

Principali informazioni sull'insegnamento	CORSI DI STUDIO DI BIOLOGIA
Denominazione insegnamento	Bioinformatica e Genomica Comparata
Corso di studio (classe)	Biologia Cellulare e Molecolare (LM-6)
Crediti formativi	6 CFU
Denominazione inglese	Bioinformatics and Comparative Genomics
Obbligo di frequenza	Si
Lingua di erogazione	Italiano
Anno Accademico	2020/2021

Docente responsabile		
Nome e Cognome	Ernesto Picardi	
indirizzo email	ernesto.picardi@uniba.it	
Luogo e orario di ricevimento	Studio n. 49, I Piano, Istituti Biologici Orario da concordare via email	
Dettaglio insegnamento	SSD BIO/11	tipologia attività Caratterizzante

Periodo di erogazione	Anno di corso	Semestre
	I	I

Organizzazione della didattica	Lezioni frontali	Laboratori	Esercitazioni	Totale
CFU	4	2		6
Ore totali	100	50		150
Ore di didattica assistita	32	24		56
Ore di studio individuale	68	26		94

Syllabus	
Prerequisiti	Conoscenze di base di Biologia Molecolare e Genetica
Risultati di apprendimento attesi (declinare rispetto ai Descrittori di Dublino)	
Conoscenza e capacità di comprensione	Acquisizione di conoscenze avanzate nell'ambito della bioinformatica e genomica comparata.
Conoscenza e capacità di comprensione applicate	Utilizzo di specifiche metodologie bioinformatiche e piattaforme genomiche.
Autonomia di giudizio	Gli studenti sapranno analizzare autonomamente e criticamente i dati genomici con i più moderni strumenti bioinformatici.
Abilità comunicative	Gli studenti avranno adeguate competenze per l'utilizzo delle principali risorse genomiche e bioinformatiche
Capacità di apprendere	Gli studenti avranno la capacità di consultare ed utilizzare le banche dati bioinformatiche ed i dati ivi contenuti mediante l'utilizzo di

	risorse computazionali <i>ad hoc</i> .
Programma	
Contenuti di insegnamento	<p>Genomica:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Caratteristiche dei genomi procariotici, eucariotici ed organellari. 2. Browser genomici (Ensembl e UCSC). 3. Strategie per il sequenziamento di genomi completi. 4. Tecnologie per il sequenziamento degli acidi nucleici. 5. Next Generation Sequencing. <p>Trascrittomica:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Metodologie per l'analisi del trascrittoma e loro applicazioni. 2. Le regioni non tradotte degli mRNA eucariotici. 3. La frazione non-coding dell'RNA (ncRNA). <p>Bioinformatica</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Banche dati e programmi di analisi. 2. Allineamento locale e globale delle sequenze. 3. Ricerca di similarità in banche dati (BLAST, BLAT). 4. Metodi bioinformatici per la predizione di geni.
Testi di riferimento	<p>Brown TA - Genomi 4 – Edises Pascarella, Paiardini – Bioinformatica – Zanichelli Amaldi, Benedetti, Pesole, Plevani – Biologia molecolare – Casa Editrice Ambrosiana (Zanichelli)</p>
Note ai testi di riferimento	Integrabili con altri testi di Biologia Molecolare e Bioinformatica
Metodi didattici	Lezioni frontali ed esperienze dirette al computer. Ove non fosse possibile si procederà per via telematica.
Metodi di valutazione (scritto, orale, prove in itinere)	Orale
Criteri di valutazione (per ogni risultato di apprendimento atteso su indicato, descrivere cosa ci si aspetta lo studente conosca o sia in grado di fare e a quale livello al fine di dimostrare che un risultato di apprendimento è stato raggiunto e a quale livello)	Lo studente dovrà conoscere le caratteristiche strutturali dei genomi ed i principali algoritmi bioinformatici. Dovrà essere in grado di utilizzare le principali piattaforme genomiche ed applicare autonomamente gli strumenti bioinformatici.
Altro	