



| | |
|------------------------------|--|
| Denominazione | Emerging Infectious diseases: pathogenesis, treatment and prevention |
| SSD | MEDS-26/A |
| Docente (se già definito) | Luisa Barzon |
| Ore | 10 |
| CFU | 2 |
| Periodo di svolgimento | Secondo semestre |
| Modalità di erogazione | <input checked="" type="checkbox"/> In presenza <input type="checkbox"/> A distanza <input type="checkbox"/> Duale |
| Lingua di erogazione | Inglese |
| Obbligo presenza | <input checked="" type="checkbox"/> Sì (70% minima di presenza) <input type="checkbox"/> No |
| Contenuti del corso | 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 ed 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. |



| | |
|---|---|
| Obiettivi di apprendimento | 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. |
| Metodologie didattiche | Lezioni frontali interattive con presentazione di casi di studio |
| Corso su competenze trasversali, interdisciplinari, transdisciplinari | <input checked="" type="checkbox"/> Sì <input type="checkbox"/> No |
| Possibile partecipazione di dottorandi di altri corsi | <input checked="" type="checkbox"/> Sì <input type="checkbox"/> No |
| Prerequisiti (non obbligatorio) | Nessuno |
| Modalità d'esame (se previsto) | Non previsto |
| Materiale studio | Materiale didattico fornito dal docente |
| Informazioni aggiuntive | |



| | |
|------------------------------|--|
| Denominazione | Analisi dei Big Data e Bioinformatica |
| SSD | IBIO-01/A |
| Docente (se già definito) | Silvio Bicciato |
| Ore | 15 |
| CFU | 3 |
| Periodo di svolgimento | 03/2026 |
| Modalità di erogazione | <input checked="" type="checkbox"/> In presenza <input type="checkbox"/> A distanza <input type="checkbox"/> Duale |
| Lingua di erogazione | Inglese |
| Obbligo presenza | <input checked="" type="checkbox"/> Sì (100% minima di presenza) <input type="checkbox"/> No |
| Contenuti del corso | <ol style="list-style-type: none">1. Introduzione all'analisi dei dati genomici da tecnologie high-throughput<ul style="list-style-type: none">– tecnologie high-throughput per l'analisi dei profili genomici– le banche dati per la genomica integrativa– il disegno sperimentale nell'acquisizione di dati genomici con tecnologie high-throughput– la gestione dei metadati e delle informazioni cliniche relative ai campioni biologici2. Metodi per l'estrazione del contenuto informativo dai dati di sequenziamento massivo dell'RNA in bulk<ul style="list-style-type: none">– controllo di qualità dei dati grezzi (raw reads), allineamento delle sequenze e visualizzazione degli allineamenti– algoritmi per la quantificazione dei livelli di espressione genica– metodi di analisi supervisionata per l'identificazione di profili genomici e marker caratterizzanti cellule e tessuti in stati fisiologici diversi |



-
- metodi computazionali per l'inferenza delle frazioni cellulari (metodi di deconvoluzione)
 - strategie computazionali per l'interpretazione funzionale dell'analisi dei profili genomici caratterizzanti cellule e tessuti in stati fisiologici diversi
-

Obiettivi di
apprendimento

Il corso si propone di fornire le conoscenze e le competenze necessarie per l'analisi integrata dei profili genomici e delle caratteristiche fenotipiche di campioni biologici. Particolare attenzione sarà dedicata alle tecniche di analisi dei profili genomici ottenuti con tecnologie high-throughput e alla loro integrazione al fine di valutare la funzione di geni, di sequenze regolative e di reti di interazione molecolare presenti nel genoma di 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 integrata di dati genomici e caratteristiche fenotipiche di campioni biologici
 - 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 la gestione, l'analisi integrata e l'interpretazione di dati genomici
 - 3) Autonomia di giudizio
 - a) nel pianificare e interpretare i dati della sperimentazione con tecnologie genomiche high-throughput
 - b) nel valutare criticamente le metodologie computazionali e sperimentali che permettono lo studio integrato dei genomi e delle caratteristiche molecolari di campioni biologici
 - c) nell'interpretare i risultati dell'analisi integrativa di dati genomici alla luce delle caratteristiche biomolecolari dei campioni analizzati
-

Metodologie
didattiche

L'insegnamento viene erogato mediante lezioni frontali in presenza che vengono svolte con l'ausilio di supporti informatici (presentazioni in Power Point e analisi di dati nell'ambiente computazionale R e nella shell di Unix). È previsto che gli studenti apprendano gli aspetti teorici e applicativi di algoritmi e strumenti informatici essenziali per l'analisi integrata di profili genomici. Le attività pratiche prevedono l'applicazione di metodi per l'analisi dei dati genomici su casi di studio

Corso su
competenze
trasversali,
interdisciplinari,
transdisciplinari

- ☒ Sì
☐ No
-



Possibile
partecipazione di
dottorandi di altri
corsi

☒ Sì
☐ No

Prerequisiti
(non obbligatorio)

Modalità d'esame
(se previsto)

Materiale studio

- Dispense delle lezioni, materiale bibliografico, scripts in R e dati genomici di esempio
- B. Tijss, F. van der Kloet, M. Galland. RNA-seq lesson. Version 2020.04
(<https://scienceparkstudygroup.github.io/rna-seq-lesson/index.html>)
- A. Akalin. Computational genomics with R
(<https://compgenomr.github.io/book/>)
- S. Holmes, W. Huber. Modern statistics for modern biology
(<https://web.stanford.edu/class/bios221/book/index.html>)

Informazioni
aggiuntive



| | |
|----------------------------|--|
| Denominazione | Annotazione funzionale di dati genomici |
| SSD | IBIO-01/A |
| Docente (se già definito) | Silvio Bicciato |
| Ore | 15 |
| CFU | 3 |
| Periodo di svolgimento | 05/2026 |
| Modalità di erogazione | <input checked="" type="checkbox"/> In presenza <input type="checkbox"/> A distanza <input type="checkbox"/> Duale |
| Lingua di erogazione | Inglese |
| Obbligo presenza | <input checked="" type="checkbox"/> Sì (100% minima di presenza) <input type="checkbox"/> No |
| Contenuti del corso | <ol style="list-style-type: none">1. Introduzione all'annotazione e l'interpretazione funzionale di esperimenti di analisi dei profili genomici da tecnologie high-throughput2. I gene set per l'annotazione funzionale dei dati genomici<ul style="list-style-type: none">– costruzione dei gene set– collezioni di firme molecolari e gene set3. Metodi computazionali per l'annotazione e l'interpretazione funzionale dei profili trascrizionali e di ChIP-seq<ul style="list-style-type: none">– metodi di gene set enrichment: over-representation analysis– metodi di gene set enrichment: functional class scoring |
| Obiettivi di apprendimento | Il corso vuole fornire la capacità di utilizzare strumenti informatici per l'interpretazione funzionale dei dati genomici e delle loro analisi. Lo studente acquisisce i concetti fondamentali sui metodi computazionali per l'annotazione funzionale dei risultati ottenuti con le analisi bioinformatiche dei dati genomici. 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 integrata di dati genomici
 - b) nell'utilizzo di metodi computazionali per l'interpretazione funzionale dell'analisi di dati genomici
 - 2) Capacità di applicare
 - a) strumenti logico-matematici, statistici e informatici
 - b) conoscenze di tipo bioinformatico
 - c) tecniche bioinformatiche per l'interpretazione funzionale dell'analisi di dati genomici
 - 3) Autonomia di giudizio
 - a) nel valutare e interpretare funzionalmente i dati genomici
 - b) nel valutare criticamente le metodologie computazionali e sperimentali che permettono lo studio integrato dei genomi e delle caratteristiche molecolari di campioni biologici
 - c) nell'interpretare i risultati dell'analisi di dati genomici alla luce dei meccanismi molecolari dei sistemi cellulari
-

Metodologie didattiche

L'insegnamento viene erogato mediante lezioni frontali in presenza che vengono svolte con l'ausilio di supporti informatici (presentazioni in Power Point e analisi di dati nell'ambiente computazionale R e con applicativi specifici). È previsto che gli studenti apprendano gli aspetti teorici e applicativi di algoritmi e strumenti informatici essenziali per l'analisi integrata di profili genomici. Le attività pratiche prevedono l'applicazione di metodi per l'interpretazione funzionale dei risultati delle analisi di dati genomici su casi di studio. Aspetto fondamentale è l'impiego del proprio PC portatile in aula da parte di ogni singolo studente durante la lezione

Corso su competenze
trasversali,
interdisciplinari,
transdisciplinari

☒ Sì
☐ No

Possibile partecipazione
di dottorandi di altri corsi

☒ Sì
☐ No

Prerequisiti
(non obbligatorio)

Analisi dei Big Data e Bioinformatica

Modalità d'esame (se
previsto)



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI PADOVA

MEDICINA MOLECOLARE

Materiale studio

Dispense delle lezioni, materiale bibliografico, scripts in R e dati
genomici di esempio

Informazioni aggiuntive



| | |
|------------------------------|---|
| Denominazione | Gene editing: tecnologie e applicazioni |
| SSD | BIO/17 e BIO/11 |
| Docente (se già definito) | Michelangelo Cordenonsi |
| Ore | 10 |
| CFU | 2 |
| Periodo di svolgimento | Maggio-Giugno 2026 |
| Modalità di erogazione | <input checked="" type="checkbox"/> In presenza <input type="checkbox"/> A distanza <input type="checkbox"/> Duale |
| Lingua di erogazione | Inglese |
| Obbligo presenza | <input checked="" type="checkbox"/> Sì (100% minima di presenza) <input type="checkbox"/> No |
| Contenuti del corso | <p>Accenni alle 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 utilizzando CRISPR/Cas9: concetti base. Applicazione di CRISPR/Cas9 per knockout genico in cellule umane e murine: vantaggi e svantaggi.</p> <p>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.</p> <p>Attivazione genica indotta da defective-Cas9: opportunità per esperimenti gain of-function. Screening usando CRISPR/Cas9: approcci loss- of-function e gain-of-function.</p> |
| Obiettivi di apprendimento | Apprendere le basi delle tecnologie CRISPR/Cas9 e le opportunità che creano alla ricerca biomedica. Imparare a progettare il targeting di geni specifici. |



| | |
|---|--|
| Metodologie didattiche | L'insegnamento viene erogato mediante lezioni frontali in presenza che vengono svolte con l'ausilio di supporti informatici (presentazioni in Power Point e pianificazione degli esperimenti utilizzando applicazioni presenti sul web). È previsto che gli studenti apprendano gli aspetti teorici e applicativi del gene editing tramite la tecnica del CRISPR/Cas9 e strumenti informatici essenziali per la pianificazione degli esperimenti. Le attività pratiche prevedono l'applicazione di metodi per la pianificazione degli esperimenti utilizzando applicazioni presenti sul web. |
| Corso su competenze trasversali, interdisciplinari, transdisciplinari | <input type="checkbox"/> Sì <input checked="" type="checkbox"/> No |
| Possibile partecipazione di dottorandi di altri corsi | <input checked="" type="checkbox"/> Sì <input type="checkbox"/> No |
| Prerequisiti (non obbligatorio) | Conoscenze delle tecniche di base di biologia molecolare. |
| Modalità d'esame (se previsto) | Non previsto |
| Materiale studio | |
| Informazioni aggiuntive | |



| | |
|------------------------------|--|
| Denominazione | Citometria a flusso: dai principi di base alle applicazioni in ricerca |
| SSD | BIOS-12/A ANATOMIA UMANA |
| Docente (se già definito) | DI LIDDO ROSA |
| Ore | 10 |
| CFU | 2 |
| Periodo di svolgimento | Febbraio-Giugno 2026 |
| Modalità di erogazione | <input checked="" type="checkbox"/> In presenza <input type="checkbox"/> A distanza <input type="checkbox"/> Duale |
| Lingua di erogazione | Inglese - Italiano |
| Obbligo presenza | <input checked="" type="checkbox"/> Sì (70% minima di presenza) <input type="checkbox"/> No |
| Contenuti del corso | 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. |
| Obiettivi di apprendimento | L'insegnamento avrà i seguenti obiettivi formativi: <ul style="list-style-type: none">- 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 segnale;- analisi dei dati generati e rappresentazione grafica dei risultati. |



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI PADOVA

MEDICINA MOLECOLARE

| | |
|---|--|
| Metodologie didattiche | Il Programma prevede una parte di didattica frontale seguita da una fase di didattica interattiva inerente alle principali tipologie di rappresentazione dei dati citometrici. |
| Corso su competenze trasversali, interdisciplinari, transdisciplinari | <input checked="" type="checkbox"/> Sì <input type="checkbox"/> No |
| Possibile partecipazione di dottorandi di altri corsi | <input type="checkbox"/> Sì <input checked="" type="checkbox"/> No |
| Prerequisiti (non obbligatorio) | |
| Modalità d'esame (se previsto) | |
| Materiale studio | |
| Informazioni aggiuntive | |



| | |
|------------------------------|---|
| Denominazione | Analisi computazionale di dati genomici a singola cellula |
| SSD | BIOS-08/A |
| Docente (se già definito) | Mattia Forcato |
| Ore | 20 |
| CFU | 4 |
| Periodo di svolgimento | Aprile- Maggio 2026 |
| Modalità di erogazione | <input checked="" type="checkbox"/> In presenza <input type="checkbox"/> A distanza <input type="checkbox"/> Duale |
| Lingua di erogazione | Inglese |
| Obbligo presenza | <input checked="" type="checkbox"/> Sì (100% minima di presenza) <input type="checkbox"/> No |
| Contenuti del corso | <ul style="list-style-type: none">• 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 |
| Obiettivi di apprendimento | 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
- a. nell'utilizzo di metodi computazionali di analisi genomica e post-genomica

2) Capacità di applicare

- a. strumenti logico-matematici, statistici e informatici
- a. conoscenze di tipo bioinformatico
- a. tecniche bioinformatiche per la gestione, l'analisi integrata e l'interpretazione di dati genomici a singola cellula

3) Autonomia di giudizio

- a. nel pianificare e interpretare i dati della sperimentazione in laboratorio
- a. nel valutare criticamente le metodologie computazionali e sperimentali che permettono lo studio degli ecosistemi cellulari presenti nei tessuti degli organismi eucariotici

nell'interpretare i risultati delle analisi di dati genomici alla luce delle caratteristiche biomolecolari dei campioni analizzati

Metodologie didattiche

L'insegnamento viene erogato mediante lezioni frontali in presenza che vengono svolte con l'ausilio di supporti informatici (presentazioni in Power Point e analisi di dati in ambienti computazionali accessibili via browser Web). È previsto che gli studenti apprendano gli aspetti teorici e applicativi di algoritmi e strumenti informatici essenziali per l'analisi integrata di profili genomici a singola cellula. Le attività pratiche prevedono l'applicazione di metodi per l'analisi dei dati genomici a singola cellula su casi di studio

Corso su competenze trasversali, interdisciplinari, transdisciplinari ☒ Sì ☐ No

Possibile partecipazione di dottorandi di altri corsi ☒ Sì ☐ No



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI PADOVA

MEDICINA MOLECOLARE

Prerequisiti

(non obbligatorio)

Modalità d'esame (se
previsto)

Materiale studio

Informazioni
aggiuntive

- Amezquita et al. Orchestrating Single-Cell Analysis with Bioconductor (<https://bioconductor.org/books/release/OSCA/>)
-



| | |
|-------------------------------|--|
| Denominazione | Bioinformatica Strutturale Applicata |
| SSD | BIOS-08/A |
| Docente (se già definito) | Stefano Toppo |
| Ore | 10 |
| CFU | 2 |
| Periodo di svolgimento | ottobre 2025 |
| Modalità di erogazione | <input checked="" type="checkbox"/> In presenza <input type="checkbox"/> A distanza <input type="checkbox"/> Duale |
| Lingua di erogazione | inglese |
| Obbligo presenza | <input checked="" type="checkbox"/> Sì (100% minima di presenza) <input type="checkbox"/> No |
| Contenuti del corso | 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 |
| Obiettivi di apprendimento | Gli studenti impareranno a familiarizzare con alcune tecniche di bioinformatiche atte all'analisi di varianti strutturali su proteine |
| Metodologie didattiche | Esercitazione al computer. Attività pratica previa introduzione teorica agli argomenti |



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI PADOVA

MEDICINA MOLECOLARE

Corso su
competenze
trasversali,
interdisciplinari,
transdisciplinari

☒ Sì
☐ No

Possibile
partecipazione di
dottorandi di altri
corsi

☐ Sì
☒ No

Prerequisiti
(non obbligatorio)

Nessuno

Modalità d'esame
(se previsto)

Materiale studio

Materiale dato a lezione
