

MASTER IN
“**BIOINFORMATICA E STATISTICA APPLICATA ALLE SCIENZE**”
STATUTO - BANDO

Articolo 1 - Istituzione, finalità, sbocchi occupazionali

A. L'Istituto Euro – Mediterraneo di Scienza e Tecnologia (I.E.ME.S.T.) attiva il *master* in “**BIOINFORMATICA E STATISTICA APPLICATA ALLE SCIENZE**”. Il presente statuto disciplina gli aspetti relativi all'attivazione ed alla gestione del *master*. L'iscrizione e la frequenza di esso presuppongono l'integrale accettazione del presente Statuto. L'iniziativa è motivata dalla carenza di corsi di alta formazione in questo settore, laddove invece si registra un **incremento della domanda di personale qualificato** grazie allo sviluppo esponenziale che le cosiddette “scienze - omiche” stanno registrando nell'ultimo decennio. Pertanto, obiettivo è la formazione di professionisti in grado di gestire la grande mole di dati generata da tali analisi, che trovano applicazione in qualsiasi ambito della ricerca sperimentale e della diagnostica clinica. Con l'attivazione dello *master* in oggetto lo I.E.ME.S.T. intende pertanto fornire un contributo per soddisfare tale esigenza sociale, scientifica, formativa.

B. Principale finalità del *master* è quella di formare personale altamente specializzato nel settore dell'analisi statistica e bioinformatica dei dati attraverso la conoscenza **delle più innovative metodologie di analisi e strategie per la personalizzazione delle stesse** in funzione di quelle che possono essere le necessità dei ricercatori che scelgono un approccio innovativo “informatics and statistics based” applicato ai vari ambiti scientifici. Il *master* è aperto principalmente a biologi, biotecnologi, biomedici, genetisti forensi, chimici, farmacisti, veterinari, tecnici di laboratorio, nonché ad altri soggetti in possesso di laurea triennale, specialistica, magistrale o equiparabile che attraverso questo percorso formativo potranno acquisire **conoscenze teoriche e pratiche spendibili** in aziende specializzate, laboratori di analisi e di ricerca scientifica, pubblici e privati, in Italia e all'estero.

C. Le lezioni frontali saranno seguite da attività guidate durante le quali i partecipanti avranno modo di applicare le conoscenze teoriche acquisite. Gli iscritti apprenderanno le principali metodologie di analisi statistica e bioinformatica applicabile a tutti i campi della ricerca umana, biomedica, farmaceutica, veterinaria e forense. È, inoltre, previsto un esame finale per il conseguimento del titolo di **“Esperto in Bioinformatica e Statistica Applicata”**, cui seguirà il rilascio di apposito attestato di partecipazione per uso consentiti dalla legge.

D. Il *master* si propone di dare la possibilità ai partecipanti di acquisire un’esperienza avanzata sull’applicazione di tutte le metodologie presenti nel piano di studio, nonché di comprendere le basi scientifiche che motivano la scelta di un determinato algoritmo di analisi piuttosto che un altro, corrispondentemente alla specifica necessità diagnostica o scientifica. L’obiettivo del *master* è rendere l’iscritto un elemento competitivo nel mondo del lavoro per l’inserimento in strutture ospedaliere, in laboratori di ricerca di Dipartimenti Universitari o di altri enti privati, in industrie farmaceutiche, nonché in aziende che operano nel campo delle tecnologie biologiche e mediche.

Articolo 2 - Sede amministrativa, durata, lingua

Il *master* è istituito presso lo I.E.M.E.S.T., con sede amministrativa in Via Michele Miraglia/Piazzetta Briuccia 20, Palermo - avrà inizio l’1 marzo 2019 e terminerà il 28 settembre 2019 (durata di sei mesi). La lingua ufficiale sarà l’italiano, mentre il materiale di supporto (fornito e non) sarà prevalentemente in lingua inglese.

Articolo 3 - Piano didattico, agevolazioni, esame finale

Il *master* si articola su un totale di 300 ore di attività formativa, così suddivisa: 180 ore di attività teorica e 120 ore di attività pratiche ed esercitazioni in laboratorio. Per ciascun modulo didattico verrà effettuata una verifica finale di profitto, il cui superamento sarà necessario per l’ammissione alla prova finale, in forma di elaborato scritto, richiesta per il conseguimento del titolo. Per la realizzazione del *master* ci si avvarrà di docenti con esperienza e competenze specifiche su tematiche di interesse del corso, come meglio specificato oltre. Il Comitato Ordinatore, la cui composizione è indicata più avanti, si riserva la possibilità di variare la distribuzione delle ore teoriche e pratiche in funzione dell’ottimale riuscita del *master*.

Di seguito è descritta l'articolazione del Programma Formativo, in forma modulare e con numerazione progressiva (non necessariamente da erogare secondo il presente ordine consecutivo):

MODULO 1: Bioinformatica ed Applicazioni Genomiche

- Basi di Bioinformatica: introduzione al concetto di Bioinformatica, partendo da brevi cenni storici sino alle moderne applicazioni (Analisi di Sequenze, Variant Effects Prediction, Predizioni di Strutture Proteiche, Annotazione di Genomi, Genomica Comparativa, Health and Drug Discovery). Descrizione e sviluppo delle "Aree chiave" (Key Areas) della disciplina: Bioinformatica Strutturale, Analisi di Sequenze, Gestione di Dati provenienti dai Database Bioinformatici.
- Principi di base relativi all'allineamento delle sequenze: definizione e caratteristiche del formato FASTA (inclusi E-Values e Z-Scores) e caratterizzazione di alcuni parametri relativi all'allineamento delle sequenze: Gap ed Inserzioni, Matrici (BLOSUM) di sostituzione, Gap Penalty, Scoring di un allineamento.
- NCBI/Blast I: esplorazione delle risorse disponibili all'NCBI, il National Centre for Biotechnology Information, con sede presso il National Library of Medicine negli USA. Ricerche in Blast per trovare sequenze simili nell'enorme database di sequenze NR. Uso di sequenze simili per valutare il grado di omologia, predittore primario della funzione di un gene o di una proteina.
- Blast II/Comparative Genomics: esplorazione più approfondita delle risorse disponibili all'NCBI. Ricerche dettagliate mediante i metamotori di Blast: BlastP, PSI-Blast, e Translated Blast. Utilizzo delle sequenze simili identificate tramite tali algoritmi per valutare il grado di omologia, nonché comparare parti di genomi appartenenti a numerose specie differenti, per vedere quanto esse siano simili.
- Multiple Sequence Alignments: allineamenti multipli con Clustal (nella sua implementazione in MEGA), DiAlign e MAFFT. Gli allineamenti di sequenze multiple possono indicare in quale posizione della sequenza si trovano le regioni conservate e le ragioni variabili, aspetto fondamentale per la comprensione della biologia delle sequenze in esame. Tutto ciò fornisce, inoltre, competenze per

applicazioni pratiche, come la capacità di disegnare primers per PCR in grado di amplificare sequenze relative ad un numero notevole di specie differenti.

- Phylogenetics: analisi filogenetiche con i metodi neighbour-joining e maximum likelihood, basate sugli allineamenti di sequenze multiple generati durante il modulo precedente. La struttura ad albero generata da queste analisi fornirà informazioni su quanto le sequenze siano correlate le une alle altre, e suggerisce quando, durante l'evoluzione, si sono verificate speciazioni ed eventi di duplicazione genica.
- Selection Analysis: analisi di sequenze ortologhe di provenienza batterica mediante DataMonkey per valutare la presenza di specifici siti sotto selezione positive, negative o neutrale. Questo tipo di analisi può aiutare a comprendere la biologia di un set di sequenze codificanti per proteine grazie all'identificazione dei residui che potrebbero essere importanti per le loro funzioni biologiche (quei residui sotto selezione negative) o quelli che potrebbero essere coinvolti nella risposta ad agenti esterni, come farmaci, patogeni od altri fattori (residui sotto selezione positiva).
- NGS Data Analysis (DNA-Seq): introduzione al concetto di Next Generation Sequencing (NGS), con descrizione delle principali applicazioni della deep analysis. Valutazione, tra gli altri, di fattori qualitativi e quantitativi: Depth, Coverage, Stima delle dimensioni del genoma, Lunghezza delle Reads, Sequencing Type (Single Ends or Pair Ends), Repliche. Sviluppo di pipeline di analisi e progettazione di un Workflow dettagliato (Primary Analysis, Downstream Analysis, Meta-Analysis). Importanza fondamentale dei controlli di qualità nell'analisi dati NGS. Presentazione della piattaforma di analisi Cloud-based "Galaxy NGS" e di alcuni tools commerciali per l'NGS data analysis. Applicazione di una pipeline di analisi dati relativa al sequenziamento di Genomi/Esomi, con dettagliata analisi delle varianti presenti. DNA – Seq Data Visualization.
- NGS Data Analysis (RNA-Seq/Metagenomics): analisi dei dati generati da esperimenti di trascrittomico (RNA-Seq), per valutare dove un dato gene sia espresso, nonché come quel gene possa andare incontro a splicing alternativo (studio delle isoforme). Analisi di alcuni dataset di metagenomica, utili ad ottenere indicazioni sul tipo di specie (soprattutto microbiche, che

potrebbero rivelarsi molto difficili da coltivare) che si trovano in una data nicchia ambientale.

MODULO 2: Protein and Gene Expression Analyses

- Protein Motifs: analisi delle regioni conservate all'interno delle famiglie proteiche, da semplici analisi dei profili di espressione sino all'utilizzo dei modelli di Markov nascosti (HMMs). Lo studio di tali regioni può favorire la comprensione più dettagliata della biologia di una sequenza, in quanto necessari per la funzione biologica, nonché aiutare ad attribuire funzioni alle sequenze per le quali non si è in grado di identificare alcun omologo nei database.
- Protein-Protein Interactions: analisi delle interazioni proteina – proteina (PPIs). Vantaggi e svantaggi delle differenti metodiche di studio delle PPIs. Approfondimento sulla Co-Immunoprecipitazione della Cromatina (ChIP) per l'identificazione di sequenze di DNA legate da particolari proteine, quali i fattori di trascrizione. Applicazione dei recenti sviluppi nell'ambito della deep sequencing per un'analisi quali – quantitativamente superiore di ChIP data (ChIP-Seq). Analisi di enrichment tramite Gene Ontology (GO) per lo studio dei possibili interattori delle proteine in esame. Le interazioni proteina – proteina sono importanti giacché le proteine non agiscono in maniera isolate, e spesso un esame dei partner di interazione (determinati in modo corretto, ad esempio tramite metodiche di deep sequencing) di una data proteina può fornire numerose informazioni riguardo la sua biologia.
- Protein Structure: esplorazione del principale database per le strutture proteiche, PDB, e del tool online per la ricerca di similitudini strutturali, VAST, con approfondimenti sulla struttura terziaria di una proteina in 3D. Basi sull'utilizzo del software stand – alone PyMOL, per lo studio più dettagliato di alcune strutture proteiche.
- Gene Expression Analysis I: panoramica sui numerosi metodi analitici dei livelli di espressione genica in un genoma, in un tessuto od a livello di citotipo specifico. Analisi di RNA – seq data. Esplorazione del Sequence Read Archive (SRA), uno dei principali database di RNA – seq data. Utilizzo della suite open – source R – based BioConductor e di altri software commerciali per il processamento delle raw reads provenienti da alcuni set di RNA – seq, al fine di valutarne i livelli di espressione, per selezionare i geni differentemente espressi, ed infine visualizzarli su una heat map. Conoscere quando e dove i

geni sono espressi (attivi) nei tessuti o nelle cellule rappresenta uno dei principali fattori chiave che determina e distingue quel tessuto o quella cellula, sia in termini di morfologia che in termini di risposta agli stimoli esterni. RNA – Seq Data Visualization.

- Gene Expression Analysis II: clustering gerarchico dei geni differentemente espressi ottenuti durante il modulo precedente, con visualizzazione tramite il tool online Expression Browser. Utilizzo di tool online che mediante la metrica di somiglianza ed il coefficiente di correlazione di Pearson, permette di identificare i geni che rispondono in maniera simile al nostro gene di interesse. Utilizzo del tool ATTED-II per corroborare la nostra lista di geni. Esplorazione di alcuni database online di espressione genica ed utilizzo di tool online per l'analisi di enrichment tramite Gene Ontology.
- Cis Regulatory Systems: ricerca di elementi cis noti in alcuni set di promotori, e predizione di nuovi attraverso metodiche analitiche differenti. L'espressione genica è in parte controllata dalla presenza di brevi sequenze nel promotore (ed in altre porzioni) dei geni chiamate elementi cis, che permettono ai fattori di trascrizione e ad altre proteine regolative di legare e dirigere i profili di espressione in specifici tessuti o cellule, od in risposta a stimoli ambientali.

MODULO 3: Data Exploration

- Descriptive Statistics: definizione dei concetti generali del data mining. Basi statistica descrittiva: classificazione dei tipi di dati e principali metodologie di rappresentazione grafiche, tra cui istogrammi, boxplots, e scatterplots. Lo scopo di questa sezione è trovare i metodi più opportuni per rendere efficace la rappresentazione, la fruizione e l'interpretazione dei dati in proprio possesso.
- Descriptive parameters and distributions: Rappresentazione di misure centrali di tendenza: media, varianza, deviazione standard, mediana e moda. Variabili casuali. Fondamenti di probabilità classica, frequentista e bayesiana. Probabilità in senso statistico, eventi compatibili ed incompatibili, eventi dipendenti ed indipendenti; probabilità composta. Distribuzioni di probabilità: distribuzione Binomiale, distribuzione Normale, distribuzione di Poisson, distribuzione T-Student.

MODULO 4: Statistica Applicata

- Statistica Inferenziale: Campioni e distribuzioni campionarie. Stima puntuale. Stima per intervallo. Definizione degli intervalli di confidenza. Verifica delle ipotesi. Verifica dell'applicabilità di un test: test parametrici e non parametrici. Principi di Disegno sperimentale. In questa sezione verranno presentate le principali tecniche di statistica inferenziale: t-test, f-test e test del Chi-quadro.
- Statistica medica: regressione lineare, univariata e multivariata; analisi della correlazione, analisi della varianza. Maximum Likelihood Estimator (MLE); il modello di regressione logistica. Valutazione e diagnostica dei modelli; interpretazione dei risultati. Analisi delle componenti principali e analisi fattoriale. Analisi della sopravvivenza: curve di Kaplan-Meier ed il modello di Cox
- Statistica Bayesiana: Approccio Bayesiano alla probabilità. Teorema di Bayes. Priors e Models.
- Machine Learning: Principi del Machine Learning e sua applicabilità ai dati biomedici. Features and Classes. Problemi di Regressione e Classificazione. Bias-Variance Tradoff. Supervised vs Unsupervised Learning. Performance Analysis: Confusion Matrix, ROC curve. Train, Test and Validation Sets. In questa sezione verranno presentate alcune tra le principali tecniche di Machine Learning, quali SVM, K-mean e K-Nearest Neighbor, Neural Networks.

PROVA FINALE

Per ciascun modulo didattico verrà effettuata una **verifica finale di profitto** da parte di una apposita Commissione designata dal Comitato Ordinatore secondo modalità scelte da ogni singola Commissione (test a risposta multipla, colloquio, elaborato scritto o simulazione di analisi).

La **prova finale** del *master*, per il conseguimento del titolo, consisterà nella consegna di un elaborato analitico, in italiano o in inglese, su un argomento relativo a uno o più dei Moduli del *master*. L'argomento dell'elaborato verrà concordato con uno dei Docenti del *master*, che assumerà la funzione di Tutor. Il docente sarà assegnato dal Comitato Ordinatore. La discussione di tale elaborato avverrà in seduta pubblica, davanti a una Commissione formata dal Comitato Ordinatore, dal Relatore interessato e da altri membri del Collegio dei Docenti, in data 12 ottobre 2019. La prova finale potrà essere effettuata solo dopo il superamento delle verifiche di profitto su tutti i moduli del *master*.

Tutte le attività didattiche frontali e di laboratorio, nonché la prova finale, si svolgeranno presso la sede dello I.E.M.E.S.T., salvo diversamente concordato per ragioni pratiche con gli allievi del *master*.

Articolo 4 - Ammissione al *master*, assicurazione e frequenza

A. Potranno essere ammessi al *master* un numero minimo di 20 e un numero massimo di 30 allievi. In via eccezionale, il Presidente del Comitato Ordinatore potrà autorizzare la frequenza di un numero lievemente minore o maggiore di iscritti, previa verifica della disponibilità di docenti, spazi e servizi informatici che garantiscano a tutti gli iscritti la piena frequenza e lo svolgimento ottimale delle attività teorico-pratiche del *master*.

B. Il titolo di studio richiesto per l'ammissione al *master* è uno dei seguenti: Laurea in Medicina e Chirurgia, Laurea in Chimica e Tecnologia Farmaceutiche, Laurea in Biomedicina, Laurea in Biologia, Laurea in Biotecnologie, Laurea in Farmacia, Laurea in Veterinaria, altre Lauree triennali o magistrali attinenti alla tematica del Corso, Lauree equipollenti (per i partecipanti stranieri). I candidati in possesso di titoli rilasciati all'estero potranno essere ammessi previa verifica dell'equipollenza da parte del Comitato Ordinatore. Potranno, altresì, presentare istanza di ammissione con riserva i laureandi nella sessione di Marzo 2019, afferenti ai corsi di laurea relativi alle suddette aree scientifiche, la cui accettazione sarà subordinata all'eventuale raggiungimento del numero massimo di iscritti.

C. Il presente Statuto, con funzioni di **Bando di ammissione al master**, viene pubblicato sul sito dello I.E.M.E.S.T.. La domanda di partecipazione **alla procedura di selezione**, attraverso il modulo allegato al presente documento, dovrà essere presentata **dal 15 dicembre 2018 al 31 gennaio 2019**. Le procedure di selezione si svolgeranno il **4 febbraio 2019**. Le iscrizioni dei candidati selezionati dovranno avvenire entro il **18 febbraio 2019**. **I candidati dovranno compilare e inviare la domanda di partecipazione, che trovano in allegato al presente statuto – bando, a mezzo email al seguente indirizzo: formazione@iemest.eu**. Sarà dato riscontro di ricezione a mezzo email dallo stesso Istituto Organizzatore.

D. La quota di iscrizione comprende la **polizza assicurativa** che copre i corsisti per le attività inerenti alla loro frequenza teorico – pratica.

E. L'accesso al *master*, nel limite dei posti disponibili, sarà consentito a seguito di valutazione del candidato, da parte della Commissione esaminatrice, tramite colloquio. La Commissione esaminatrice è composta dal Coordinatore del *master* e dai docenti designati dal Comitato Ordinatore. Il punteggio massimo della prova

orale è di 30 punti. La prova, che previo accordo con i candidati potrà avvenire anche in videoconferenza, è volta ad accertare le attitudini del candidato alla frequenza del *master* e le motivazioni che lo spingono a frequentare le attività. La prova orale (colloquio) si riterrà superata se il candidato avrà raggiunto il punteggio minimo di 18/30.

F. Saranno ammessi i candidati che, in relazione al numero delle iscrizioni disponibili, si collocheranno in posizione utile nella graduatoria compilata dalla Commissione.

G. Ai candidati ammessi verrà fornito, prima dell'inizio del *master*, materiale di supporto quali dispense et simila, con lo scopo di fornire un background iniziale che sarà ritenuto acquisito al momento dell'inizio del *master* stesso.

H. La frequenza alle attività del *master*, è obbligatoria e a tempo pieno. Il Comitato Ordinatore potrà deliberare decaduto da ogni diritto l'iscritto che abbia superato il 25% di assenze sul totale di ore di didattica teorico – pratica; in questo caso non verrà effettuato alcun rimborso dei contributi versati.

Articolo 5 - Comitato ordinatore e collegio dei docenti

L'organo di gestione del *master* è il Comitato Ordinatore, composto dal Consiglio Direttivo dello I.E.ME.S.T., che può deliberare in presenza del Presidente e di almeno un altro componente. Il Collegio dei Docenti, che potrà avvalersi di altre figure di supporto (tutors), è così composto:

- Prof.ssa Antonina Sidoti
- Dr. Alessandro Calamuneri
- Dr.ssa Alessandra Costa
- Dr. Giuseppe Curcurù
- Dr.ssa Rosalia D'Angelo
- Dr. Luigi Donato
- Dr.ssa Concetta Scimone

Articolo 6 - Spese di iscrizione

A. Il *master* è autofinanziato. Lo I.E.ME.S.T. ne cura la gestione contabile e amministrativa. La principale fonte di finanziamento è rappresentata dai contributi degli iscritti al *master*; eventuali contributi di Enti pubblici e/o Aziende private sono auspicati, ma non obbligatori, per l'attivazione del *master*.

B. La prova di selezione è del tutto gratuita. Gli ammessi al *master* dovranno versare una quota di iscrizione di euro 2.500,00 (duemilacinquecento/00) Iva inclusa. Tale quota di iscrizione potrà essere corrisposta dal corsista in due rate, come segue:

- un versamento di euro 1.000,00 (mille/00) Iva inclusa, da versare entro 7 giorni dalla comunicazione del superamento della prova di selezione;
- un versamento di euro 1.500,00 (millecinquecento/00) Iva inclusa, entro la prima settimana di inizio del corso.

C. Non è previsto alcun rimborso per gli iscritti che vorranno cancellarsi dal *master* prima della sua naturale conclusione. Tutti gli importi dovranno essere versati tramite bonifico sul conto IBAN **IT08L0200804697000300759491**, Unicredit S.p.A. Agenzia 8, Via Dante 71/75/77 – 90141 Palermo, intestato allo I.E.ME.S.T., specificando nella causale: **“Master in Bioinformatica e Statistica Applicata alle Scienze”**.

D. In caso di mancato raggiungimento del numero minimo di iscritti, lo I.E.ME.S.T. provvederà al rimborso integrale della quota di iscrizione agli studenti che avranno già provveduto a versarla.

Articolo 7 - Modifiche al programma formativo

Lo I.E.ME.S.T. si riserva, per esigenze di aggiornamento scientifico e/o didattico, il diritto di modificare il programma formativo proposto, preservando comunque l'alta qualità scientifica e didattica del *master* e dei relativi docenti.

Articolo 8 - Trattamento dei dati personali

Ai sensi del Decreto Legislativo n. 196 del 30 giugno 2003, lo I.E.M.E.S.T. si impegna a rispettare il carattere riservato delle informazioni fornite dai candidati: tutti i dati forniti saranno trattati solo per le finalità connesse e strumentali al concorso e all'eventuale gestione del rapporto durante lo svolgimento del *master*, nel rispetto delle disposizioni vigenti.

Articolo 9 - Norme di rinvio

Per quanto non previsto nel presente bando, devono intendersi applicate le disposizioni legislative e regolamentari in materia di Master privati vigenti in Italia. Ogni e qualsiasi controversia è sottoposta alla competenza esclusiva del Tribunale di Palermo, anche in deroga agli ordinari criteri di competenza.

Palermo, 15 dicembre 2018

IL PRESIDENTE DELLO I.E.M.E.S.T.

Prof. Bartolomeo Sammartino



DOMANDA DI PARTECIPAZIONE

ALLA SELEZIONE PER TITOLI ED EVENTUALE PROVA ORALE PER L'ACCESSO AL MASTER
"BIOINFORMATICA E STATISTICA APPLICATA ALLE SCIENZE"

Segreteria Amministrativa
Istituto Euro –Mediterraneo di Scienza e Tecnologia (I.E.ME.S.T.)
Via Michele Miraglia/Piazzetta Briuccia 20, 90139 Palermo
formazione@iemest.eu

I campi contrassegnati da * sono obbligatori

Il/La sottoscritto/a _____
(Cognome*) (Nome*)

presa visione del relativo STATUTO–BANDO (pubblicato sul sito I.E.ME.S.T.
<http://www.iemest.eu/it/>)

CHIEDE

di partecipare alla selezione per l'accesso al Master in:

"BIOINFORMATICA E STATISTICA APPLICATA ALLE SCIENZE"

Presso la sede dell'Istituto Euro –Mediterraneo di Scienza e Tecnologia (I.E.ME.S.T.)

DATI ANAGRAFICI

Cognome* _____ Nome*: _____

Luogo di nascita * _____ Data di nascita * _____

Cittadinanza* _____ Sesso * M F

Codice Fiscale* _____ Telefono/Cellulare _____

E-Mail _____

Residenza

Città* _____ Telefono _____

Indirizzo* _____ n° _____ CAP * _____

Domicilio (se diverso dalla residenza)

Città* _____ Telefono _____

Indirizzo* _____ n° _____ CAP * _____

Dichiarazione sostitutiva di certificazione (*)
(art. 46 D.P.R. n. 445/2000)

Il/La sottoscritto/a, consapevole delle sanzioni penali previste per il caso di dichiarazioni mendaci, falsità negli atti ed uso di atti falsi, richiamate dall'art. 76 del D.P.R. n. 445/2000

dichiara:

Di essere in possesso del seguente titolo accademico *:
Conseguito in data (gg/mm/aaaa)*
con votazione media degli esami*
con votazione finale*
presso l'Università/Istituto Superiore * (denominazione esatta):
Matricola

- Di essere laureando/a in _____ nella sessione di Marzo 2019

Il/La sottoscritto/a, dichiara di aver preso visione dello STATUTO – BANDO di selezione.

Il/La sottoscritto/a, consente all'Amministrazione dello I.E.ME.S.T., ai sensi dell'art. 11 della L. n. 675/1996 e successive modifiche e integrazioni, il trattamento dei dati personali finalizzato al conseguimento di fini istituzionali.

Allega alla presente istanza la seguente documentazione (in originale o autocertificata ai sensi dell'art. 46 del DPR n. 445/2000):

- a) curriculum vitae et studiorum** sottoscritto dal candidato completo di dati anagrafici, indirizzo postale, recapiti telefonici ed e-mail;
- b) certificato di laurea** nel quale siano indicate le votazioni riportate nei singoli esami di profitto, la votazione dell'esame di laurea e la data di quest'ultimo **o dichiarazione sostitutiva di certificazione**, resa ai sensi dell'art. 46 del D.P.R. n°445 del 28.12.2000, nella quale l'interessato attesta, sotto la propria responsabilità e nella consapevolezza delle sanzioni penali ed amministrative in cui si incorre in caso di dichiarazioni mendaci, il possesso del titolo di studio valido per l'accesso al Master, le votazioni riportate nei singoli esami di profitto, la votazione dell'esame di laurea e la data di quest'ultimo;
- c) titolo, materia, relatore e descrizione sintetica della tesi di laurea** (max 2.000 caratteri);
- d) eventuali altri titoli attestanti attività formative o esperienze professionali pregresse;**
- e) elenco di tutti i documenti e i titoli presentati;**
- f) copia del documento di identità in corso di validità**

Data _____

Firma per esteso _____