Università degli Studi di Roma "Tor Vergata"

Facsimile Scheda Insegnamento

Mod. Scheda Insegnamento v. 1.1

Docente responsabile dell'insegnamento/attività formativa

Nome	Daniele
Cognome	Lettieri Barbato

Denominazione insegnamento/attività formativa

Italiano	Tecniche bioinformatiche per lo studio dello stress cellulare
Inglese	Bioinformatic approaches in cell stress

Informazioni insegnamento/attività formativa

A.A.	2024-2025
CdS	Bioinformatica
Codice	8067826
Canale	
CFU	3
Lingua	Italiano

○ L ◉ LM ○ LM CU

Docente del modulo didattico (compilare solo per attività formative articolate in moduli)

Nome	Andrea Ninni, Fabio Zaccaria (codocenti)
Cognome	

Denominazione modulo didattico (compilare solo per attività formative articolate in moduli)

Italiano	
Inglese	

Obiettivi formativi e risultati di apprendimento attesi

Italiano	OBIETTIVI FORMATIVI: lo scopo del corso è di fornire agli studenti gli strumenti informatici appropriati per una corretta analisi e interpretazione di dati biologici nell'ambito della fisiologia computazionale. CONOSCENZA E CAPACITÀ DI COMPRENSIONE: è richiesto l'apprendimento di strumenti informatici, rilevando le potenzialità di utilizzo nel contesto di analisi dei profili di bulk e single cell RNA-sequencing. CAPACITÀ DI APPLICARE CONOSCENZA E COMPRENSIONE: si richiede di utilizzare i diversi approcci presentati per scegliere il metodo di analisi più appropriato individuando pregi e limiti delle analisi predittive. AUTONOMIA DI GIUDIZIO: al termine del corso gli studenti dovranno essere capaci di implementare un codice per l'analisi di dati biologici depositati nell'ambito dell'attività di ricerca. ABILITÀ COMUNICATIVE: è richiesta la capacità di descrizione in maniera appropriata e corretta delle principali evidenze raccolte e di esporre criticamente i risultati ottenuti.
Inglese	LEARNING OUTCOMES: the course aims to provide students with the necessary tools to analyse and understand biological data. KNOWLEDGE AND UNDERSTANDING: students will learn how to use bioinformatic tools suitable for bulk and single cell RNA-sequencing analysis. APPLYING KNOWLEDGE AND UNDERSTANDING: it is required to use the different approaches presented to choose the most appropriate method of analysis by identifying pros and cons of predictive analyses. MAKING JUDGEMENTS: by the end of the course, students should be able to implement a code for analyzing biological data deposited as part of their research activity. COMMUNICATION SKILLS: students will be expected to be able to accurately describe evidences collected and to provide a critical analysis of findings. LEARNING SKILLS: students should develop skills in consulting scientific publications and selecting relevant topics to enrich their field of study.

Università degli Studi di Roma "Tor Vergata"

Facsimile Scheda Insegnamento

Prerequisiti

Italiano	Sono richieste conoscenze di base di Fisiologia, Genetica e Biologia Molecolare. È inoltre richiesta competenza informatica nell'utilizzo di software di interesse biologico (installazione pacchetti, download e gestione dei dati, etc.).
Inglese	Basic knowledge of Physiology, Genetics and Molecular Biology is required. Computer skills in the use of software of biological interest (package installation, data download and management, etc.) are also required.

Programma

Italiano	Alllostasi, omeostasi ed eterogeneità tissutale Adattamenti fisiologici: metodi di studio high-throughput Fondamenti di biologia molecolare (DNA, RNA, trascrizione e traduzione) Tecniche di sequenziamento: Next Generation Sequencing Trascrittomica: sequenziamento RNAseq (wet and dry) Introduzione R/R Studio (base, pacchetti) Programmazione R Esempio di analisi di un dataset (matrice di espressione, selezione campioni, DeSeq2 e analisi di arricchimento) Cenni di single cell RNA-sequencing
Inglese	Allostasis, homeostasis and tissue heterogeneity Physiological adaptations: high-throughput study methods Fundamentals of molecular biology (DNA, RNA, transcription and translation) Next Generation Sequencing techniques Transcriptomics: RNAseq sequencing (wet and dry) Introduction to R/R Studio (base, packages) R Programming Example of a dataset analysis (count matrix,samples selection, DeSeq2 and enrichment analysis) Single-Cell RNA sequencing basics

Modalità di valutazione

- ☐ Prova scritta
- ☒ Prova orale
- ☐ Valutazione in itinere
- ☒ Valutazione di progetto
- ☐ Valutazione di tirocinio
- ☐ Prova pratica
- ☐ Prova di laboratorio

Descrizione delle modalità e dei criteri di verifica dell'apprendimento

Italiano	ESAME: analisi di un dataset bulk, con una presentazione (ca. 10-15 slide) riassumente i risultati. Tale presentazione deve essere strutturata in: - descrizione dell'esperimento - campioni selezionati per l'analisi - espressione genica - differenze tra condizioni e arricchimento funzionale - interpretazione biologica Deve includere grafici che sintetizzano i risultati oltre ad una breve descrizione del codice usato
Inglese	EXAM: analysis of a bulk RNAseq dataset with a presentation (approx. 10-15 slides) in which the results must be summarized as follows: - experimental design - samples selections - gene expression analysis - differences between conditions and functional enrichment - biological interpretation The presentation must include plots summarizing the results as well as a brief description of the code

Testi adottati

Italiano	Materiale fornito dal docente
Inglese	Materials provided by the teacher

Bibliografia di riferimento

Italiano	
Inglese	

Modalità di svolgimento

- [x] Modalità in presenza
- [ ] Modalità a distanza

Descrizione della modalità di svolgimento e metodi didattici adottati

Italiano	
Inglese	

Modalità di frequenza

- (•) Frequenza facoltativa
- ( ) Frequenza obbligatoria

Descrizione della modalità di frequenza

Italiano	
Inglese	