



SCUOLA DI BIOINFORMATICA 2008

La Scuola di Bioinformatica, organizzata dalla Fondazione per le Biotecnologie, si rivolge a occupati e non, tecnici, laureati e dottorandi in discipline scientifiche soprattutto dei corsi di laurea di Scienze MFN, Medicina, Biotecnologie e Farmacia nonché dipendenti di enti pubblici e della realtà industriale e ricercatori universitari interessati ad affrontare le problematiche di utilizzo della bioinformatica.

Ogni edizione di ciascun corso è a numero chiuso con un massimo 20 partecipanti poiché le lezioni si svolgono interamente in aula informatica dove si svolgono anche le esercitazioni con l'utilizzo dei PC. Negli scorsi anni di programmazione della scuola hanno partecipato in totale oltre 600 persone, con una partecipazione di studenti provenienti da tutto il territorio nazionale.

L'edizione 2008 è profondamente rinnovata e arricchita rispetto alle precedenti. Accanto ai moduli base (**statistica e bioinformatica base**) e avanzati (**bioinformatica avanzato e microarrays**), che vengono riproposti aggiornati nei contenuti e nei case studies, vengono infatti aggiunti **4 nuovi moduli dedicati agli strumenti di programmazione per la bioinformatica**:

2 moduli propedeutici alternativi:

- **BASI DI PROGRAMMAZIONE PER LA BIOINFORMATICA**
per quanti abbiano background biologico ma non abbiano mai programmato
- **FONDAMENTI DI BIOLOGIA ORIENTATI ALLA BIOINFORMATICA**
(centrato sulle strutture dei geni e sul controllo dell'espressione genica)
per quanti abbiano un background computazionale ma manchino di basi biologiche

2 moduli di programmazione:

- **PROGRAMMAZIONE AVANZATA PER LA BIOINFORMATICA**
- **INTRODUZIONE A R E BIOCONDUCTOR**

Ai moduli in presenza sono affiancati i **4 moduli di Formazione A Distanza FAD** (www.elearning.fobiotech.org):

- FAD I. **Fondamenti di biotecnologie**
- FAD II. **Ingegneria genetica: dal gene alla cellula**
- FAD III. **Approcci innovativi allo studio della genetica**
- FAD IV. **Biotecnologie applicate**



La struttura complessiva della scuola è quindi la seguente:

Scuola di bioinformatica 2008

Moduli base

1. Statistica per l'analisi dei dati di interesse biologico
2. Introduzione alla bioinformatica

Moduli avanzati

3. Bioinformatica avanzato
4. Analisi di Microarrays: algoritmi di clustering

Moduli di programmazione per la bioinformatica

5. Basi di programmazione per la bioinformatica
6. Fondamenti di biologia orientati alla bioinformatica
7. Programmazione avanzata per la bioinformatica
8. Introduzione A R E Bioconductor

Moduli FAD

- FAD I. Fondamenti di biotecnologie
- FAD II. Ingegneria genetica: dal gene alla cellula
- FAD III. Approcci innovativi allo studio della genetica
- FAD IV. Biotecnologie applicate



LIVELLO BASE

Lingue del corso italiano/inglese,
materiale del corso in lingua inglese

MODULO 1 - Statistica per l'analisi dei dati di interesse biologico

Docenti: Dr. Paolo Provero, Dr. Davide Corà

Prerequisiti: matematica a livello di liceo scientifico. Biologia molecolare a livello universitario

Argomenti:

- statistica descrittiva - che cos'è la statistica, che cos'è la probabilità, concetto di inferenza statistica
- media, mediana, moda, deviazione standard, range, ecc. Descrizione di una popolazione per mezzo di grafici
- introduzione alla probabilità - probabilità e distribuzione di probabilità
- distribuzione binomiale, distribuzione normale, teorema del limite centrale
- introduzione alla stima: stima della media e della deviazione standard, errore standard e intervalli di confidenza
- Esercitazione su dati di origine biologica: uso di Excel per stimare la media e la deviazione standard, errore standard e intervalli di confidenza
- introduzione ai test di ipotesi - concetti di test di ipotesi, ipotesi nulla, P-value
- Test t a uno e due campioni, Test chi quadro
- il problema dei test multipli - Correzione di Bonferroni, False discovery rate
- cenni sulla statistica non parametrica
- concetto di test non parametrico, equivalenti non parametrici del test t
- correlazione e regressione lineare - concetto di correlazione lineare, coefficienti di correlazione (Pearson e Spearman) - stima della media e della deviazione standard, errore standard e intervalli di confidenza
- Esercitazione su dati di origine biologica: uso di Excel per test di ipotesi e studio della correlazione e regressione lineare

Questo evento sarà accreditato presso il Ministero della Salute perché i partecipanti possano ottenere i crediti ECM

SEDE: Molecular Biotechnology Centre, Università di Torino, via Nizza 52, Torino

DATE: 3/5 marzo; 16/18 giugno; 15/17 settembre

DURATA: 3 giorni

QUOTA DI ISCRIZIONE: € 198.00



MODULO 2 - Introduzione alla bioinformatica

Docenti: Prof. Ferdinando Di Cunto, Prof. Mauro Fasano, Dr. Christian Damasco, Dr. Ugo Ala

Le banche dati biologiche pubbliche costituiscono una sorgente ricchissima di informazioni, fondamentali per tutti gli ambiti della ricerca, sia di base che applicata. Tuttavia, allo stesso tempo, la loro molteplicità e ricchezza può porre notevoli problemi di orientamento a coloro che debbano consultarle. Questo corso è diretto a tutti i professionisti che debbano accedere ai principali database biologici e si propone di fornire semplici ed efficaci linee guida per la loro consultazione e introduce all'uso dei principali strumenti bioinformatici.

Prerequisiti: conoscenze di fisica e chimica e biologia a livello universitario

Argomenti:

- Il sistema di integrato 'Entrez'
- Uso avanzato di PubMed
- Ricerca di sequenze nucleotidiche e aminoacidiche di interesse
- Intervallo
- Il problema degli alias: LocusLink e Entrez Gene
- Importanza delle sequenze EST: Unigene e TIGR gene index
- Ricerca di sequenze per omologia: il programma BLAST e le sue varianti
- Identificazione di geni ortologhi e paraloghi
- Intervallo
- Strumenti per l'analisi delle sequenze genomiche: il Golden Path
- dalla sequenza alla struttura
- conservazione dei domini strutturali. SMART e PFAM
- Classificazione strutturale delle proteine
- Identificazione di proteine da elementi di sequenza: proteomica e bioinformatica
- Esercitazioni libere su problematiche introdotte dai partecipanti.
- Determinazione strutturale della struttura proteica. Il Protein Data Bank
- Ricerca di coordinate attraverso interrogazione del PDB
- Visualizzazione delle coordinate mediante Swiss-PDB-viewer
- Esercitazioni libere su problematiche introdotte dai partecipanti.

Questo evento sarà accreditato presso il Ministero della Salute perché i partecipanti possano ottenere i crediti ECM

SEDE: Molecular Biotechnology Centre, Università di Torino, via Nizza 52, Torino

DATE: 6/7 marzo; 19-20 giugno; 18/19 settembre

SEDE: Tecnocity, Busto Arsizio (Va)

DATE: 3/4 luglio

DURATA: 2 giorni

QUOTA DI ISCRIZIONE: €144.00



LIVELLO AVANZATO

Lingue del corso italiano/inglese
materiale del corso in lingua inglese

MODULO 3 – Bioinformatica avanzato

Docenti: Prof. Ferdinando Di Cunto, Prof. Mauro Fasano, Dr. Christian Damasco, Dr. Ugo Ala

Prerequisiti: conoscenze di fisica e chimica e biologia molecolare a livello universitario; conoscenza del significato dei principali database biologici

Il sequenziamento del genoma umano, con tutti i relativi sviluppi tecnologici, ha determinato una svolta epocale nella ricerca biologica. Infatti, nel giro di pochissimi anni si è passati da una condizione in cui era fondamentale l'acquisizione di conoscenze sulla struttura e la funzione dei singoli geni e dei loro prodotti ad una situazione in cui questo tipo di informazione non è più considerato limitante.

Le principali banche dati pubbliche contengono oggi una enorme quantità di informazioni sulla struttura e la funzione dei geni di moltissimi organismi. I principali programmi bioinformatici rappresentano uno strumento fondamentale per poter utilizzare efficientemente queste informazioni a fini di ricerca. Questo corso è dedicato soprattutto a coloro che, per scopi di ricerca, debbano utilizzare strumenti di tipo bioinformatico. Il corso si propone di fornire i principi teorici fondamentali per capire il funzionamento dei principali algoritmi, e per poterne sfruttare tutte le potenzialità. Inoltre verrà dato ampio spazio ad esercitazioni pratiche su casi reali. I partecipanti sono incoraggiati a proporre sequenze di loro interesse.

Argomenti:

- Valutazione della similitudine tra due sequenze mediante Dot Plot
- Allineamento globale e locale di coppie di sequenze
- Principi di funzionamento del programma BLAST
- Modifica dei principali parametri di BLAST per un utilizzo avanzato
- matrici di similitudine posizione-specifica (PSSM)
- PSI-BLAST come strumento per la ricerca di omologia
- Esercitazioni: definizione di PSSM per una famiglia di proteine
- Allineamento multiplo: CLUSTALW
- Modellizzazione di allineamenti multipli: famiglie di domini conservati
- Predizione di strutture geniche in sequenze genomiche: GeneScan
- Integrazione tra metodi di allineamento e metodi predittivi nella definizione delle strutture geniche
- Correlazione sequenza struttura
- Determinazione sperimentale della struttura proteica. Diffrazione raggi x, NMR
- Analisi ed interrogazione del Protein Data Bank
- Metodi predittivi
- Metodi comparativi (per omologia)
- Threading/Fold recognition
- Metodi ab initio
- Validazione del modello

SEDE: Molecular Biotechnology Centre, Università di Torino, via Nizza 52, Torino

DATE: 29/30 settembre

DURATA: 2 giorni

QUOTA DI ISCRIZIONE: € 144.00



MODULO 4 – Analisi di Microarrays: algoritmi di clustering

Docente: Dr. Paolo Provero

Prerequisiti: biologia molecolare a livello universitario. Conoscenza di base della tecnologia dei microarray

Algoritmi di clustering per l'elaborazione di dati di espressione genica su vasta scala.

I metodi sperimentali moderni, e in particolare i vari tipi di microarrays, generano un'enorme quantità di dati: tipicamente viene simultaneamente misurato il livello di espressione di decine di migliaia di geni in decine di situazioni sperimentali. Il problema è quindi di organizzare questi dati in modo da evidenziare i pattern significativi dal punto di vista biologico. Il seminario, a numero chiuso, è rivolto sia ai ricercatori che si trovano oggi a dover decidere l'utilizzo di nuovi e potenti strumenti di analisi quali i microarrays, sia a coloro che si propongono di estrarre dai dati di microarray già pubblicati, e disponibili in banche dati pubbliche, informazioni rilevanti per i problemi biologici di proprio interesse.

Argomenti:

- Identificazione di geni modulati in esperimenti di microarray
- Clustering di dati di microarray
- Analisi della coespressione
- Utilizzo di risorse online per acquisire informazioni sull'espressione di geni di interesse
- Clustering funzionale dei dati secondo lo schema di Gene Ontology
- Integrazione tra dati di coespressione e dati di interazione fisica tra proteine

SEDE: Molecular Biotechnology Centre, Università di Torino, via Nizza 52, Torino

DATE: 1/3 ottobre 2008

DURATA: 3 giorni

QUOTA DI ISCRIZIONE: € 198.00



LIVELLO PROGRAMMAZIONE PER LA BIOINFORMATICA

Lingue del corso italiano/inglese,
materiale del corso in lingua inglese

MODULO 5 - Basi di programmazione per la bioinformatica

Docenti: Dr. Paolo Provero, Dr. Ugo Ala, Dr. Christian Damasco, Dr. Rosario M. Piro, Dr. Davide Corà

Prerequisiti: conoscenza della biologia molecolare a livello universitario.

Il corso si propone di introdurre gli elementi fondamentali del linguaggio Perl a chi non abbia esperienza di programmazione. Gli esempi sono tratti dalla bioinformatica, in cui il Perl è largamente diffuso grazie alla facilità con cui si possono analizzare grandi file di testo. Il corso si articola in cinque giorni. La mattina (3 ore) è dedicata a introdurre nuovi concetti e metodi, corredati da esempi pratici. Il pomeriggio è interamente dedicato a esercitazioni pratiche su piattaforma Linux. Le esercitazioni consisteranno nell'elaborazione di programmi in Perl, semplici ma di reale utilità pratica.

Giorno 1

Introduzione alla programmazione
Programmazione in bioinformatica
Introduzione al Perl

Giorno 2

Variabili scalari e operatori
Arrays
I cicli "foreach"

Giorno 3

Hashes
Cicli "for" e "while"

Giorno 4

Condizionali
Manipolazione di stringhe

Giorno 5

Espressioni regolari
Introduzione a Bioperl

SEDE: Molecular Biotechnology Centre, Università di Torino, via Nizza 52, Torino

DATE: 12/16 maggio 2008

DURATA: 5 giorni

QUOTA DI ISCRIZIONE: € 350.00



MODULO 6 - Fondamenti di Biologia orientati alla bioinformatica

Docenti: Prof. Ferdinando Di Cunto, Dr. Paola Camera, Dr. Mara Brancaccio, Dr. Sara Cabodi, Prof. Mauro Fasano

Prerequisiti: conoscenze di fisica e chimica a livello universitario.

Il corso si propone di fornire a persone in possesso di competenze di tipo computazionale, ma sprovviste di formazione biologica, le conoscenze biologiche fondamentali per poter affrontare tematiche di tipo bioinformatico. Il corso si articola in cinque giorni e prevede sei ore giornaliere. Le lezioni teoriche saranno corredate da esercitazioni in cui si evidenzierà l'applicazione dei concetti generali ai principali database biologici.

Giorno 1

Struttura delle molecole biologiche
Struttura delle cellule

Giorno 2

Elementi di genetica
Duplicazione cellulare
Duplicazione dell'informazione genica
Plasmidi e virus

Giorno 3

Principi informativi dell'espressione genica
Trascrizione
Traduzione

Giorno 4

Controllo dell'espressione genica
Controllo trascrizionale
Controllo post-trascrizionale
Controllo post-traduzionale

Giorno 5

Principi generali di analisi delle sequenze biologiche
Principali metodi sperimentali per lo studio delle sequenze

SEDE: Molecular Biotechnology Centre, Università di Torino, via Nizza 52, Torino

DATE: 26/30 maggio 2008

DURATA: 5 giorni

QUOTA DI ISCRIZIONE: € 350.00



MODULO 7 - Programmazione avanzata per la bioinformatica

Docenti: Dr. Paolo Provero, Dr. Ugo Ala, Dr. Christian Damasco, Dr. Rosario M. Piro, Dr. Davide Corà

Prerequisiti: conoscenza elementare del linguaggio Perl. conoscenza della biologia molecolare a livello universitario.

Il corso si propone di introdurre le tecniche avanzate di programmazione in Perl piu' usate nell'ambito della bioinformatica, con particolare riguardo all'uso e alla creazione di moduli e all'uso di Perl per interrogare database genomici. Il corso si articola in cinque giorni. La mattina (3 ore) è dedicata a introdurre nuovi concetti e metodi, corredati da esempi pratici. Il pomeriggio è interamente dedicato a esercitazioni pratiche su piattaforma Linux. Le esercitazioni consisteranno nell'elaborazione di programmi in Perl utili per risolvere comuni problemi di bioinformatica.

Giorno 1

Programmazione modulare in Perl
Installazione e uso di moduli esistenti
Scrittura di moduli propri
Cenni sulla programmazione a oggetti

Esercitazione: un modulo per l'analisi di sequenze nucleotidiche.

Giorno 2

Strutture di dati complesse
Algoritmi di string matching e programmazione dinamica
Esercitazione: programmazione dinamica e pattern-matching

Giorno 3

Moduli per l'interrogazione di database
Installazione locale e interrogazione via Perl del database di Gene Ontology
Esercitazione: programmi sulla struttura di Gene Ontology

Giorno 4

Introduzione a Bioperl
I moduli per il trattamento delle ontologie
Esercitazione: interrogazione del Flybase Controlled Vocabulary

Giorno 5

Introduzione alle API di Ensembl
Sequenze gnomiche
Repeats e mascheramento
Informazione sugli allineamenti

Esercitazione: scaricamento di sequenze geniche da Ensembl

SEDE: Molecular Biotechnology Centre, Università di Torino, via Nizza 52, Torino

DATE: 9/13 giugno 2008

DURATA: 5 giorni

QUOTA DI ISCRIZIONE: € 350.00



MODULO 8 - Introduzione a R e a Bioconductor

Docenti: Dr. Paolo Provero, Dr. Ugo Ala, Dr. Christian Damasco, Dr. Rosario M. Piro, Dr. Davide Corà

Prerequisiti: conoscenza della biologia molecolare e della statistica a livello universitario. Conoscenza delle tecniche di misurazione della espressione genica su scala genomica (microarrays).

Il corso si propone di introdurre la piattaforma open source "R" per l'analisi statistica e il pacchetto Bioconductor, con particolare riguardo all'analisi di dati di microarray. Il corso si articola in cinque giorni. La mattina (3 ore) è dedicata a introdurre nuovi concetti e metodi, corredati da esempi pratici. Il pomeriggio è interamente dedicato a esercitazioni pratiche. Le esercitazioni consisteranno nell'elaborazione di script R per l'analisi di dati di microarray.

Giorno 1

Introduzione a R.
L'ambiente interattivo di R.
Statistica univariata e bivariata con R.
Grafici con R

Giorno 2

Manipolazione di *dataframes*
Algoritmi di clustering
Analisi del survival

Giorno 3

Introduzione a Bioconductor
Bioconductor e Gene Ontology

Giorno 4

Bioconductor e microarray a due canali: il pacchetto "marray"
Bioconductor e microarray Affymetrix: il pacchetto "affy"

Giorno 5

Analisi statistica di dati di microarray: individuazione di geni differenzialmente espressi
Test multipli
Il pacchetto RankProd

SEDE: Molecular Biotechnology Centre, Università di Torino, via Nizza 52, Torino

DATE: 8/12 settembre 2008

DURATA: 5 giorni

QUOTA DI ISCRIZIONE: € 350.00



MODULO FAD – Fondamenti di Biotecnologie I, II, III, IV

(i titoli delle singole lezioni di ciascun modulo e le istruzioni tecniche per iscriversi e seguire il corso sono disponibili al sito www.elearning.fobiotech.org)

Prerequisiti: Conoscenza di base dell'organizzazione biologica degli esseri viventi, con particolare riguardo a struttura e funzioni delle cellule. Il corso è diviso in moduli a complessità crescente. Per l'accesso diretto al secondo modulo, costituiscono prerequisiti la conoscenza approfondita di struttura e funzionamento del DNA e la conoscenza delle principali tecniche di analisi degli acidi nucleici. Per l'accesso diretto al terzo modulo e al quarto modulo è necessario conoscere anche le tecniche di ingegneria genetica quali clonaggio ed estrazione e purificazione di proteine. Il terzo modulo comprende ampie parti dedicate all'utilizzo della bioinformatica, pertanto parte delle attività si avvarranno della navigazione su portali web utilizzati dai ricercatori.

Le biotecnologie sono uno strumento fondamentale della ricerca, della diagnostica medica e della produzione industriale nel settore medico e farmacologico. Acquisiscono oggi notevole importanza anche nei settori chimici, della produzione e controllo alimentare e nella zootecnica.

L'edizione Fondamenti di Biotecnologie è introduttiva alla biologia molecolare e alle sue applicazioni nel campo della ricerca e della salute umana. Il corso è rivolto a professionisti, ricercatori e tecnici, che quotidianamente affrontano problematiche applicative legate alle più moderne biotecnologie e che vogliono approfondire le conoscenze legate all'evoluzione delle nuove tecnologie per la salute. I primi due moduli sono rivolti anche a utenti non esperti che intendono avvicinarsi alla materia per interesse personale.

METODOLOGIA

Il corso è basato su metodologie di apprendimento che pongono l'utente al centro del percorso formativo, grazie alla possibilità di personalizzare il ritmo, i tempi e i luoghi di fruizione, e soprattutto, grazie ad un metodo che favorisce la partecipazione attiva dell'utente. I corsi sono strutturati in moduli multimediali interattivi, le lezioni, della durata variabile tra 5 e 25 minuti. Durante le lezioni, l'utente è chiamato a partecipare attivamente applicando subito mediante esercizi e simulazioni i concetti appresi. Sono presenti animazioni, filmati (interviste, videoconferenze), tutorial audiovideo per l'utilizzo di strumenti di bioinformatica, attività interattive di varia natura (simulazioni, esercizi di analisi di risultati), esercizi aggiuntivi e forum per la discussione. Le lezioni sono fruibili online, ma di tutte è possibile scaricare i testi in formato PDF. Inoltre, la contestualizzazione dei contenuti è facilitata dalla presenza delle mappe dei contenuti.

Durante il periodo di attivazione, i materiali didattici saranno fruibili 24 ore al giorno, sette giorni su sette. Per qualsiasi domanda di natura tecnica, organizzativa e di contenuti, durante i giorni lavorativi sono sempre disponibili un tutor didattico, un tutor organizzativo e un tutor tecnico.



MODULO I – Fondamenti

Argomenti:

- Introduzione a Fondamenti di Biotecnologie (Introduzione ai principi base delle biotecnologie e delle applicazioni biotecnologiche, tra cui il clonaggio del DNA, la produzione di animali trasgenici, l'analisi del DNA, le cellule staminali e la clonazione).
- Organizzazione strutturale e funzionale dei genomi (Struttura dei genomi, organizzazione dei genomi)
- Espressione genica: dal gene alla proteina (Sintesi proteica)
- Applicazioni: biotecnologie per la medicina (Principali tecniche biotecnologiche utilizzate in medicina)
- Tecniche: analisi degli acidi nucleici (Analisi del DNA mediante PCR, RealTime PCR e altre tecniche comunemente utilizzate nei laboratori di ricerca, sviluppo e diagnostica)

DATE: il corso sarà disponibile on line dal 1 aprile 08 al 13 aprile 08

DURATA: 15 giorni di disponibilità on line ad accesso libero per gli iscritti

QUOTA DI ISCRIZIONE: € 60.00

MODULO II – Ingegneria genetica: da gene alla cellula

Argomenti:

- Enzimi di restrizione e clonaggio (Enzimi di restrizione, clonaggio)
- Trasformazione genica (Trasformazione genica, animali trasgenici, animali KO e varianti tecniche)
- Estrazione e purificazione di proteine (Estrazione e purificazione di proteine da organismi produttori, quali batteri e cellule in coltura. Utilizzo di tecniche di purificazione innovative, ad alta resa e sicurezza).

DATE: il corso sarà disponibile on line dal 14 aprile 08 al 27 aprile 08

DURATA: 15 giorni di disponibilità on line ad accesso libero per gli iscritti

QUOTA DI ISCRIZIONE: € 60.00

MODULO III – Approcci innovativi allo studio della genetica

Argomenti:

- Genoma ed espressione genica (Attività dei genomi e loro analisi, complessità della funzione genica)
- Microarray (Principi di funzionamento, varianti ed applicazioni dei microarray)
- Bioinformatica (Basi di bioinformatica, di banche dati e utilizzo dei principali strumenti di analisi open-source)
- Dalla biologia al model building (Utilizzo degli strumenti bioinformatici per la predizione di dati biologici mediante simulazione)

DATE: il corso sarà disponibile on line dal 28 aprile 08 al 11 maggio 08

DURATA: 15 giorni di disponibilità on line ad accesso libero per gli iscritti

QUOTA DI ISCRIZIONE: € 60.00



MODULO IV – Biotecnologie applicate

Argomenti:

- Drug Discovery (processo di drug discovery, automazione, test preclinici in automazione)
- Case study: dalla ricerca di base alle implicazioni terapeutiche (conferenza e materiali di supporto del Prof. Pier Paolo Pandolfi, sul tema "studio del cancro in modelli murini e implicazioni terapeutiche")

DATE: il corso sarà disponibile on line dal 12 maggio 08 al 25 maggio 08

DURATA: 15 giorni di disponibilità on line ad accesso libero per gli iscritti

QUOTA DI ISCRIZIONE: € 60.00

MODALITA' 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.

Non è prevista selezione, ma 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, i posti disponibili 20 e vengono assegnati in ordine di iscrizione. Quanti fossero in lista di attesa avranno precedenza sulla partecipazione all'edizione successiva del modulo prescelto, ma ovviamente nessun obbligo.

I moduli non vengono attivati per un numero di iscritti inferiore ai 10.

Ogni modulo teorico è affiancato da esercitazioni pratiche.

L'orario delle lezioni previsto per tutti i moduli in presenza è 10.00-17.00, ma la durata di ciascun modulo varia. Costi di iscrizione e durata sono indicati alla fine del programma di ciascun modulo.

NB. Le date possono subire lievi modifiche in base alla disponibilità dei docenti

Le lezioni si terranno dalle ore 10 alle ore 17 presso il Molecular Biotechnology Centre, dell'Università di Torino, via Nizza 52, Torino.

Per iscriversi, spedire on-line la registration form disponibile sul sito www.fobiotech.org



COSTI

1. Statistica per l'analisi dei dati di interesse biologico: € 165,00 + IVA 20% - totale **€ 198,00**
2. Introduzione alla bioinformatica: € 120,00 + IVA 20% - totale **€ 144,00**
3. Bioinformatica avanzato: € 120,00 + IVA 20% - totale **€ 144,00**
4. Analisi di Microarrays: algoritmi di clustering: € 100,00 + IVA 20% - totale **€ 120,00**
5. Basi di programmazione per la bioinformatica: € 291.67 + IVA 20% - totale **€ 350,00**
6. Fondamenti di biologia orientati alla bioinformatica: € 291.67 + IVA 20% - totale **€ 350,00**
7. Programmazione avanzata per la bioinformatica: € 291.67 + IVA 20% - totale **€ 350,00**
8. Introduzione a R e Bioconductor: € 291.67 + IVA 20% - totale **€ 350,00**
9. moduli FAD I-IV: € 50,00 + IVA 20% - totale **€ 60,00**

Il costo di iscrizione di ciascun modulo comprende la partecipazione alle lezioni, il materiale didattico e l'attestato di partecipazione.

MODALITA' DI PAGAMENTO

La quota deve essere versata, dopo aver ricevuto messaggio di conferma da parte della segreteria organizzativa, attraverso bonifico bancario sul conto corrente i cui estremi sono i seguenti:

Fondazione per le Biotecnologie
Istituto Bancario Intesa San Paolo di Torino, Ag. 1
CODICE IBAN: IT81 0030 6901 0011 0000 0104 365
Causale del versamento: cognome del partecipante e nome del modulo

O dal sito www.fobiotech.org con carta di credito.

VITTO, ALLOGGIO e TRASPORTI

La segreteria organizzativa provvederà ad inviare un elenco degli hotel consigliati nella zona della sede dei corsi, che è centrale, ben servita con i mezzi pubblici e comoda dalla stazione ferroviaria Porta nuova di Torino.

Informazioni più dettagliate, con indirizzi, recapiti e piantine, arriveranno via mail ai partecipanti dei corsi.

Per informazioni siete invitati a contattare la segreteria organizzativa ai recapiti in calce.

Claudia Mondino

Fondazione per le Biotecnologie
Villa Gualino - Viale Settimio Severo 63 - 10133 TORINO
tel. 011 6600187 - fax. 011 6600708
claudia.mondino@fobiotech.org
www.fobiotech.org
www.elearning.fobiotech.org