



Seminario non ECM - FAD Sincrona
“Filogenesi molecolare per lo studio e la caratterizzazione di patogeni di interesse veterinario”
29-30 OTTOBRE 2026
Piattaforma IZSUM

ORGANIZZATORE: Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell’Umbria e delle Marche “Togo Rosati”

ID Evento: 2318

Edizione: 1

Responsabile Scientifico: **Maria Serena Beato:** Dirigente Veterinario - UOC Centri Di Riferenza Nazionali - Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell’Umbria e delle Marche “Togo Rosati”.

PRESENTAZIONE:

Negli ultimi anni, la disponibilità di dati di sequenziamento (Sanger e Next Generation Sequencing) ha trasformato radicalmente la diagnostica e la sorveglianza delle malattie infettive. Tuttavia, una sequenza di nucleotidi, da sola, deve essere contestualizzata. Il corso teorico-pratico nasce per colmare il divario tra il dato biologico grezzo e la sua interpretazione epidemiologica. I partecipanti saranno guidati passo dopo passo nella comprensione dei concetti chiave della filogenesi molecolare, imparando a "leggere" e ricostruire la storia evolutiva di un patogeno. L'obiettivo è la comprensione dei concetti chiave della filogenesi molecolare, imparando a leggere e ricostruire la storia evolutiva di un patogeno tramite l’analisi filogenetica. Capire le relazioni e interpretare le distanze evolutive tra patogeni sono attività fondamentali nella sorveglianza e supportano concretamente le attività di tracciamento e sanità pubblica

Obiettivo: l’evento formativo intende fornire un’introduzione teorica alla filogenesi e alla consultazione dei database. I partecipanti a fine corso saranno in grado di consultare database pubblici (Genbank); leggere e interpretare un albero filogenetico;

Durata: 4 ore di formazione



Quota di partecipazione: Evento a titolo gratuito

Tipologia Formativa: Formazione a distanza sincrona

Metodologia formativa:

✓ serie di relazioni su tema preordinato;

Partecipanti: n. 150

Destinatari: professionisti iscritti SIDILV. Il corso è disegnato per professionisti sanitari (Veterinari, Biologi, Medici, Tecnici di Laboratorio-tutte le discipline) che desiderano acquisire autonomia nell'interpretazione dei dati di sequenziamento, sia in ambito di diagnostica routinaria che di ricerca scientifica. Non sono richieste competenze pregresse di bioinformatica o programmazione.

Strumenti di valutazione:

- ✓ Questionario di gradimento online;
- ✓ Verifica differita dell'apprendimento con questionario on-line a risposta multipla con doppia randomizzazione delle domande e risposte ad ogni tentativo, da effettuare **entro 6 giorni dalla conclusione dell'evento**

Materiale durevole consegnato ai discenti: slide delle docenze

Il rilascio dell'attestato è subordinato:

- 1- **Presenza in videoconferenza negli orari indicati nel programma 90% del monte orario indicato**

- 2- Superamento della prova di verifica di apprendimento. Pertanto, è obbligatorio compilare il **questionario di valutazione** dell'apprendimento **entro il giorno 5 novembre 2026 e raggiungere** almeno la soglia del **75%** delle risposte esatte; cinque tentativi permessi, la possibilità di ripetere il test di apprendimento è condizionata alla visualizzazione dell'intera registrazione del corso per ogni tentativo
- 3- Compilazione del questionario di gradimento **entro il giorno 5 novembre 2026**.

Per la partecipazione è fondamentale che ciascun discente si colleghi alla piattaforma individualmente con le credenziali personali e per consentire la registrazione degli accessi e il tracciamento della partecipazione, necessari per il rilascio dell'attestato.

PROGRAMMA

29 OTTOBRE 2026		
Orario	Relazioni	Docenti e sostituti
09:40 – 09:45	Accesso partecipanti alla piattaforma	
09:45 – 10:00	Saluti di benvenuto	Direzione Aziendale
10:00 – 10:10	Apertura dei lavori Presentazione del Corso e degli obiettivi formativi	Maria Serena Beato – IZS Umbria e Marche
10:10 – 10:40	La domanda: quando e a cosa serve l'analisi filogenetica. Principi, teoria e definizioni (omologia/analogia, rooting, cladistica)	Enrico Savegnago – IZS delle Venezie sostituto Luca Tassoni - IZS delle Venezie
10:40 – 11:20	tipologia di dati, ricerca in database (NCBI, Entrez) e BLAST	Luca De Sabato – Istituto Superiore di Sanità sostituto Luca Tassoni - IZS delle Venezie
11:20– 12:00	articoli/casi pratici	Luca Tassoni - IZS delle Venezie sostituto Enrico Savegnago - IZS delle Venezie
30 OTTOBRE 2026		

Orario	Relazioni	Docenti e sostituti
09:00 – 9:30	Accesso partecipanti alla piattaforma	
9:30 – 10:00	segnale, orologio molecolare	Enrico Savegnago - IZS delle Venezie sostituto Luca Tassoni - IZS delle Venezie
10:00 – 10:30	distanze p e correzioni (modelli di sostituzione)	Luca Tassoni - IZS delle Venezie sostituto Enrico Savegnago - IZS delle Venezie
10:30 – 11:00	metodi creazione dell'albero albero: NJ/ML	Enrico Savegnago - IZS delle Venezie sostituto Luca Tassoni - IZS delle Venezie
11:00– 11:30	Bootstrap, visualizzazione e interpretazione dell'albero filogenetico	Luca Tassoni - IZS delle Venezie sostituto Enrico Savegnago - IZS delle Venezie
11:30-12:00	articoli/casi pratici	Luca Tassoni - IZS delle Venezie e Luca De Sabato – Istituto Superiore di Sanità sostituto Enrico Savegnago - IZS delle Venezie

DOCENTI:

MARIA SERENA BEATO – Dirigente Veterinario – UOC Centri Di Riferenza Nazionali - Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Umbria e delle Marche "Togo Rosati";

LUCA DE SABATO – Ricercatore – Istituto Superiore di Sanità;

ENRICO SAVEGNAGO – Collaboratore Tecnico Professionale – Bioinformatico - Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie;

LUCA TASSONI - Ricercatore – Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie;

PER INFORMAZIONI:

UOS.VD Formazione e Centro di documentazione Scientifica

Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Umbria e delle Marche "Togo Rosati"

Via Salvemini, 1 06126 Perugia Tel.: +39 075 343260-295-257 e-mail: formazione@izsum.it