

## Attività didattica programmata/prevista

### Insegnamenti

n.	Denominazione dell'insegnamento	Numero di ore totali sull'intero ciclo	Distribuzione durante il ciclo di dottorato (anni in cui l'insegnamento è attivo)	Descrizione del corso	Eventuale curriculum di riferimento	Per i dottorati nazionali: percorso formativo di elevata qualificazione	Verifica finale	Note
1.	Plant genomics	10	primo anno	Docente: Dott.ssa Caterina Morcia Il corso "Plant Genomics" verrà tenuto presso il Centro di Genomica e Bioinformatica di Fiorenzuola d'Arda e si articolerà in una parte di seminari tenuti da ricercatori del Centro con diverse expertise ed una parte di visita ai campi sperimentali e serre. Il corso breve si propone di fornire			NO	attività didattica programmata per il ciclo, insegnamento opzionale
				alcuni spunti relativamente al ruolo della genetica e genomica per quelle forme di agricoltura che non mirano solo a garantire la sicurezza alimentare attraverso una maggiore produzione, ma aiutano gli agricoltori a proteggere e conservare le risorse naturali per soddisfare le esigenze delle generazioni future. Verranno quindi affrontate tematiche di genetica e genomica vegetale, comprendendo sia aspetti di ricerca di base che applicata al miglioramento genetico tradizionale ed innovativo dei vegetali.				
2.	From beer and bread to human disease and beyond: what yeast cells can teach us	4	primo anno	Docente: Dott.ssa Camilla Ceccatelli Berti Il corso si propone di analizzare il contributo del modello lievito alla ricerca sulle malattie umane e di presentare i principali tools che questo modello offre per la caratterizzazione funzionale di varianti in geni coinvolti nelle malattie mendeliane, nelle malattie mitocondriali e nel cancro. Verrà inoltre approfondito l'utilizzo del lievito per la ricerca di molecole ad attività terapeutica.			NO	attività didattica programmata per il ciclo, insegnamento opzionale

3.	The long and short of High-Throughput Sequencing: a practical approach	10	primo anno	<p>Docente: Dott. Marco Morselli</p> <p>The short course will present the following topics:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>-high-throughput sequencing technologies: Next-Generation Sequencing, single-molecule real-time sequencing, and the newest platforms</li> <li>-how to prepare an NGS library for DNA, RNA, and epigenomics</li> <li>-single-cell sequencing (RNA, ATAC, multi-omics)</li> <li>-spatial transcriptomics</li> </ul> <p>This course will give students the basics to choose the best genomics approach for their experiments conducted during the doctorate, applicable to all fields of biological research.</p>			NO	attività didattica programmata per il ciclo, insegnamento opzionale
4.	Multivariate Statistics and Molecular Evolution	6	secondo anno	<p>Docente: Prof. Angelo Pavesi</p> <p>Il corso in oggetto ha lo scopo di spiegare le basi matematiche di alcuni metodi di statistica multivariata, nonché la relativa applicazione in temi di ricerca che coprono l'evoluzione molecolare di microorganismi quali lievito, batteri e virus. Per statistica multivariata, introdotta come estensione della statistica univariata e bivariata, si intende un uso congiunto di più variabili, reso possibile da operazioni di algebra e geometria di matrici, nel descrivere un determinato fenomeno biologico. I metodi spiegati a lezione sono i seguenti: i) Analisi delle</p>			NO	attività didattica programmata per il ciclo, insegnamento opzionale
				<p>Componenti Principali; ii) Analisi Discriminante Lineare e sua estensione alla funzione quadratica e alla distanza generalizzata di Mahalanobis; iii) Regressione multipla lineare e logistica. Le applicazioni riguardano temi di genetica di popolazioni (componenti principali e variabilità genetica dovuta a deriva), di evoluzione molecolare in virus (discriminazione fra geni sovrapposti e non-sovrapposti in virus di organismi eucariotici) e batteri (identificazione dei determinanti della stabilità termica nell'enzima glutammato deidrogenasi di batteri termofili), e di espressione genica nel lievito <i>Saccharomyces cerevisiae</i> (modello di regressione multipla lineare fra livello di espressione e proprietà di composizione di sequenza in geni codificanti proteine).</p>				

5.	Ancient DNA	6	secondo anno	<p>Docente: Prof. Cristian Capelli</p> <p>L'analisi molecolare di resti fossili ("Ancient DNA") rappresenta una delle aree di ricerca che negli ultimi anni ha generato grande interesse, non solo tra gli addetti ai lavori. L'idea che si possa ricostruire il DNA di un organismo vissuto nel passato ha indubbiamente un fascino che trascende le pagine delle riviste scientifiche ed arriva facilmente a stimolare l'attenzione anche del grande pubblico. In questo corso esploreremo cosa sia il DNA antico e come si analizza il materiale biologico recuperato da resti archeologici, storici e museali. Esamineremo i limiti e le potenzialità di questo approccio, ripercorrendo gli eventi che ne hanno segnato, nel bene e nel male, il suo sviluppo. Infine analizzeremo alcuni dei risultati più significativi, focalizzandoci in particolare su quelli più rilevanti per la comprensione della storia evolutiva della nostra specie, Homo sapiens.</p>			NO	attività didattica programmata per il ciclo, insegnamento opzionale
6.	Scientific and financial challenges in the discovery and development of new antibiotics	10	terzo anno	<p>Docente: Dott. Stefano Donadio</p> <p>The increased incidence of antibiotic resistance among human and animal pathogens is threatening many of the advances that medicine has made, risking to send humanity back to the pre-antibiotic era. There is an urgent need to find new preventive and therapeutic measures to address this slow-moving crisis. However, the pharmaceutical industry has almost completely abandoned the research and development of new antibiotics, further</p>			NO	attività didattica programmata per il ciclo, insegnamento opzionale
				<p>exacerbating the problem. The short course will analyze the challenges associated with antibiotic discovery, from choice of the target to sources of chemical diversity to the approach to follow. It will also analyze the steps necessary to transform a molecule with antibacterial properties into a drug candidate for clinical studies. Finally, it will describe how the industry has dramatically changed over the past generation, leaving a number of gaps that are slowly being filled by public and private-public partnerships.</p>				

7.	Regression analysis: theoretical basis and applications	6	primo anno secondo anno	<p>Docente: Prof. Matteo Manfredini</p> <p>Il corso fornirà agli studenti una panoramica sulle basi teoriche e i campi di applicazione della regressione. Rispetto ai classici test di ipotesi, l'analisi della relazione tra variabili è meno trattata nei corsi di base di statistica, soprattutto nei suoi aspetti più applicativi, e quindi questo breve corso si pone l'obiettivo di colmare, almeno in parte, questa lacuna.</p> <p>In primis, verranno illustrate le basi teoriche e statistiche dell'analisi della regressione con l'intento di favorire non solo un'applicazione corretta, ma anche una comprensione ed interpretazione migliore degli esiti e risultati di tale metodologia.</p> <p>In secondo luogo, il corso illustrerà vari e differenti modelli di regressione, con l'intento di mostrare le enormi potenzialità di questo approccio e l'ampiezza del campo di applicazione. In questo modo si indirizzerà lo studente ad una scelta consapevole e ragionata del tipo di regressione più idonea al tipo di analisi e ai dati sperimentali disponibili.</p>			NO	attività didattica programmata per il ciclo, insegnamento opzionale
8.	Human Epigenome Structure and Gene Expression Modulation by 3D-Genome Chromatin Organizers	6	terzo anno	<p>Docente: Prof. Roberto Ferrari</p> <p>The way epigenetic regulates genome structure and expression to forge cell identity has always been a critical issue, particularly for understanding the molecular basis of diseases. The importance of proper three-dimensional folding of the human genome sets the basis for establishing appropriate pattern of gene expression revolved to coordinate establishment of cell fate and coordinated response to environmental stimuli. Identify the 3D-genome chromatin regulators and their roles becomes of extreme importance in many aspects of cell reprogramming and cell differentiation biology. Our lab</p>			NO	attività didattica programmata per il ciclo, insegnamento opzionale
				<p>is uncovering the role of unexpected new genome regulators formerly reported as ubiquitous general transcription factors. Characterization of these proteins unveils previously unreported ways of shaping the 3D-genome structure via epigenome remodeling, opening new avenues of therapeutic intervention for diseases involving alterations of proper genome folding.</p>				

9.	Plant phenotyping , a tool for breeding and precision agriculture	4	secondo anno	Docente: Dott.ssa Michela Janni Climate change is severely hampering crop yield and farmers incomes. The development and selection of new varieties more adaptable to the ongoing climate change is crucial. Moreover the adoption of farm management to increase agricultural sustainability is mandatory to achieve this goal. Plant phenotyping is key to deciphering the mechanisms triggered by plants during stresses. Several tools can be adopted to perform plant phenotyping both in controlled conditions as in open fields . The course will cover basic knowledge on plant phenotyping with a focus on invivo sensors developed by CNR.			NO	attività didattica programmata per il ciclo, insegnamento opzionale
10.	Analisi metagenomiche applicate allo studio del microbiota	10	primo anno	Docente: Dott. Gabriele Andrea Lugli Il corso di dottorato offre un'approfondita comprensione delle metodologie avanzate utilizzate nello studio del microbiota in ambito umano. In questo corso, i dottorandi esploreranno diverse tecniche chiave, tra cui il 16S microbial profiling, lo shotgun metagenomics e metatranscriptomics. Queste metodologie consentono di identificare, caratterizzare e quantificare le comunità microbiche presenti nel microbiota umano. Oltre alle basi teoriche, i dottorandi apprenderanno i dettagli tecnici del sequenziamento del DNA, e impareranno a come interpretare e analizzare i dati risultanti. Particolare enfasi sarà posta sull'utilizzo di strumenti bioinformatici e sulle migliori pratiche per la gestione dei dati. Oltre agli aspetti tecnici, il corso approfondirà le applicazioni pratiche dello studio del microbiota, con esempi di ricerche in ambito umano.				attività didattica programmata in altro Dottorato, usufruibile
11.	Il microbiota umano: struttura, funzionalità e	10	primo anno	Docente: Prof. Leonardo Mancabelli Il corso introdurrà i concetti				attività didattica programmata

	dinamiche di interazione			<p>fondamentali riguardanti il microbiota umano, focalizzandosi sulla caratterizzazione delle diverse comunità microbiche che colonizzano i vari compartimenti del corpo umano. Verranno esaminate in dettaglio la composizione e la funzionalità del microbiota della pelle, del cavo orale, del tratto respiratorio, gastrointestinale e urogenitale. Particolare attenzione sarà dedicata alle interazioni tra il microbiota e l'ospite, esplorando le dinamiche che influenzano la salute e il benessere.</p>				in altro Dottorato, usufruibile
12.	Ruolo dell'epigenetica nelle malattie complesse: studi in pazienti o in modelli animali	4	secondo anno	<p>Docente: Maria Carla Gerra  Il corso si propone di fornire alcune conoscenze di base di epigenetica e di illustrare due approcci comuni nello studio di condizioni patologiche multifattoriali: la ricerca di biomarcatori per la diagnosi o la predizione e l'indagine dei meccanismi epigenetici sottostanti che potrebbero concorrere allo sviluppo di tali condizioni. Saranno mostrate anche le differenze, vantaggi e svantaggi, delle strategie in geni candidati o strategie di tipo genome-wide. Infine, verranno presentati due casi studio come esempi di applicazione di queste analisi in modelli animali e in soggetti umani.</p>				
13.	Practical NGS data analysis: from raw reads to visualization	10	secondo anno	<p>Docente: Marco Morselli  The short course will teach how to analyze RNAseq data through the GalaxyProject GUI platform (no coding skills required!):  -description of the Galaxy Project platform  -raw data retrieval from public databases  -quality control and trimming  -alignment  -count matrix  -differential expression  -genome browser visualization  -generation of final figures: PCA, volcano plots, heatmaps, pathways, ..)  This course will give students the basics for analyzing NGS data produced in the lab or retrieved from public databases, focused on eukaryotic systems.</p>				