

**ATTIVITÀ DIDATTICHE OFFERTE**

Periodo di svolgimento	Denominazione	Denominazione ENG	Docente (eventuale)	Ore	CFU	Modalità di erogazione	Lingua	Obbligo presenza o meno	Contenuti del corso	Contenuti del corso ENG	Obiettivi di apprendimento (learning goals) IT	Obiettivi di apprendimento (learning goals) ENG
Primo anno	Analisi dei Big Data e Bioinformatica	Big data analysis and bioinformatics	Bicciato Silvio	10	2	lezione frontale	inglese	Sì	Con l'avvento delle scienze omiche, che includono genomica, trascrittomica, proteomica e metabolomica, l'analisi computazionale dei Big Data è diventata una sfida importante anche in biologia e biomedicina. Attualmente, è relativamente semplice generare enormi quantità di dati genomici. Tuttavia, l'analisi, l'integrazione e l'interpretazione funzionale di questi dati richiede l'acquisizione di specifiche competenze computazionali. Durante il corso saranno discussi e illustrati gli aspetti più rilevanti dell'analisi dei dati genomici, partendo da studi di caso pratici. Nello specifico, saranno trattati argomenti relativi all'analisi di dati genomici e proteomici generati con le più moderne tecnologie sperimentali per la genomica, la trascrittomica e la proteomica.	With the advent of omics sciences, which include genomics, transcriptomics, proteomics, and metabolomics, the computational analysis of Big Data becomes a significant challenge also in biology and biomedicine. Currently, generating vast amounts of raw genomic data is straightforward. However, analyzing, integrating, and interpreting these data require considerable effort and skill. The program of the course comprises a general overview of critical aspects of genomic data analysis, starting with practical case studies. The course will cover topics related to high-throughput data management of nucleotide sequences (genomics and transcriptomics) and proteins (proteomics).	Il corso si propone di fornire le basi per l'analisi integrata dei profili genomici e proteomici e delle caratteristiche fenotipiche di campioni biologici. Particolare attenzione sarà dedicata alle tecniche di analisi dei dati genomici/proteomici ottenuti con tecnologie high-throughput e alla loro integrazione con le caratteristiche biomolecolari dei campioni al fine di valutare la funzione di geni, di sequenze regolative e di reti di interazione molecolare presenti nel genoma di organismi eucariotici.	The course aims to provide some knowledge bases for the integrated analysis of genomic and proteomic profiles and the phenotypic characteristics of biological samples. Specific attention will be dedicated to computational methods for the analysis of genomic profiles obtained with high-throughput technologies and their integration with the sample bio-molecular characteristics to evaluate the function of genes, regulatory sequences, and molecular interaction networks.
Primo anno	Annotazione funzionale di dati genomici	Functional interpretation of genomic data	Bicciato Silvio	10	2	lezione frontale	inglese	Sì	I risultati ottenuti dall'analisi dei dati genomici richiedono un'interpretazione funzionale per poter rappresentare degli effettivi strumenti di avanzamento della conoscenza in ambito biologico. Considerata la complessità di tali dati, la loro interpretazione funzionale risulta spesso complessa e richiede l'utilizzo di supporti computazionali. In questo corso saranno illustrati metodi computazionali per l'annotazione e l'interpretazione funzionale di esperimenti di analisi dei profili trascrizionali e di ChIP-seq. In particolare, saranno presentati procedure e software per la gene set enrichment analysis di liste di geni e proteine a partire da collezioni di firme molecolari e gene set.	The results obtained from the analysis of genomic data require a downstream functional interpretation to advance our understanding of biological systems. Given the complexity of such data, their functional interpretation is often challenging and requires the use of computational supports. This course will illustrate computational methods for the annotation and functional interpretation of results from the analysis of transcriptional profiles and ChIP-seq data. Specifically, procedures and tools for gene set enrichment analysis of lists of genes and proteins, starting from collections of molecular signatures and gene sets, will be presented.	Il corso vuole fornire la capacità di utilizzare strumenti informatici per l'interpretazione funzionale dei dati genomici e delle loro analisi. L'obiettivo primario è l'apprendimento dei metodi computazionali per interpretare funzionalmente i risultati derivati dall'analisi di dati genomici complessi, con particolare riferimento alle tecniche statistiche per l'analisi di arricchimento funzionale di set di geni.	The goal of the class Functional interpretation of genomic data is to introduce computational methods for the functional interpretation of results obtained from the bioinformatics analysis of genomic data. Specifically, the class will illustrate theoretical and applied computational methods for the functional annotation of genomic data. Particular attention will be devoted to methods for the gene set enrichment analysis.
Primo anno	Citometria di flusso: dai principi di base alle applicazioni in ricerca	Flow cytometry: from basic principles to research applications	Di Liddo Rosa	10	2	lezione frontale	inglese	Sì	Il Corso si propone di fornire una formazione di base nel settore applicativo della Citometria a Flusso per la corretta interpretazione e l'applicazione delle misure citometriche in campo biologico. In dettaglio, l'insegnamento avrà i seguenti obiettivi formativi: - conoscenza dei principi di base della fluorescenza e della interazione luce-particella; - acquisizione dei concetti generali del funzionamento della parte ottica, fluidica ed elettronica del citometro a flusso; - conoscenza delle procedure di controllo della strumentazione e dei parametri ottici misurabili in citometria; - apprendimento delle tecniche di preparazione dei campioni biologici e dei protocolli di analisi di marcatori (di membrana, citoplasmatici e nucleari), della proliferazione cellulare, della citotossicità, dell'apoptosi e delle vie di segnalazione; - analisi dei dati generati e rappresentazione grafica dei risultati. <b>MODALITÀ DIDATTICHE</b> Il Programma prevede una parte di didattica frontale seguita da una fase di didattica interattiva inerente alle principali tipologie di rappresentazione dei dati citometrici.	The course aims to provide the knowledge and skills of basic flow cytometry topics and applications. In detail, the teaching course will have the following educational objectives: - understanding of the basic principles of fluorescence and light-particle interactions; - learning of the general concepts related to fluids, optics, and electronic systems of flow cytometers; - knowledge of the different aspects of flow cytometry, including the quality control of both instrument and measurable parameters; - training in biological sample preparation and detection of cell targets (membrane, cytoplasmic, and nuclear), cell proliferation, cytotoxicity, apoptosis, and signaling pathways; - data analysis and graphical representation.	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Apprendere i concetti di base della citofluorimetria;</li> <li>• definire i protocolli di analisi di citofluorimetria;</li> <li>• preparare i campioni;</li> <li>• acquisire ed interpretare i dati.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Learning of the basic concepts of flow cytometry;</li> <li>• set up of flow cytometry analysis protocols;</li> <li>• cell handling and staining;</li> <li>• data acquisition and analysis.</li> </ul>
Secondo anno	Malattie infettive emergenti: patogenesi, trattamento e prevenzione	Emerging infectious diseases: pathogenesis, treatment and prevention	Barzon Luisa	10	2	lezione frontale	inglese	Sì	In questo corso verranno approfondite le caratteristiche principali e le basi genetiche e molecolari della patogenesi delle infezioni virali emergenti e riemergenti, con particolare riferimento a quelle causate da patogeni identificati come prioritari dall'OMS, come Ebola virus, SARS-CoV-2, dengue virus, Zika virus, West Nile virus, e monkeypox virus. Saranno presi in considerazione inoltre i fattori determinanti l'emergere di nuovi patogeni (compresi i cambiamenti climatici), gli aspetti epidemiologici e le modalità di sorveglianza e early warning, le strategie di prevenzione e controllo, la diagnosi di laboratorio, farmaci e vaccini in fase di sviluppo. Saranno inoltre presentati e discussi in modo interattivo casi di studio.	In this course, the main characteristics and genetic and molecular bases of the pathogenesis of emerging and re-emerging viral infections will be explored in depth, with particular reference to those caused by pathogens identified as priorities by the WHO, such as Ebola virus, SARS-CoV-2, dengue virus, Zika virus, West Nile virus, and monkeypox virus. Additionally, the drivers determining the emergence of new pathogens (including climate change), epidemiological aspects, and methods of surveillance and early warning will be considered. The course will also cover prevention and control strategies, laboratory diagnosis, drugs, and vaccines in development. Case studies will be presented and discussed interactively.	L'obiettivo di questo corso è fornire una comprensione approfondita delle caratteristiche, delle basi genetiche e molecolari, dell'epidemiologia e delle strategie di controllo delle infezioni virali emergenti e riemergenti prioritarie secondo l'OMS, includendo discussioni interattive di casi di studio.	The aim of this course is to provide an in-depth understanding of the characteristics, genetic and molecular bases, epidemiology, and control strategies of emerging and re-emerging viral infections prioritized by the WHO, including interactive discussions of case studies.
Secondo anno	Bioinformatica Strutturale Applicata	Applied Structural Bioinformatics	Toppo Stefano	10	2	lezione frontale	inglese	Sì	Saranno trattati argomenti di bioinformatica strutturale con un approccio pratico partendo da dati di sequenza che saranno analizzati in vari modi. Dall'allineamento multiplo alla filogenesi molecolare e alla costruzione di un modello strutturale proteico su cui verranno mappate le mutazioni aminoacidiche per un confronto. La parte pratica si baserà su sequenze provenienti dagli aplotipi di SARS-CoV-2	Topics of structural bioinformatics will be addressed with a practical approach, starting from sequence data that will be analyzed in various ways. From multiple sequence alignment to molecular phylogenetics and the construction of a protein structural model where amino acid mutations will be mapped for comparison. The practical part will be based on sequences from SARS-CoV-2 haplotypes.	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Analisi di sequenze: ricerca di similarità in banche dati e costruzione/visualizzazione di allineamenti multipli</li> <li>- Filogenesi molecolare: costruzione di alberi filogenetici.</li> <li>- Modellazione strutturale delle proteine: creazione di modelli strutturali di proteine e mappatura delle mutazioni amino acidiche.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Sequence Analysis: similarity search vs. databanks and analysis of multiple alignments</li> <li>- Molecular Phylogenetics: Construction of phylogenetic trees.</li> <li>- Protein Structural Modeling: structural homology modeling and mapping of amino acid mutations.</li> </ul>
Terzo anno	Analisi computazionale di dati genomici a singola cellula	Computational analysis of single cell genomic data	Mattia Forcato	10	2	lezione frontale	inglese	Sì	Introduzione all'analisi dei dati di sequenziamento a singola cellula: piattaforme e preparazione del campione biologico. Protocolli sperimentali per l'acquisizione di profili a singola cellula: trascrizionali (scRNA-seq), di accessibilità della cromatina (scATAC-seq) e multimodali. Analisi dei dati di trascrittomica a singola cellula (scRNA-seq): allineamento delle sequenze, quantificazione dell'espressione, identificazione dei cluster, visualizzazione, annotazione dei cluster. Applicazioni avanzate per l'analisi dei dati di scRNA-seq: studio delle comunicazioni cellula-cellula, analisi delle traiettorie e pseudotime, metodi per l'integrazione di dataset multipli e multimodali. Analisi dei dati di accessibilità della cromatina a singola cellula (scATAC-seq): interpretazione dei dati di accessibilità alla cromatina, inferenza dell'attività genica, integrazione con dati di trascrittomica.	Introduction to the analysis of single cell sequencing data: single cell technologies and biological sample preparation; experimental protocols for the acquisition of single cell genomic profiles: transcriptional (scRNA-seq), chromatin accessibility (scATAC-seq) and multimodal data. Analysis of single cell transcriptional (scRNA-seq) data: sequence alignment; quantification of the expression; identification, visualization and annotation of cell populations. Advanced methods for the analysis of single cell transcriptional profiles: integration of multiple datasets and multimodal data; study of cell-cell communications; analysis of trajectories. Analysis of single-cell chromatin accessibility (scATAC-seq) data: interpretation of chromatin accessibility data; inference of gene activity; integration of transcriptional and chromatin activity data.	Il corso si propone di fornire le conoscenze e le competenze necessarie per l'analisi dei profili genomici a singola cellula. Particolare attenzione sarà dedicata alle tecniche di analisi dei profili genomici ottenuti con tecnologie high-throughput a singola cellula al fine di ricostruire gli ecosistemi cellulari presenti nei tessuti degli organismi eucariotici. Nelle sue diverse articolazioni il corso si propone di far acquisire: 1) Conoscenza e capacità di comprensione a) nell'applicazione di metodi matematici, statistici e informatici per l'analisi di dati genomici a singola cellula; b) nell'utilizzo di metodi computazionali di analisi genomica e post-genomica. 2) Capacità di applicare a) strumenti logico-matematici, statistici e informatici; b) conoscenze di tipo bioinformatico; c) tecniche bioinformatiche per l'analisi, gestione e interpretazione dei dati genomici a singola cellula. 3) Autonomia di giudizio a) nel pianificare e interpretare i dati della sperimentazione in laboratorio; b) nel valutare criticamente le metodologie computazionali e sperimentali che permettono lo studio degli ecosistemi cellulari presenti nei tessuti degli organismi eucariotici; c) nell'interpretare i risultati delle analisi di dati genomici alla luce delle caratteristiche biomolecolari dei campioni analizzati. 4) Abilità comunicative a) nell'esplicitare le metodologie e i dati di analisi. b) nell'interpretare i dati di analisi.	The course aims to provide the knowledge and skills necessary for the analysis of single cell genomic data. Specific attention will be dedicated to computational methods for the analysis of genomic profiles obtained with single cell high-throughput technologies and their application to the reconstruction of cellular ecosystems in eukaryotic tissues. The expected learning outcomes of the class are as follows: 1) Knowledge and understanding a) apply mathematical, statistical, and computer methods to the analysis of genomic data at the single cell level; b) use computational methods for genomic and post-genomic data analysis. 2) Ability to apply a) logical-mathematical, statistical, and informatics tools; b) bioinformatics knowledge; c) bioinformatics techniques for the analysis, management, and interpretation of single cell genomic data. 3) Autonomy of judgment a) plan and interpret experimental data; b) critically evaluate the computational and experimental methodologies for the analysis of cellular ecosystems present in eukaryotic tissues.
Terzo anno	Gene editing: tecnologie e applicazioni	Gene editing: technologies and applications	Cordenonsi Michelangelo	10	2	lezione frontale	inglese	Sì	Le tecnologie di gene editing classiche: knockout e knockin genico nelle cellule staminali embrionali del topo. Gene editing condizionale nel topo: strategie e opportunità. Strategie di incrocio di topi per ottenere genotipi complessi. Le tecnologie di gene editing utilizzanti CRISPR/Cas9: concetti base. Applicazione di CRISPR/Cas9 per knockout genico in cellule umane e murine: vantaggi e svantaggi. Mutagenesi mirata usando CRISPR/Cas9. Knockin genico con CRISPR/Cas9 e la sua applicazione per ottenere gene editing condizionale. Altre strategie di gene editing condizionale con CRISPR/Cas9. Attivazione genica indotta da defective-Cas9: opportunità per esperimenti gain-of-function. Screening usando CRISPR/Cas9: approcci loss-of-function e gain-of-function.	Classic gene editing technologies: gene knockout and knockin in mouse embryonic stem cells. Conditional gene editing in mice: strategies and opportunities. Mouse breeding strategies to obtain complex genotypes. Gene editing technologies using CRISPR/Cas9: basic concepts. Application of CRISPR/Cas9 for gene knockout in human and murine cells: advantages and disadvantages. Targeted mutagenesis using CRISPR/Cas9. Gene knockin with CRISPR/Cas9 and its application to achieve conditional gene editing. Other conditional gene editing strategies with CRISPR/Cas9. Gene activation induced by defective-Cas9: opportunity for gain-of-function experiments. Screening using CRISPR/Cas9: loss-of-function and gain-of-function approaches.	Apprendere le basi delle tecnologie CRIPR/Cas9 e le opportunità che creano alla ricerca biomedica. Imparare a progettare il targeting di geni specifici.	Learn the basics of CRIPR/Cas9 technologies and the opportunities they create for biomedical research. Learn to design targeting specific genes.
<b>ALTRE ATTIVITÀ</b>												
Primo anno (febbraio)	Winter School – Basic and Translational Sciences	Winter School – Basic and Translational Sciences		25	5	lezione frontale / anche a distanza	inglese / italiano	Sì	Seminari sulle scienze di base e traslazionali. I contenuti cambiano ad ogni edizione e spaziano dalla genomica alla riabilitazione, dalla cybersecurity alle discipline omiche	Seminars on basic and translational science. The contents change with each edition and range from genomics to rehabilitation, from cybersecurity to omics disciplines	Gestione della ricerca e della conoscenza dei sistemi di ricerca europei e internazionali	Management of research and knowledge of European and international research systems