



Alta Formazione Insubria



Università degli studi dell'Insubria
Dipartimento di Scienze Teoriche e Applicate



Fondazione "Scuola di Medicina
Carnaghi A. e Brusatori S.-Onlus"

SCUOLA DI BIOINFORMATICA 2014

Corsi teorico-pratici per l'utilizzo di strumenti statistici e bioinformatici

La Scuola di Bioinformatica, che vanta un'esperienza più che decennale, si rivolge a ricercatori, tecnici, dottorandi e laureati in discipline scientifiche dei corsi di laurea magistrale delle Classi di Biologia, Chimica, Medicina, Professioni Sanitarie, Biotecnologie e Farmacia interessati ad affrontare le problematiche di utilizzo della bioinformatica. Tutti i corsi sono a numero chiuso poiché le lezioni si tengono in aula informatica in parallelo ad esercitazioni pratiche. Le lezioni saranno tenute in italiano.

Sede: Università dell'Insubria, Via Alberto da Giussano 12, Busto Arsizio, Aula informatica

Orario delle lezioni: 10,00-17,00

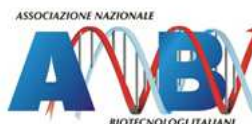
INTRODUZIONE ALLA SYSTEMS BIOLOGY (trascrittomica, proteomica, principi metodologici, analisi statistica), 7-10 Luglio 2014

Docenti: Tiziana Alberio, Mauro Fasano, Riccardo Fesce, Università dell'Insubria; Riccardo L. Rossi, Fondazione INGM, Milano.

PROGRAMMAZIONE STATISTICA IN R, 11-12 Luglio 2014

Docenti: Damiano Preatoni, Francesco Bisi, Università dell'Insubria.

Con il Patrocinio di



In collaborazione con



INTRODUZIONE ALLA SYSTEMS BIOLOGY
(trascrittomica, proteomica, principi metodologici, analisi statistica)

7-10 Luglio 2014

Il corso si propone di introdurre l'analisi statistica di dati "high-throughput" e i metodi per l'interpretazione critica dei risultati attraverso la systems biology.

Prerequisiti: Biochimica e biologia molecolare a livello universitario. Conoscenza di base della tecnologia dei microarray e dell'elettroforesi bidimensionale.

Offerta formativa: 12 ore teoria + 12 ore pratica

PROGRAMMA

Prima giornata - Introduzione alle tecniche post-genomiche (Riccardo Rossi, Tiziana Alberio)

- ✓ High&medium-throughput data (RTqPCR arrays, DNA microarray,)
- ✓ Normalizzazione dei dati
- ✓ Dati di pubblico dominio: GEO and ArrayExpress
- ✓ Gene Ontology e altri database di annotazione
- ✓ Pipeline di analisi dati (microarray)
 - Selezione: identificazione di gene signature, metodi e strumenti
 - Interpretazione: DB di annotazione, GSEA
 - Network: regolazione genica; coespressione (WGCNA)
- ✓ Next-generation-sequencing
 - Cenni sui principali metodi di sequencing
 - Read counts versus average signals
 - Le pipelines di analisi (primaria e secondaria)
- ✓ RNA-seq: confronto con i microarray, vantaggi e differenze.
- ✓ Integrazione e interoperabilità dei dati: verso la Systems Biology
- ✓ Studio del proteoma e proteomica differenziale
- ✓ Piattaforme tecnologiche: elettroforesi bidimensionale vs. tecniche gel-free
- ✓ Proteomica differenziale mediante 2-DE e shotgun
- ✓ Principi dell'analisi di immagine. Il database Swiss-2DPage e altre repository di immagini
- ✓ Analisi dei dati proteomici: test parametrici e non parametrici, ANOVA, analisi multivariata
- ✓ Interpretazione dei risultati e costruzione del modello
- ✓ Identificazione sperimentale delle proteine

Seconda giornata - Statistica per le tecniche post-genomiche (Riccardo Fesce)

- ✓ test di saggio di ipotesi, parametrici e non (test parametrici e per ranghi, analisi della varianza e equivalenti non parametrici)
- ✓ probabilità composte, indipendenza e correlazione
- ✓ test multipli e relative correzioni
- ✓ concetti e utilità di significatività e likelihood
- ✓ sovrarappresentazione di classi di geni
- ✓ approcci di clustering (Pearson, gerarchie, distanza euclidea)
- ✓ probabilità a priori e a posteriori, teorema di Bayes
- ✓ fattori di rischio, rischio relativo, odds ratios
- ✓ attribuzione di significatività a grafi proteomici e reti di proteine
- ✓ analisi funzionale: sovrarappresentazione di termini di Gene Ontology
- ✓ modelli, test di Fisher, likelihood
- ✓ comparazione di modelli, impiego di modelli ai fini predittivi, analisi ROC

Terza giornata - Strumenti bioinformatici per la systems biology (I) (Tiziana Alberio, Mauro Fasano)

- ✓ Reti di proteine
- ✓ Raggruppamento funzionale delle proteine identificate (GO, KEGG, Reactome)

- ✓ Principi di network enrichment: la necessità di arricchire il modello e i gli strumenti web disponibili (String, Bioprofiling, WebGestalt, ...)

Quarta giornata - Strumenti bioinformatici per la systems biology (II) (Tiziana Alberio, Mauro Fasano)

- ✓ La piattaforma cytoscape per l'analisi di reti di geni e proteine
- ✓ I principali plugin: BINGO, Consensus Path DB, Mcode
- ✓ Costruzione ed analisi di reti su problematiche sperimentali/metodologiche incontrate dai partecipanti

Ogni sessione prevede parzialmente o totalmente aspetti applicativi attraverso gli strumenti statistici o bioinformatici relativi agli argomenti trattati. Ogni partecipante è invitato a portare dati da analizzare.

R è un ambiente di programmazione utile per la gestione, l'analisi dei dati e la produzione di grafici molto utilizzato anche in ambito scientifico. E' un software Open Source, disponibile per diversi sistemi operativi, le cui funzionalità possono essere estese in numerosissimi campi applicativi specifici, grazie a un grande numero di pacchetti aggiuntivi.

Obiettivo - Lo scopo di questo corso è quello di presentare agli studenti il software, fornire la preparazione per effettuare l'analisi statistica di un insieme di dati e mostrare le potenzialità del programma attraverso la presentazione di alcune applicazioni in ambito scientifico.

Destinatari - Il corso è rivolto a coloro che sono coinvolti in progetti che prevedono il trattamento di dati a fini statistici e l'analisi dal livello più elementare a quello più avanzato.

Prerequisiti - E' consigliabile una conoscenza di base di statistica e di informatica.

Offerta formativa: 6 ore teoria + 6 ore pratica

PROGRAMMA

- ✓ L'ambiente "R": introduzione
- ✓ Sintassi di base e struttura dei dati: accesso agli elementi (vettori, matrici, array, liste, data.frame) in forma esplicita
- ✓ Import/export dei dati
- ✓ Statistica I: introduzione all'analisi dei dati (calcolo di massimo, minimo, range, media, mediana, deviazione standard)
- ✓ Statistica II: panoramica di utilizzo dei principali test statistici
- ✓ Principali grafici in R (barre, torte, istogrammi, box-plot, diagrammi di dispersione, etc.)

CV of teachers and instructors

Riccardo Fesce, MD, Full Professor of Physiology, Department of Theoretical and Applied Sciences; Scientific Director, Research Centre for Neuroscience, University of Insubria.

Riccardo Fesce graduated in Medicine in 1979 at the University of Milano working on the ultrastructural alterations in the presynaptic membrane that accompany quantal release of acetylcholine at the neuromuscular junction. He later got his Specialisation Diploma in Medical Pharmacology (1985) with a thesis on the pharmacokinetics of closed circuit anaesthesia. From 1983 to 1985 he worked as a Research Associate at the Biophysics Department of the Rockefeller University, New York, NY, and developed a novel approach for measuring quantal release of neurotransmitters by means of a modification of noise analysis procedures. His expertise in statistical and stochastic approaches to signal analysis was recognized by an invited review in *Progress in Neurobiology: "Stochastic Approaches to the Study of Synaptic Transmission"*. From 1985 to 2001 he was Research Associate at the National Research Council (CNR) Centre of Cytopharmacology in Milano. He mostly worked on the establishment of the vesicle hypothesis of quantal secretion, using and correlating morphological (EM, freeze fracture, quick freezing) and electrophysiological data. He also studied synaptic transmission and sensory signal processing at the cytoneural junction of the labyrinthine posterior canal. In 2001 he was appointed Associated Professor and in 2006 Full Professor (Physiology) at Insubria University. In addition to continuing his studies on synaptic transmission and signal processing, he developed a set of primers for RNA fingerprinting by *in silico* simulation and developed a molecular model for the GABA Na-Cl-dependent neurotransporter.

He was among the founders of the Research Centre for Neuroscience at Insubria University (2003) and has directed the centre since 2008. He also was among the founders of the postgraduate school of Neurobiology at the same University (2005), and has been a member of the Board of Advisors ever since.

Since 1990 he has led a number of research projects, funded by CNR or the Italian Ministry for Research (Strategical Projects, National Interest Projects), on the physio-pharmacology of synaptic function at labyrinthine organs, on synaptic transmission at the sympathetic ganglia, and on the development of biotechnological methods (concomitant electrophysiological and calcium imaging measurements) in neuronal cell cultures.

He is an author of 68 papers in peer-reviewed international journals, in addition to contributions to books and encyclopedias. He received more than 1300 citations, with h-index = 23 (Source: Scopus).

Mauro Fasano, Associate Professor of Biochemistry, Department of Theoretical and Applied Sciences, University of Insubria.

Mauro Fasano graduated in Chemistry in 1989 at the University of Torino working on NMR characterization of cell pigments. He later got the Doctorate degree (Chemical sciences, 1992) with a thesis on non-covalent interactions between small paramagnetic molecules and proteins. From 1992 to 2000 he was appointed to the position of Assistant Professor of general chemistry at the University of Torino. Starting from 1st November 2000 he has been appointed as an Associate Professor of Biochemistry at the University of Insubria. He was among the founders of the University outstation in Busto Arsizio establishing there the laboratory of Neuroproteomics and contributing to the development of the Biomedical research division. His research interests are mainly devoted to two main objectives: a) understand molecular mechanisms leading to neurodegeneration to eventually block them by neuroprotective drugs, and b) discover and validate peripheral markers of the disease to allow early and differential diagnosis so that neuroprotective or neurorestorative strategies could be attempted. Both objectives are mainly pursued by means of proteomics techniques, where a first look by a global, hypothesis-free approach is followed by a bioinformatics screening of functional information available in the literature to end up in the generation of a new hypothesis to be confirmed experimentally by classical, hypothesis driven methodologies.

He has been a member of the postgraduate school of molecular and cellular biology of the University of Insubria (2004-2008), and since 2008 he is a member of the Board of Advisors of the postgraduate school of Neurobiology of the University of Insubria. Since 1998 he has been collaborating with the Biotechnology Foundation (www.fobiotech.org) in the National School of Bioinformatics. He has been among the founders of the first Master School in Bioinformatics in Italy.

Mauro is an author of about 130 papers on peer-reviewed international journals, as well as on books, edited books, e-books and encyclopedias. He received more than 3200 citations, with h-index = 29 (Sources: ISI Web of Knowledge and Scopus).

Tiziana Alberio, Assistant Professor of Biochemistry, Department of Theoretical and Applied Sciences, University of Insubria.

Tiziana Alberio graduated in Biology Applied to Biomedical Research in 2006 with the thesis "Effects of DeltaNp73beta isoform, overexpressed in a non-small cell lung carcinoma model". She got her Ph.D. in Neurobiology at the University of Insubria in 2010, with the thesis "The proteomic approach to investigate Parkinson's disease: pathogenetic mechanisms and biomarkers discovery". Starting from April 2011, she was the recipient of a postdoctoral research contract from Regione Lombardia (UNIRE). She is currently Assistant Professor of Biochemistry.

Tiziana approached experimental neuroscience during her Ph.D. in Neurobiology, starting from 2007. She developed cellular models to investigate the processes at the basis of Parkinson's disease and to test the possibility to use lymphocytes as a source for peripheral biomarker of the disease. In both cases, she used a proteomic approach. During the two-year post-doc, she developed a panel of lymphocyte biomarkers, as a model to discriminate Parkinson's disease patients. She is listed as inventor in a international patent on this panel. She participated in an industrial collaborative project on the proteomic analysis of plasma from Parkinson's disease patients and she deepened her knowledge about protein networks to interpret proteomic results.

Tiziana acted as peer-reviewer for Immunotoxicology and Immunopharmacology journal and for Journal of Proteomics. She is author of 16 publications on peer-reviewed international journals.

Riccardo Lorenzo Rossi, PhD. Head of Computational Biology and Data Analysis, Fondazione Istituto Nazionale di Genetica Molecolare (INGM), Milano.

Riccardo L. Rossi graduated in biological sciences at the University of Milan with a thesis on budding yeast cell cycle, working on glucose mediated cell cycle regulation. He then obtained his PhD in Industrial Biotechnology at the University of Milano-Bicocca with a thesis on innovative flow cytometry-based multiparametric detection methods applied to budding yeast research and then working on systems biology approaches to cell cycle regulation. During a two year post doc period spent at the Department of Biochemistry of the University of Washington in Seattle, USA, he deepened his knowledge on metabolic transcriptional regulation of budding yeast.

Back in Italy in 2008, Riccardo moved to INGM where he approached molecular immunology, working on microRNA mediated regulatory transcriptional networks in human lymphocytes. He specialized in microRNA research, medium and high throughput gene and microRNA expression; he authored papers and an international patent on microRNAs as regulators and biomarkers. He currently coordinates a group of computational biologists and informaticians working on high throughput data - mainly transcriptomics, arrays and ngs - generated in the Institute; he and his colleagues are involved in an effort of introducing computational techniques in the realm of biological and clinical data trying to efficiently integrate them.

Damiano Giovanni Preatoni, Assistant professor of Zoology, Department of Theoretical and Applied Sciences, University of Insubria.

Damiano Preatoni graduated in Biological Sciences in 1994 at the University of Milan. He got his Ph.D. in Naturalistic and Environmental Sciences in 2002, at the University of Milan with a research project on Environmental Assessment Models for the estimation of habitat suitability for some species of Ungulates (Bovidae, Cervidae). Later he became Technical Assistant from 1996 to 1998 at the Third Faculty of Mathematical, Physical and Natural Sciences, University of Milan, Varese branch. His current position is Assistant Professor in Zoology, Department of Theoretical and Applied Sciences, Insubria University. Zoologist, specialized in applications of Information Technology to biological, environmental and museological issues, with particular reference to the application of Geographic Information Systems and Information Systems for the monitoring of animal biodiversity, wildlife management and conservation and environmental modeling (e.g. species distribution, ecological networks, environmental assessment models). He has a sound knowledge in the scientific programming field, and routinely uses R/Splus, TeX/LaTeX, Python, HTML, SQL, PHP, ARC/INFO AML, C, C++, Pascal, Visual Basic, Delphi and several other

programming and markup languages.

Francesco Bisi, Research Associate in the Zoology group of the Department of Theoretical and Applied Sciences, University of Insubria.

Francesco Bisi graduated in Biological Sciences at the Insubria University in 2005 with a thesis on "The alpine hare (*Lepus timidus*) in Lombardy Alps: home range analysis and habitat selection". During his studentship he attended the fourth year at Oxford Brookes University. He got his Ph.D. in Analysis, Protection and Management of Biodiversity at Insubria University in 2009. During his Ph.D. he joined for 3 months the Macaulay Land Use Research Institute and followed the project "Investigating dispersal and population responses to harvesting". During 2010 and 2012 he got a postdoctoral fellowship on the project "Capture and mark of Rock Ptarmigan (*Lagopus muta*) in protected and hunting areas, PROGRAMMA ALCOTRA 2007 - 2013". During his job experiences he started focusing his research on heterogeneous datasets harmonization techniques and statistical data analysis mainly in the R software environment. His research now focus on finding relationship between global warming and wildlife population dynamics.

Sede della Scuola di Bioinformatica 2014:

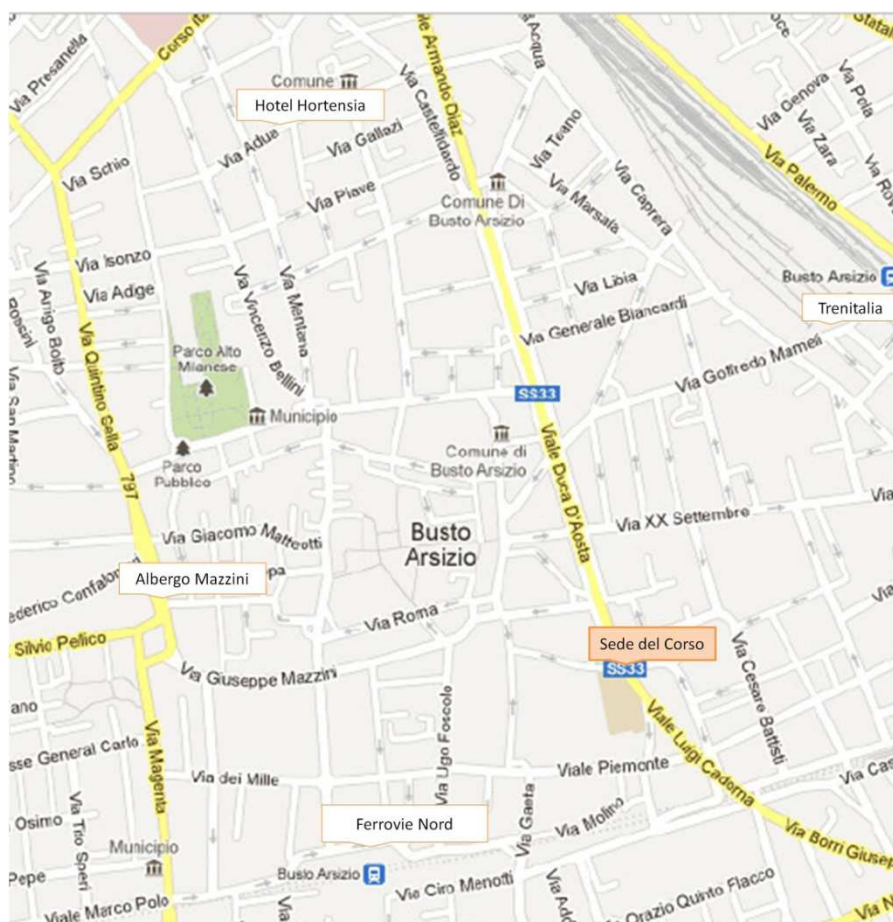
Aula informatica Università dell'Insubria, Via Alberto da Giussano, 12, 21052 Busto Arsizio

Come arrivare:

In treno: Raggiungere le stazioni di Busto Arsizio (via Milano Porta Garibaldi o Passante Ferroviario) o Busto Arsizio Nord (via Novara, Milano Cadorna, Milano Bovisa, Milano Centrale o Milano Porta Garibaldi). Orari consultabili su <http://www.fsitaliane.it/>. Seguire le indicazioni della mappa.

In Auto: Uscire a Busto Arsizio (A8) o Marcallo Mesero (A4, poi superstrada per Malpensa e uscita Vanzaghello) e raggiungere il parcheggio di Piazzale dei Bersaglieri (non disponibile il giovedì). Coordinate GPS 45.607621, 8.857178.

In Aereo: Per chi vola a Milano Linate è consigliabile raggiungere Milano Centrale e seguire le indicazioni per chi viaggia in treno. Percorrenza 65 minuti circa. È consigliabile volare su Milano Malpensa e prendere il Malpensa Express (dal Terminal 1 - orari consultabili su www.trenord.it/) scendendo a Busto Arsizio Nord. Percorrenza 9 minuti.



Indicazioni per il pernottamento:

A 10-15 minuti a piedi:

Hotel Ortensia (***) <http://www.hotelhortensia.it/>
Albergo Mazzini (***) <http://www.albergomazzini.it/>

Raggiungibili solo con mezzo proprio:

Hotel Pineta (****) <http://pineta.lerobinie.com/>
Hotel Le Robinie (****) <http://www.lerobinie.com/>
É disponibile un servizio di prenotazione alberghiera tramite Varese Convention & Visitors Bureau (congressi@vareseturismo.it).

Modalità di partecipazione

I moduli di tutti i livelli non hanno propedeuticità, possono essere frequentati in numero variabile a seconda degli interessi e delle necessità di aggiornamento di ciascuno. Per facilitare l'autovalutazione del livello di ingresso da parte dei partecipanti ad ogni modulo sono associati i requisiti minimi consigliati per una partecipazione efficace. I moduli in presenza sono a numero chiuso, 30 i posti disponibili che vengono assegnati in ordine di iscrizione.

I moduli verranno attivati solo al raggiungimento minimo di 15 iscrizioni.

Le date di erogazione dei moduli possono subire delle modifiche legate ad esigenze dell'organizzazione.

Quote individuali di iscrizione:

(Sconto 10% per afferenti Università dell'Insubria e Società patrocinanti)

	entro il 13 giugno 2014	dopo il 13 giugno 2014
Quarto modulo	€ 440,00	€ 540,00
Quinto modulo	€ 250,00	€ 350,00

Tutte le quote sono da intendersi IVA esclusa

Ulteriore sconto per partecipazione a 2 moduli:

Sconto 10%: partecipazione a 2 moduli

Sconto 15% per la seconda iscrizione con la stessa affiliazione

Pagamento della quota da effettuare con bonifico bancario:

Beneficiario: D'Urso & Fanali S.r.l. – AFInsubria

IBAN IT23X055845023300000000229

BIC/SWIFT BPMIITMMXXX CIN X

Causale: Nome Cognome n__ modulo scuola di bioinformatica 2014

Segreteria scientifica e organizzativa:
Dott.ssa Gabriella Fanali, Alta Formazione Insubria
Cell. 338 9636719, e-mail: gabriella.fanali@afinsubria.org
<http://www.afinsubria.org>

