



Corso di Aggiornamento su
Bioinformatica per la Proteomica: basi teoriche e applicazioni

18-20 ottobre 2010
Istituto Nazionale per la Ricerca sul Cancro, Largo Rosanna Benzi 10, Genova

Programma

18 Ottobre 2010

13.00-14.00	Registrazione dei partecipanti
14.00-14.20	Introduzione al corso
14.20-15.40	Piero Pucci, Università di Napoli "Federico II", Napoli Proteomica: stato dell'arte e prospettive
15.40-16.00	Pausa
16.00-17.00	Angelo Facchiano, ISA-CNR, Avellino Bioinformatica per la Proteomica: concetti generali - Introduzione alla bioinformatica - Banche dati - Principali strumenti bioinformatici disponibili in rete
17.00-18.00	Paola Barboro, IST Genova Elettroforesi Bidimensionale per lo studio del Proteoma - Principi di separazione elettroforetica - Metodologie (IEF, SDS-PAGE, tecniche di rivelazione degli spots proteici) - Analisi di immagine di mappe proteiche bidimensionali

19 Ottobre 2010

9.00-10.30	Elia Biganzoli, Istituto Nazionale Tumori - Università degli Studi di Milano Modelli ANOVA nell'analisi dei dati da elettroforesi bidimensionale - Il Modello Lineare Generale (GLM) - GLM ed analisi della varianza (ANOVA) - Modelli ANOVA ad effetti fissi, casuali, misti
10.30-10.50	Pausa
10.50-11.50	Elia Biganzoli (continuazione) - Problematiche quantitative nell'elettroforesi bidimensionale - Analisi della variabilità delle misure
11.50-13.00	Gianluca Damonte, Università di Genova Tecniche di spettrometria di massa

13.00-14.00	Pausa mensa
14.00-15.00	Angelo Facchiano, ISA-CNR, Avellino Strumenti bioinformatici per il (pre)processing dei dati di spettrometria di massa - Allineamento degli spettri - Filtraggio e denoising
15.00-16.00	Mario Cannataro, Università Catanzaro Gestione ed analisi di dati proteomici - Rappresentazione, visualizzazione e gestione di dati proteomici
16.00-16.20	Pausa
16.20-17.20	Mario Cannataro (continuazione) - Analisi, identificazione e annotazione di proteine - Casi di studio
17.20-18.30	Casi di studio, problemi e soluzioni proposte in campo bioinformatico e proteomico dai partecipanti al corso

20 Ottobre 2010

8.30-10.30	Claudia Angelini, IAC-CNR, Napoli Metodi basati sulle wavelets per il pre-processing dei dati di spettrometria di massa - Identificazione e quantificazione dei peaks - Descrizione di alcuni dei software esistenti e loro confronto
10.30-10.50	Pausa
10.50-13.00	Mario Guarracino - ICAR-CNR, Napoli Predizione delle interazioni tra proteine - Le reti di interazione delle proteine - Metodi per la predizione delle interazioni - I database pubblici di interazione Cytoscape: uno strumento per la visualizzazione ed analisi delle reti biologiche - Introduzione, filtri ed editor, utilizzo dei plugin
13.00-14.00	Pausa
14.00-15.20	Anna Marabotti - ISA-CNR, Avellino Bioinformatica per la Proteomica Strutturale - Introduzione alla proteomica strutturale - Strumenti bioinformatici per la proteomica strutturale
15.20-15.40	Pausa
15.40-16.50	Paolo Romano - IST, Genova Automazione delle procedure d'analisi dati in ambito distribuito per la proteomica - lavorare con i workflow: metodologia, potenzialità, limiti e prospettive - il taverna workbench - servizi web ed esempi di workflow per la proteomica
16.50-17.30	Chiusura del corso ECM (questionario di valutazione)