

Programma Andrea Cabibbo

Italiano

Grazie alla disponibilità di sequenze di interi genomi, sia umani che di microorganismi di varia natura e più in generale di dati "high-throughput" relativi all'espressione genica in una varietà di condizioni sperimentali, all'interazione fisica e/o funzionale tra proteine e ad una varietà di altri processi biologici e bio-patologici, gli ultimi anni vedono un ruolo crescente dell'utilizzo di metodi computazionali e Bioinformatici nell'ambito della Ricerca Biologica e Biomedica.

Crescente è anche il ruolo di banche dati, applicazioni e software liberamente fruibili attraverso Internet da parte della comunità scientifica, che sono ormai diventati strumento di utilizzo quotidiano da parte dei Ricercatori.

Quali geni e proteine sono coinvolti in processi patologici di interesse? Quali epitopi, nel proteoma di un microorganismo, sono in grado di stimolare una risposta protettiva da parte dell'ospite? Quali mutazioni sottendono allo sviluppo di tumori ed alle malattie a carattere ereditario?

A tutte queste domande è oggi possibile rispondere, almeno in parte, utilizzando applicazioni e banche dati liberamente accessibili su Internet. Tali servizi sono spesso interattivi consentendo ai ricercatori l'analisi di dati generati nel proprio laboratorio. Grazie a tali servizi, il ricercatore può classificare, analizzare, condividere i propri dati con la comunità scientifica.

Obiettivo di questo corso è di fornire agli studenti una comprensione approfondita ed operativa della rete Internet e dei relativi protocolli e strumenti di sviluppo, che li metta in condizione di creare applicazioni web originali relative ai loro interessi ed attività di ricerca. La fase applicativa del corso verrà focalizzata sulla creazione di applicazioni web a carattere Immunoinformatico, volte alla predizione di epitopi B e T. Gli algoritmi di predizione utilizzati nei due casi (B e T), significativamente diversi tra loro, forniranno l'occasione per approfondire l'implementazione informatica di procedure di analisi sia di sequenze lineari che di strutture. Potranno dunque essere utilizzate da ogni studente come punto di partenza ed esempio per sviluppare applicazioni proprie nei rispettivi campi di interesse.

Verrà dedicata particolare attenzione e tempo alla verifica della effettiva acquisizione da parte degli studenti, durante il corso, degli skills necessari allo sviluppo di una applicazione web completa, fornendo le basi della programmazione necessarie all'elaborazione di dati biologici. Gli studenti acquisiranno inoltre una ottima conoscenza degli ultimi standard web, quali HTML5, CSS2 e 3, necessari allo sviluppo di front-ends dinamici e moderni.

Scopo del corso:

L'obiettivo principale del corso è di insegnare agli studenti a sviluppare il loro software per la risoluzione di problemi di natura biologica e biomedica, nella forma di applicazioni web accessibili a tutta la comunità scientifica. Nel corso, la parte teorica è continuamente integrata da sessioni pratiche. Alla fine del corso agli studenti viene richiesto di sviluppare, da soli o in piccoli gruppi, una applicazione web per la ricerca biomedica originale e completa.

Libri di testo:

Le basi dello sviluppo di pagine web sono bene illustrate nel testo:

"HTML, XHTML, and CSS, Sixth Edition: Visual QuickStart Guide" di Elisabeth Castro

Al termine di ogni lezione le diapositive utilizzate e eventuale materiale didattico aggiuntivo sono fornite agli studenti attraverso un'apposita cartella web a loro riservata.

Inglese

Thanks to the availability of full genome sequences, from humans and a wide variety of microorganisms, and more in general to the availability of high-throughput data, including gene expression and protein interaction networks data, the use of computational and Bioinformatics approaches on Biological and Biomedical Research is on the rise.

Also on the rise is the use of databases and software freely accessible on the internet, that are becoming tools that every researcher uses daily.

Which genes are involved in pathological processes of interest? Which epitopes, within a microorganism proteome, are able to elicit a protective response in the host? Which mutations are responsible for cancer development and hereditary diseases?

It is possible to answer, at least in part, to all these questions, by using free resources available on the internet. Those resources are often interactive, allowing researchers to analyze their own experimental data, and classify, process, share these data.

The goal of this course is to provide students with a deep and operative knowledge of the Internet and the related protocols and development tools, in order to enable them to create their own original web applications, in relation to their research field and interests. The applicative part of the course will focus on the creation of Immunoinformatics web applications, geared toward the prediction of B and T cell epitopes in target proteins. This will require the handling and processing of both linear sequences and protein structures, and will provide students with the tools for their own analyses.

During the course, due attention will be given to the real learning by the students of all the skills required to develop a complete web application, by providing the programming basis required to elaborate biological data and a strong knowledge of the most updated web standards such as HTML5, CSS2 and 3, required to develop modern and dynamic front-ends.

Aims of the course:

The main purpose of the course is to teach students to build their own software, aimed at solving biological and biomedical problems, and make it available to the whole scientific community by shaping this software as a web applications. Indeed, the theoretical part of the course strongly interconnects with practical development sessions and students are asked, at the end of the course, to develop, in small teams, their own original biomedical applications.

Textbooks

The basis for web pages development is nicely illustrated by the book:

"HTML, XHTML, and CSS, Sixth Edition: Visual QuickStart Guide" by Elisabeth Castro

After each lesson, complementary material and the lesson slides are shared with the students through a dedicated web folder