

CORSO DI STUDIO *BIOINFORMATICA*

ANNO ACCADEMICO (2023-2024)

DENOMINAZIONE DELL'INSEGNAMENTO

Scienze Omiche: Proteomica e Metabolomica(3CFU)

Principali informazioni sull'insegnamento	
Anno di corso	I anno
Periodo di erogazione	<i>Il semestre (marzo 2024-giugno 2024)</i>
Crediti formativi universitari (CFU/ETCS):	3
SSD	<i>Biochimica BIO/10</i>
Lingua di erogazione	<i>italiano</i>
Modalità di frequenza	<i>obbligatoria</i>

Docente	
Nome e cognome	<i>Alessandra Castegna</i>
Indirizzo mail	<i>alessandra.castegna@uniba.it</i>
Telefono	<i>080 5442775</i>
Sede	<i>Palazzo Farmacia CAMPUS, secondo piano</i>
Sede virtuale	
Ricevimento	<i>Giovedì 13.30-15.30</i>

Organizzazione della didattica			
Ore			
Totali	Didattica frontale	Pratica (laboratorio, campo, esercitazione, altro)	Studio individuale
75	16	12	47
CFU/ETCS			
3	2	1	

Obiettivi formativi
<p>Il corso ha come obiettivi formativi principali l'insegnamento delle tecniche e degli strumenti bioinformatici utilizzati per l'analisi di dati proteomici e metabolomici. In particolare, il corso mira a fornire agli studenti le conoscenze e le competenze necessarie per: comprendere i principi di base dell'analisi proteomica e metabolomica, compresa la preparazione dei campioni, la separazione dei componenti, la rilevazione e l'identificazione dei metaboliti e dei peptidi; conoscere le applicazioni della proteomica e metabolomica bioinformatica in diverse aree della ricerca biomedica e biotecnologica; imparare a utilizzare i database di riferimento per l'identificazione di proteine e metaboliti; comprendere le tecniche di analisi multivariata e i modelli statistici utilizzati per l'interpretazione dei dati; utilizzare gli strumenti bioinformatici per l'analisi e l'interpretazione dei dati proteomici e metabolomici. Il corso prevede esercitazioni pratiche per l'utilizzo di tool di identificazione di dati di spettrometria di massa, recupero di dataset proteomici da database dedicati, analisi e visualizzazione grafica di dataset proteomici di pazienti attraverso il linguaggio di programmazione open-source R.</p>

Prerequisiti
Non vi sono prerequisiti specifici differenti da quelli richiesti per l'accesso al corso di laurea.

<p>Metodi didattici</p>	<p>La didattica consiste in:</p> <ul style="list-style-type: none"> - lezioni frontali per l'esposizione dei principi analitici, delle strategie, degli algoritmi e strumenti bioinformatici necessari per condurre uno studio con approccio OMICO; - esercitazioni in aula finalizzate all'apprendimento e applicazione dei metodi di interpretazione spettri di massa e spettri frammentazione, nonché delle strategie analitiche utilizzate per l'identificazione e la caratterizzazione strutturale delle proteine; - esercitazioni sull'analisi di espressione differenziale di dataset contenenti dati di quantificazione di proteine, in R.
<p>Risultati di apprendimento previsti</p> <p>DD1 Conoscenza e capacità di comprensione</p> <p>DD2 Conoscenza e capacità di comprensione applicate</p> <p>DD3-5 Competenze trasversali</p>	<p>Al termine dell'insegnamento lo studente avrà sviluppato conoscenza e comprensione:</p> <ul style="list-style-type: none"> - delle tecniche analitiche per identificare, caratterizzare e quantificare il proteoma e il metaboloma, e degli approcci per l'ottenimento di dati proteomici e metabolomici, - dei database di riferimento e degli strumenti bioinformatici utilizzati per la loro analisi e interpretazione dei dati proteomici e metabolomici. <p>Al termine dell'insegnamento lo studente avrà sviluppato la capacità di gestire dataset proteomici e metabolomici da database dedicati, ed effettuare analisi e visualizzazione grafica di dataset di pazienti attraverso il linguaggio di programmazione open-source R.</p> <p>Al termine dell'insegnamento lo studente sarà in grado:</p> <ul style="list-style-type: none"> -di formulare autonomamente una ipotesi clinica applicando le tecniche acquisite e di dimostrarla autonomamente attraverso l'analisi in database di pazienti; -di delineare autonomamente linee di comando R per l'analisi di dataset proteomici e metabolomici per rispondere a un determinato quesito; -di fornire supporto bioinformatico all'interno di gruppi di ricerca attraverso l'analisi di dataset di pazienti.

Contenuti di insegnamento (Programma)	Strategie analitiche: preparazione del campione. Introduzione alla spettrometria di massa. Le sorgenti ioniche utilizzate per l'analisi di proteine e peptidi: sorgenti Elettrospray e MALDI. Analizzatori: ToF, quadrupolo, trappola ionica, orbitrap. La spettrometria di massa tandem. Interpretazione di spettri di frammentazione di peptidi. Applicazioni della spettrometria di massa per lo studio strutturale di proteine: assegnazione delle modifiche post-traduzionali. Strategie analitiche per l'identificazione delle proteine: Peptide Mass Fingerprint, Sequence Query e MS/MS Ion Search. Applicazioni della spettrometria di massa per lo studio strutturale di proteine: assegnazione delle modifiche post-traduzionali. Strategie di proteomica quantitativa. Metodi analitici basati su tecniche di marcatura isotopica: SILAC, ICAT, iTRAQ. Approcci di proteomica quantitativa label free. Analisi differenziale di dataset contenenti dati di quantificazione di proteine in R.
Testi di riferimento	<i>Non vi sono testi di riferimento</i>
Note ai testi di riferimento	
Materiali didattici	Materiale didattico sottoforma di presentazione ppt è disponibile sulla classe Team del corso; il materiale delle esercitazioni (script di R) è disponibile in formato txt sulla classe Team del corso.
Valutazione	
Modalità di verifica dell'apprendimento	La verifica dell'apprendimento avverrà attraverso un colloquio orale che contribuirà per il 60% al voto finale mentre il report contribuirà al restante 40% del voto finale.
Criteri di valutazione	Lo studente deve essere in grado di : <ul style="list-style-type: none"> - padroneggiare i principali approcci di analisi proteomica e metabolomica; - applicare il linguaggio R all'analisi di espressione differenziale di dataset contenenti dati di quantificazione di proteine; - produrre ipotesi cliniche sulla base dell'interpretazione dei risultati e comunicarle efficacemente; - dimostrare di poter condurre autonomamente analisi bioinformatiche sulla base di specifiche richieste.
Criteri di misurazione dell'apprendimento e di attribuzione del voto finale	Il voto finale è attribuito in trentesimi. L'esame si intende superato quando il voto è maggiore o uguale a 18. La valutazione del report richiesto al termine del corso contribuirà per il 40% al voto finale.
Altro	

COURSE OF STUDY
Bioinformatics
ACADEMIC YEAR
2022/23
ACADEMIC SUBJECT
OMIC Sciences:
Proteomics and
Metabolomics

General information	
Year of the course	2023/2024
Academic calendar (starting and ending date)	March 2024-June 2024
Credits (CFU/ETCS):	3 CFU
SSD	BIO/10
Language	Italian
Mode of attendance	In class

Professor/ Lecturer	
Name and Surname	Alessandra Castegna
E-mail	alessandra.castegna@uniba.it
Telephone	080 5442322
Department and address	Biosciences, Biotechnologies and Environment
Virtual room	Teams
Office Hours (and modalities: e.g., by appointment, on line, etc.)	Thursday, 1.30-2.30 PM and by appointment

Work schedule			
Hours			
Total	Lectures	Hands-on (laboratory, workshops, working groups, seminars, field trips)	Out-of-class study hours/ Self-study hours
75	16	12	47
CFU/ETCS			
3	2	1	

Learning Objectives
The main training goals of the course are to teach the bioinformatics techniques and tools used for the analysis of proteomic and metabolomic data. In particular, the course aims to provide students with the knowledge and skills necessary to understand the basic principles of proteomic and metabolomic analysis, including sample preparation, separation of components, detection and identification of metabolites and peptides; learn about the applications of bioinformatics proteomics and metabolomics in different areas of biomedical and biotechnological research learn how to use reference databases for the identification of proteins and metabolites; understand multivariate analysis techniques and statistical models used for data interpretation; use bioinformatics tools for the analysis and interpretation of proteomic and metabolomic data. The course includes practical

	exercises for the use of mass spectrometry data identification tools, retrieval of proteomic datasets from dedicated databases, analysis and graphical visualisation of patient proteomic datasets through the open-source programming language R.
Course prerequisites	There are no specific prerequisites different from those required for access to the degree course.
Teaching strategies	The teaching consists of: <ul style="list-style-type: none"> - frontal lessons for the presentation of analytical principles, strategies, algorithms and bioinformatics tools necessary to conduct a study with an OMIC approach; - classroom exercises aimed at learning and applying the methods of mass spectra and fragmentation spectra interpretation, as well as the analytical strategies used for the identification and structural characterization of proteins; - exercises on differential expression analysis of datasets containing protein quantification data, in R.
Expected learning outcomes in terms of	
Knowledge and understanding on:	<ul style="list-style-type: none"> - analytical techniques for identifying, characterizing and quantifying the proteome and metabolome, and approaches for obtaining proteomic and metabolomic data, - reference databases and bioinformatics tools used for their analysis and interpretation of proteomic and metabolomic data.
Applying knowledge and understanding on:	<ul style="list-style-type: none"> - managing proteomic and metabolomic datasets from dedicated databases, and - performing analysis and graphic visualization of patient datasets through the open-source R programming language.
Soft skills	<ul style="list-style-type: none"> - to autonomously formulate a clinical hypothesis by applying the acquired techniques and to autonomously demonstrate it through the analysis of patient databases; - to independently outline R command lines for the analysis of proteomic and metabolomic datasets to answer a given question; - to provide bioinformatics support within research groups through the analysis of patient datasets.

Syllabus	
Content knowledge	Analytical strategies: sample preparation. Introduction to mass spectrometry. The ion sources used for the analysis of proteins and metabolites: Electrospray and MALDI sources. Analyzers: ToF, quadrupole, ion trap, orbitrap. Tandem mass spectrometry. Interpretation of fragmentation spectra of peptides. Applications of mass spectrometry for the structural study of proteins: assignment of post-translational modifications. Analytical strategies for protein identification: Peptide Mass Fingerprint, Sequence Query and MS/MS Ion Search. Applications of mass spectrometry for the structural study of proteins: assignment of post-translational modifications. Quantitative proteomics strategies. Analytical methods based on isotope labeling techniques: SILAC, ICAT, iTRAQ. Label free quantitative proteomics approaches. Differential analysis of datasets containing protein and metabolite quantification data in R.
Texts and readings	
Notes, additional materials	
Repository	Teaching material in the form of a ppt presentation is available on the Team class of the course; the material of the exercises (R script) is available in txt format on the Team class of the course.
Assessment	
Assessment methods	The verification of learning takes place through an oral interview which will contribute 60% to the final grade while the report will contribute to the remaining 40% of the final grade.
Assessment criteria	The student must be able to: <ul style="list-style-type: none"> -master the main approaches of proteomics and metabolomics analysis; -apply the R language to the differential expression analysis of datasets containing protein quantification data; -produce clinical hypotheses based on the interpretation of the results and communicate them effectively; -demonstrate the ability to autonomously conduct bioinformatics analyzes on the basis of specific requests.
Final exam and grading criteria	The final mark is given out of thirty. The exam is considered passed when the grade is greater than or equal to 18. The evaluation of the report requested at the end of the course will contribute 40% to the final grade.
Further information	