

Faculty

MASSIMO ANDREONI

Università degli Studi di Roma Tor Vergata, Roma

CLAUDIA BALOTTA

Università degli Studi di Milano, Milano

FILIPPO CANDUCCI

Università Vita-Salute S. Raffaele, Milano

MASSIMO CICOZZI

Istituto Superiore di Sanità, Roma

ERIKA EBRANATI

Università degli Studi di Milano, Milano

MASSIMO GALLI

Università degli Studi di Milano, Milano

ALESSIA LAI

Università degli Studi di Milano, Milano

ALESSANDRA LO PRESTI

Istituto Superiore di Sanità, Roma

CAMILLA LUZZAGO

Università degli Studi di Milano, Milano

ANTONIO SICCARDI

Università degli Studi di Milano, Milano

ALESSANDRO ZANETTI

Università degli Studi di Milano

GIANGUGLIELMO ZEHENDER

Università degli Studi di Milano

Informazioni Generali

Sede del Corso

Dipartimento di Scienze Cliniche L. Sacco - Polo Vialba
Via G.B.Grassi 74 - 20157 Milano

ECM

Il Corso, rivolto a 30 partecipanti, è destinato a Medici, Biologi, Veterinari. (Discipline: Malattie Infettive, Biologo, Sanità animale)

Il rilascio della certificazione dei crediti è subordinato alla partecipazione effettiva all'intero programma formativo ed al superamento del Questionario di Verifica Apprendimento.

Coordinatore del Corso

Prof. Massimo Galli

Responsabile Scientifico

Dott. Gianguglielmo Zehender

Provider ECM & Segreteria Organizzativa

T.M.T. Srl

Via Mecenate 12 - 20138 Milano

Tel. 0258012822 - Fax 0258028245

Email: congress@tmtworld.it

Il Corso è realizzato grazie al contributo non condizionante di:

ABBOTT

BOEHRINGER INGELHEIM

BRISTOL-MYERS SQUIBB

GILEAD

MSD ITALIA

Corso di Perfezionamento

Bioinformatica applicata all'evoluzione molecolare e filogenesi degli agenti infettivi

Milano

18-22 Giugno 2012

Dipartimento di Scienze Cliniche
L. Sacco - Polo Vialba

Bioinformatica applicata all'evoluzione molecolare e filogenesi degli agenti infettivi

Razionale Scientifico

Il Corso si propone l'obiettivo di preparare i discenti alla conoscenza delle basi statistiche e matematiche e all'impiego delle tecniche bioinformatiche di base per l'analisi filogenetica applicata allo studio dell'epidemiologia molecolare e dell'evoluzione molecolare degli agenti causa di infezione, con particolare attenzione al significato clinico e terapeutico della variabilità genetica.

Programma Scientifico

Lunedì 18 giugno

Ore 08.00 - 08.30	Registrazione partecipanti
Ore 08.30 - 09.00	Introduzione al Corso M. Galli
Ore 09.00 - 11.00	Storia evolutiva e sociale delle malattie infettive M. Galli
Ore 11.00 - 14.00	Letture: "Evoluzione: storia, concetti, conflitti" A. Siccardi
Ore 14.00 - 15.00	Pausa
Ore 15.00 - 17.00	Fondamenti di Evoluzione Molecolare - Evoluzione molecolare dei virus G. Zehender, M. Ciccozzi
Ore 17.00 - 18.30	Interrogazione Banche dati, BLAST (Teoria) e algoritmi di allineamento M. Ciccozzi, A. Lo Presti

Martedì 19 giugno

Ore 08.30 - 10.30	Modelli statistici in evoluzione molecolare (calcolo delle distanze) M. Ciccozzi
Ore 10.30 - 12.00	Costruzione e analisi di Alberi Filogenetici I: metodi basati sulle distanze G. Zehender
Ore 12.00 - 13.00	Applicazione della bioinformatica alla sanità animale C. Luzzago
Ore 13.00 - 14.00	Pausa
Ore 14.00 - 15.00	Sessione Pratica Banche dati e allineamento (Bioedit, NCBI) E. Ebranati, A. Lai, A. Lo Presti
Ore 15.00 - 18.30	Sessione pratica sulla costruzione alberi basati sulle distanze e sul loro calcolo (Phylip, Mega) E. Ebranati, A. Lai, A. Lo Presti

Mercoledì 20 giugno

Ore 08.30 - 11.00	Costruzione e analisi di Alberi Filogenetici II: metodi discreti (massima parsimonia e massima verosimiglianza, metodi Bayesiani) G. Zehender
Ore 11.00 - 12.30	Modelli evolutivi: metodi per la selezione del modello M. Ciccozzi, G. Zehender
Ore 12.30 - 13.30	Orologi Molecolari (Teoria) G. Zehender
Ore 13.30 - 14.30	Pausa
Ore 14.30 - 16.30	Sessione pratica: selezione del modello e Maximum likelihood (PAUP) E. Ebranati, A. Lai, A. Lo Presti
Ore 16.30 - 18.30	Sessione pratica orologi molecolari (TreePuzzle, Paup) E. Ebranati, A. Lai, A. Lo Presti

Giovedì 21 giugno

Ore 08.30 - 11.00	Analisi di ricombinazione: bootscanning e split decomposition A. Lai, M. Ciccozzi
Ore 11.00 - 14.00	Costruzione e analisi di Alberi Filogenetici III: i metodi Bayesiani G. Zehender
Ore 14.00 - 15.00	Pausa
Ore 15.00 - 16.00	Sessione pratica: analisi ricombinanti mediante SIMPLOT, SPLITTREE E. Ebranati, A. Lai, A. Lo Presti
Ore 16.00 - 18.30	Sessione pratica metodi Bayesiani E. Ebranati, A. Lai, A. Lo Presti

Venerdì 22 giugno

SIMPOSIO EVOLUZIONE VIRALE NEL MANAGEMENT DELLE INFEZIONI

Ore 09.00 - 10.00	Pandemia influenzale e vaccini pre-pandemici A.R. Zanetti
Ore 10.00 - 11.00	La variabilità di HIV nella scelta della terapia M. Andreoni
Ore 11.00 - 12.00	Caratteristiche dell'evoluzione intra-ospite di HIV-1env valutate attraverso studi di sequenza e funzione F. Canducci
Ore 12.00 - 13.00	Studio della diffusione dei sottotipi non B di HIV-1: implicazioni patogenetiche, diagnostiche e cliniche C. Balotta
Ore 13.00	Compilazione del Questionario di Apprendimento ai fini ECM
	Chiusura dei lavori