

CORSO DI STUDIO *BIOTECNOLOGIE INDUSTRIALI E AMBIENTALI*

ANNO ACCADEMICO *2023-2024*

DENOMINAZIONE DELL'INSEGNAMENTO: *Bioinformatica ed analisi del genoma (6 CFU) – Bioinformatics and genome analysis (6 CFU)*

| Principali informazioni sull'insegnamento | |
|--|--|
| Anno di corso | I anno |
| Periodo di erogazione | I semestre (Ottobre 2023 – Gennaio 2024) |
| Crediti formativi universitari (CFU/ETCS): | 6 |
| SSD | BIO/11 Biologia Molecolare |
| Lingua di erogazione | Italiana |
| Modalità di frequenza | Facoltativa |

| Docente | |
|----------------|---|
| Nome e cognome | Ernesto Picardi |
| Indirizzo mail | ernesto.picardi@uniba.it |
| Telefono | 080 5442179 |
| Sede | DBBA - studio n. 49, I Piano, Istituti Biologici – Campus Universitario – Via Orabona |
| Sede virtuale | Codice MS-Teams: yj3y7he |
| Ricevimento | Studio n. 49, I Piano, Istituti Biologici Orario da concordare via email |

| Organizzazione della didattica | | | |
|---------------------------------------|--------------------|--|--------------------|
| Ore | | | |
| Totali | Didattica frontale | Pratica (laboratorio, campo, esercitazione, altro) | Studio individuale |
| 150 | 40 | 12 | 98 |
| CFU/ETCS | | | |
| 6 | 5 | 1 | |

| | |
|----------------------------|--|
| Obiettivi formativi | Il corso ha come obiettivo l'acquisizione di conoscenze approfondite di genomica e trascrittomica con integrazione di nozioni bioinformatiche per l'analisi dei dati omici prodotte con le più recenti tecnologie di sequenziamento massivo. |
| Prerequisiti | Conoscenze di base di Biologia Molecolare e Genetica |

| | |
|--|--|
| Metodi didattici | Il metodo di insegnamento principale sarà la didattica frontale, integrata con una parte pratica di laboratorio che si avvarrà dell'utilizzo di supporti multimediali. |
| Risultati di apprendimento previsti | |
| DD1 Conoscenza e capacità di comprensione | Gli studenti acquisiranno conoscenze avanzate nell'ambito della genomica, trascrittomica e bioinformatica. Sapranno stabilire in modo autonomo e critico gli strumenti bioinformatici da utilizzare per lo studio e l'analisi di dati omici. |
| DD2 Conoscenza e capacità di comprensione applicate | Gli studenti comprenderanno le principali caratteristiche strutturali e funzionali dei genomi, l'organizzazione dei trascrittomi, le principali piattaforme genomiche per la produzione dei dati omici e specifiche metodologie bioinformatiche per la loro analisi. Gli studenti acquisiranno anche conoscenze avanzate di programmazione per la scrittura di programmi bioinformatici per l'analisi delle sequenze biologiche. |
| DD3-5 Competenze trasversali | <ul style="list-style-type: none"> • <i>Autonomia di giudizio</i> Gli studenti sapranno stabilire autonomamente e criticamente gli strumenti bioinformatici da utilizzare per lo studio e l'analisi di dati omici • <i>Abilità comunicative</i> Gli studenti acquisiranno adeguate competenze per l'utilizzo delle principali risorse genomiche e bioinformatiche ed un lessico specialistico. • <i>Capacità di apprendere in modo autonomo</i> Gli studenti acquisiranno la capacità di consultare ed utilizzare le banche dati bioinformatiche ed i dati ivi contenuti. Acquisiranno anche la capacità di scrittura di programmi bioinformatici per l'analisi delle sequenze biologiche e l'analisi dei dati omici. |

| | |
|---|---|
| <p>Contenuti di insegnamento (Programma)</p> | <p>Genomica:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Caratteristiche strutturali 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. Nuove piattaforme per il sequenziamento massivo delle sequenze (tecnologie di seconda e terza generazione). <p>Trascrittomica:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Metodologie per l'analisi del trascrittoma (anche a livello di singola cellula) e loro applicazioni. 2. Le regioni non tradotte degli mRNA eucariotici. 3. La frazione non-coding del RNA (ncRNA). <p>Bioinformatica:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Banche dati e programmi per l'estrazione delle sequenze. 2. Allineamento locale e globale delle sequenze. 3. Ricerca di similarità in banche dati (BLAST, BLAT). 4. Metodi bioinformatici per la predizione dei geni. 5. Il linguaggio di programmazione Python (strutture dati, funzioni, esecuzione di script). 6. Utilizzo del linguaggio Python per risolvere problemi biologici. |
| <p>Testi di riferimento</p> | <p>Brown TA - Genomi 4 – Edises Pascarella, Paiardini – Bioinformatica – Zanichelli Amaldi, Benedetti, Pesole, Plevani – Biologia molecolare – Casa Editrice Ambrosiana (Zanichelli)</p> |
| <p>Note ai testi di riferimento</p> | <p>Integrabili con altri testi di Biologia Molecolare e Bioinformatica</p> |
| <p>Materiali didattici</p> | <p>Il materiale didattico sarà disponibile presso Google Drive (link fornito dal docente) per almeno un triennio dopo l'erogazione dell'insegnamento</p> |

| Valutazione | |
|---|--|
| Modalità di verifica dell'apprendimento | L'esame di verifica sarà orale e comprenderà almeno tre quesiti teorico-pratici sugli argomenti trattati a lezione. |
| Criteri di valutazione | <ul style="list-style-type: none"> • Conoscenza e capacità di comprensione: Gli studenti dovranno conoscere le caratteristiche strutturali dei genomi ed i principali algoritmi bioinformatici per l'analisi dei dati genomici. • Conoscenza e capacità di comprensione applicate: Gli studenti dovranno essere in grado di utilizzare le principali piattaforme genomiche ed applicare autonomamente gli strumenti bioinformatici più idonei. Dovranno, inoltre, saper sviluppare piccoli programmi bioinformatici (script) per l'analisi delle sequenze biologiche. • Autonomia di giudizio: Gli studenti dovranno dimostrare di aver acquisito autonomia nella scelta delle principali risorse bioinformatiche per lo studio dei genomi. • Abilità comunicative: Gli studenti dovranno dimostrare capacità di organizzare discorsivamente la conoscenza, di aver acquisito competenza nell'impiego del lessico specialistico e qualità dell'esposizione • Capacità di apprendere: Gli studenti dovranno dimostrare di avere la capacità di consultare ed utilizzare le banche dati bioinformatiche ed i dati ivi contenuti, anche mediante l'utilizzo di un linguaggio di programmazione. |
| Criteri di misurazione dell'apprendimento e di attribuzione del voto finale | Il voto finale è attribuito in trentesimi e l'esame si intende superato quando il voto è maggiore o uguale a 18. L'esame sarà orale e comprenderà almeno tre quesiti teorico-pratici sugli argomenti trattati a lezione, di cui almeno alla metà di essi dovrà esser data una risposta corretta e coerente. |

| | |
|-------|--|
| Altro | |
| | |

COURSE OF STUDY *Industrial and environmental biotechnologies*
ACADEMIC YEAR 2022/2023

ACADEMIC SUBJECT *Bioinformatics and Genome Analysis (6 CFU)*

| General information | |
|--|--|
| Year of the course | I year |
| Academic calendar (starting and ending date) | I semester (October 2022-January 2023) |
| Credits (CFU/ETCS): | 6 |
| SSD | BIO/11 Molecular Biology |
| Language | Italian |
| Mode of attendance | Optional |

| Professor/ Lecturer | |
|--|---|
| Name and Surname | Ernesto Picardi |
| E-mail | ernesto.picardi@uniba.it |
| Telephone | 080 5442179 |
| Department and address | DBBA - room 49, I floor, Biology Building – University Campus – Via Orabona |
| Virtual room | MS-Teams code: yj3y7he |
| Office Hours (and modalities: e.g., by appointment, on line, etc.) | Room 49, I floor, Biology Building Reception by email appointment |

| Work schedule | | | |
|---------------|----------|---|---|
| Hours | | | |
| Total | Lectures | Hands-on (laboratory, workshops, working groups, seminars, field trips) | Out-of-class study hours/ Self-study hours |
| 150 | 40 | 12 | 98 |
| CFU/ETCS | | | |
| 6 | 5 | 1 | |

| | |
|-----------------------------|--|
| Learning Objectives | The course aims to acquire in-depth knowledge of genomics and transcriptomics with the integration of bioinformatics notions for the analysis of omic data produced by the latest massive sequencing technologies. |
| Course prerequisites | Basic knowledge of Molecular Biology and Genetics |

| | |
|---|---|
| Teaching strategie | The main teaching strategy will be frontal teaching, integrated with a practical laboratory session that will make use of multimedia tools. |
| Expected learning outcomes in terms of | |
| Knowledge and understanding on: | Students will acquire advanced knowledge in the fields of bioinformatics and genomics. They will be able to independently and critically establish the bioinformatics tools to use for the study and analysis of omics data. |
| Applying knowledge and understanding on: | Students will understand the main structural and functional characteristics of genomes and transcriptomes as well as specific bioinformatics methodologies to produce big omics data. Students will also acquire advanced programming knowledge for writing bioinformatics programs for the analysis of biological sequences. |

| | |
|--------------------|---|
| Soft skills | <ul style="list-style-type: none">• <i>Making informed judgments and choices</i> Students will be able to independently and critically establish the bioinformatics tools to use for the study and analysis of omics data.• <i>Communicating knowledge and understanding</i> Students will acquire adequate skills for the use of the main genomic and bioinformatics resources and a specialized vocabulary.• <i>Capacities to continue learning</i> Students will acquire the ability to consult and use bioinformatics databases and the data contained therein. They will also acquire the ability to write bioinformatics programs for the analysis of biological sequences. |
|--------------------|---|

| Syllabus | |
|------------------------------------|--|
| Content knowledge | <p>Genomics:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Structural and functional characteristics of prokaryotic, eukaryotic and organellar genomes. 2. Genomic Browsers (Ensembl and UCSC). 3. Sequencing strategies of whole genomes. 4. Sequencing technologies of nucleic acids. 5. Next Generation Sequencing (second and third generation). <p>Transcriptomics:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Methods for transcriptome analysis and their applications. 2. Untranslated regions of eukaryotic mRNAs. 3. The non-coding RNA fraction (ncRNA). <p>Bioinformatics:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Databases and sequence analysis tools. 2. Global and local alignment of biological sequences. 3. Database searches by similarity (BLAST, BLAT). 4. Bioinformatics methods for gene prediction. 5. Python programming language (data structures, functions, script execution). 6. Application of Python language to solve biological problems. |
| Texts and readings | <p>Brown TA - Genomi 4 – Edises Pascarella, Paiardini – Bioinformatica – Zanichelli Amaldi, Benedetti, Pesole, Plevani – Biologia molecolare – Casa Editrice Ambrosiana (Zanichelli)</p> |
| Notes, additional materials | Can be integrated with whatever Molecular Biology and Bioinformatics text |
| Repository | Teaching material will be available through Google Drive (link provided by the teacher) for at least three years after the course. |

| Assessment | |
|--|---|
| Assessment methods | The exam will be oral and will include at least three theoretical and practical questions on the topics covered in class. |
| Assessment criteria | <ul style="list-style-type: none"> • <i>Knowledge and understanding</i> Students will need to know the structural characteristics of genomes and the main bioinformatics algorithms for analysing omics data. • <i>Applying knowledge and understanding</i> Students must be able to use the main genomic platforms and independently apply the most suitable bioinformatics tools. They will also have to be able to develop small bioinformatics programs (scripts) for the analysis of biological sequences. • <i>Autonomy of judgment</i> Students will have to demonstrate that they have acquired autonomy in the choice of the main bioinformatics resources for the study of genomes. • <i>Communication skills</i> Students will have to demonstrate the ability to discursively organize knowledge, to have acquired competence in the use of specialized vocabulary and quality of exposure • <i>Capacities to continue learning</i> Students will have to demonstrate that they have the ability to consult and use the bioinformatics databases and the data contained therein, as well as the use of a programming language for handling biological sequences. |
| Final exam and grading criteria | The exam will be oral and will include at least three theoretical and practical questions on the topics covered in class, of which at least half of them must be answered correctly and consistently. |
| Further information | |
| | . |

