Principali informazioni sull'insegnamento	**CORSI DI STUDIO DI BIOTECNOLOGIE**
Denominazione insegnamento	Bioinformatica ed Analisi del Genoma
Corso di studio (classe)	Biotecnologie Industriali ed Ambientali (LM-8)
Crediti formativi	9 CFU
Denominazione inglese	Bioinformatics and Genome Analysis
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	tipologia attività
	BIO/11	Biologia Molecolare

Periodo di erogazione	Anno di corso	Semestre
	I	I

Organizzazione della didattica	Lezioni frontali	Laboratori	Esercitazioni	Totale
CFU	7	2		9
Ore totali	175	50		225
Ore di didattica assistita	56	24		80
Ore di studio individuale	119	26		145

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 ed analisi del genoma
Conoscenza e capacità di comprensione applicate	Utilizzo di specifiche metodologie 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 medianti l'apprendimento di un linguaggio di programmazione.
Programma	

Contenuti di insegnamento	**Genomica**: 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. **Trascrittomica**: 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). **Bioinformatica** 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. 5. Il linguaggio di programmazione Python (strutture dati, funzioni, esecuzione di script). 6. Utilizzo del linguaggio Python per risolvere problemi biologici.
Testi di riferimento	Brown TA - Genomi 4 – Edises Pascarella, Paiardini – Bioinformatica – Zanichelli Amaldi, Benedetti, Pesole, Plevani – Biologia molecolare – Casa Editrice Ambrosiana (Zanichelli)
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)	Elaborato scritto e prova pratica. Ove non fosse possibile effettuare la prova scritta, si procederà con quella 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. Dovrà saper sviluppare piccoli programmi bioinformatici per l'analisi delle sequenze biologiche
Altro	