:45	<i>Lezione frontale I parte</i>
				16:15	00:15	<i>Pausa</i>
				16:30	00:30	<i>Lezione Frontale II parte</i>
				17:00	00:30	<i>Domande e discussione</i>
				17:30		<i>Conclusione</i>
<b>5</b>	<b>Genome Browsers</b>	<b>4</b>	<b>16 set mer</b>	15:00	00:30	<i>Recap della lezione precedente e verifica</i>
				15:30	01:00	<i>Lezione frontale</i>
				16:30	02:00	<i>Esercitazione pratica</i>
				18:30	00:30	<i>Domande e discussione</i>

				19:00		Conclusione
6	<b>Analisi di NGS attraverso l'uso di Galaxy</b>	4	21 set lun	15:00	00:30	Recap della lezione precedente e verifica
				15:30	01:00	Lezione frontale
				16:30	02:00	Esercitazione pratica
				18:30	00:30	Domande e discussione
				19:00		Conclusione
7	<b>Annotazioni funzionali (Dechipper, VEP)</b>	4	23 set mer	15:00	00:30	Recap della lezione precedente e verifica
				15:30	01:00	Lezione frontale
				16:30	02:00	Esercitazione pratica
				18:30	00:30	Domande e discussione
				19:00		Conclusione
8	<b>Data-mining (BioMart)</b>	4	28 set lun	15:00	00:30	Recap della lezione precedente e verifica
				15:30	01:00	Lezione frontale
				16:30	02:00	Esercitazione pratica
				18:30	00:30	Domande e discussione
				19:00		Conclusione

9	UniProt	4	30 set mer	15:00	00:30	Recap della lezione precedente e verifica
				15:30	01:00	Lezione frontale
				16:30	02:00	Esercitazione pratica
				18:30	00:30	Domande e discussione
				19:00		Conclusione
10	PRIDE	4	5 ott lun	15:00	00:30	Recap della lezione precedente e verifica
				15:30	01:00	Lezione frontale
				16:30	02:00	Esercitazione pratica
				18:30	00:30	Domande e discussione
				19:00		Conclusione
11	Human Proteome	4	7 ott mer	15:00	00:30	Recap della lezione precedente e verifica
				15:30	01:00	Lezione frontale
				16:30	02:00	Esercitazione pratica
				18:30	00:30	Domande e discussione
				19:00		Conclusione