

**Corso di**  
**“Tecniche Bioinformatiche per lo studio della Biodiversità”**  
**2-6 Marzo 2009, Viggiano (PZ)**

**ZooPlantLab, Università di Milano-Bicocca**

**Fondazione Eni Enrico Mattei**

**Network Italiano di Biosistemica**

La Bioinformatica, la risoluzione di problemi biologici tramite l'applicazione di metodi informatici, è una disciplina che negli ultimi anni si è affermata con un ruolo chiave nella ricerca scientifica.

Questa disciplina si avvale di numerosi strumenti, dall'informatica alla matematica, dalla statistica alle più recenti e complesse discipline che sviluppano algoritmi di intelligenza artificiale e simulazioni di reti complesse.

Dal sequenziamento del primo genoma del batteriofago Phi X 174 ottenuto con il metodo di sequenziamento Sanger nel 1977, ai moderni sistemi di produzione di sequenze quali ILLUMINA e SOLID, la Bioinformatica ha avuto uno sviluppo tanto rapido e incisivo, da elevarsi al rango della disciplina nota come Biologia Computazionale. La rapida crescita delle soluzioni bioinformatiche richiede ai biologi un costante aggiornamento e la profonda conoscenza della sempre più vasta gama di strumenti disponibili.

Lo scopo principale del corso è quello di fornire una chiave di lettura per l'analisi del dato molecolare: dalle analisi in silico nelle banche dati, alle tecniche di sequenziamento e di analisi di frammento. Saranno valutati diversi marcatori molecolari (variabili e ipervariabili), sottolineandone l'importanza e gli ambiti di utilizzo. Si analizzeranno i dati utilizzando approcci tassonomici (DNA barcoding) e filogeografici.

Il corso è aperto a 10 partecipanti: dottorandi, assegnisti di ricerca, giovani ricercatori. Saranno favoriti i candidati che abbiamo maturato alcune esperienze in ambito molecolare (anche se non è strettamente necessario) e che vogliono approfondire la fase di elaborazione e analisi del dato. Considerando il modesto numero di posti disponibili, qualora fosse necessario si procederà ad una selezione sulla base dell'esperienza maturata dai candidati.

Il corso prevede una parte teorica e una preponderante parte pratica. Sarà molto incentivata l'interattività e a ogni partecipante verrà chiesto di esporre i problemi biologici che si trova a affrontare. Inoltre ogni partecipante potrà, nell'ultima giornata del corso, analizzare i propri dati, ottenendo un supporto diretto da parte dei docenti.

Il corso è gratuito e non prevede rimborso circa le spese di trasporto, vitto e alloggio che sono da ritenersi completamente a carico di partecipanti.

## Programma del corso

	Mattina (ore 9,00-13,00)	Pomeriggio (ore 14,30-18,30)
<b>Lunedì 2 Marzo 2009</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>● Presentazione del corso</li> <li>● Le banche dati biologiche – BLAST</li> <li>● Il sequenziamento del DNA – da Sanger al pirosequenziamento</li> <li>● Il trattamento del dato di sequenza, parte I</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>● Ricerche nelle banche dati (BLAST)</li> <li>● Il trattamento del dato di sequenza, parte II</li> <li>● La generazione di un allineamento (Clustal, MAFFT, MUSCLE), parte I</li> <li>● Presentazione dei progetti e lavori dei partecipanti, parte I</li> </ul>
<b>Martedì 3 Marzo 2009</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>● Marcatori molecolari – tipologie e loro utilizzi</li> <li>● La generazione di un allineamento, parte II</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>● Utilizzo pratico dei marcatori molecolari (SNP, AFLP, microsatelliti), parte I</li> <li>● Presentazione dei progetti e lavori dei partecipanti, parte II</li> </ul>
<b>Mercoledì 4 Marzo 2009</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>● Utilizzo pratico dei marcatori molecolari, parte II</li> <li>● Analisi dei dati molecolari</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>● I formati e la preparazione dei dati da analizzare</li> <li>● L'approccio filogeografico all'analisi dei dati (<i>nucleotide diversity</i>, <i>haplotype diversity</i>, Fst, AMOVA), parte I</li> <li>● Software utilizzati: MEGA, DNAsp, DAMBE, Arlequin)</li> </ul>
<b>Giovedì 5 Marzo 2009</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>● Analisi dei dati in un contesto DNA <i>barcoding</i></li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>● L'approccio filogeografico all'analisi dei dati (<i>gene tree</i> e costruzione dell'<i>haplotype network</i>, <i>isolation by distance</i>, <i>mismatch distribution</i>), parte II</li> </ul>
<b>Venerdì 6 Marzo 2009</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>● Analisi dei dati dei partecipanti al corso</li> <li>● Discussione e conclusioni</li> </ul>	

# Logistica

Il corso avrà luogo presso:

**Polo Tecnologico Fondazione Eni Enrico Mattei**  
Viale Vittorio Emanuele, 33 – 85059 Viggiano (PZ)

## **Aereo**

Aeroporti di Napoli Capodichino, Roma Fiumicino, Salerno Pontecagnano. Poi proseguire in autobus.

## **Treno**

Stazioni di Roma, Napoli, Potenza. Poi proseguire in autobus.

## **Auto**

### **Dalla SS 106 Jonica:**

Imboccare all'altezza di Scanzano Jonico la SS 598 Fondovalle dell'Agri e proseguire sino all'uscita di Viggiano. Seguire poi la viabilità locale.

### **Dall'Adriatico:**

Raggiungere Potenza e imboccare la SS Basentana sino all'uscita di Tito. Proseguire per la SS 95 sino a Brienza e imboccare la SS 598 Fondovalle dell'Agri in direzione Villa d'Agri – Taranto. Uscire a Villa d'Agri e proseguire per Viggiano.

### **Dal Tirreno:**

Imboccare la A3 SA-RC, uscire a Atena Lucana e proseguire sulla SS 598 Fondovalle dell'Agri in direzione Val d'Agri. Uscire a Villa d'Agri e proseguire per Viggiano.

## **Autobus**

### **Da Potenza**

Autobus SITA per Villa d'Agri. Ore 5.20 – 12.00 / 14.00 – 17.45.

### **Da Napoli**

Autobus SITA per Villa d'Agri: P.zza Garibaldi (c/o Stazione Centrale). Ore 9.45 – 14.00.

### **Da Roma**

Autobus SITA per Villa d'Agri: Piazzale Tiburtino (Stazione Tiburtina). Ore 14.30.

## **Alloggio**

Hotel Kiris - Contrada Case Rosse - Viggiano (PZ)

tel 0975 311053

<http://www.hotelkiris.it/>

Pensione completa: 45 euro in camera doppia

Mezza Pensione: 40 euro

Pensione completa: 55 euro in camera singola

## Scheda di iscrizione

Cognome e nome \_\_\_\_\_

Settore di riferimento:  Botanica  Zoologia  Altro \_\_\_\_\_

Indirizzo \_\_\_\_\_

Tel. \_\_\_\_ FAX \_\_\_\_ E-mail: \_

Sto già lavorando su questi argomenti (fornire un breve riassunto max 2 -3 righe)

---

---

---

Non sto ancora lavorando su questi argomenti, ma mi interessano perché (motivare).

---

---

---

Sono interessato ad essere contattato per il pernottamento nell'albergo convenzionato.