

CORSO DI STUDIO
ANNO ACCADEMICO
DENOMINAZIONE DELL'INSEGNAMENTO

SCIENZE DELLA NUTRIZIONE PER LA SALUTE UMANA (LM-61)
2023-2024
Nutrigenomica (6 CFU)

Principali informazioni sull'insegnamento	
Anno di corso	I - 2023-2024
Periodo di erogazione	<i>Primo semestre (Ottobre 2023 - Gennaio 2024)</i>
Crediti formativi universitari (CFU/ETCS):	6
SSD	<i>Bio/11 Biologia Molecolare</i>
Lingua di erogazione	<i>ITALIANO</i>
Modalità di frequenza	<i>Frequenza fortemente consigliata</i>

Docente	
Nome e cognome	Carmela Gissi
Indirizzo mail	carmela.gissi@uniba.it
Telefono	080-5443308
Sede	Campus di Via E. Orabona, 4 - Palazzo Dipartimenti Biologici; piano 1, studio 51
Sede virtuale	<i>Microsoft Teams, codice 8ngy6fh</i>
Ricevimento	Dal lunedì al venerdì previo appuntamento per e-mail

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	Approfondimento delle conoscenze di base di genomica, trascrittomica e proteomica, con particolare attenzione ai meccanismi della modulazione genica e della epigenetica correlati all'alimentazione.
Prerequisiti	<i>Conoscenze di base di Fisica, Chimica Generale e Organica, Anatomia e Fisiologia umana. Conoscenze avanzate di Biologia Molecolare e Biochimica</i>

Metodi didattici	<i>Lezioni frontali in presenza con presentazioni PowerPoint oppure Didattica mista, frontale e a distanza, in funzione della situazione sanitaria. Esercitazioni consisteranno nell'utilizzo di strumenti bionformatici per la consultazione di banche dati genomiche</i>
-------------------------	--

Risultati di apprendimento	
DD1 Conoscenza e capacità di comprensione	<p>Descrittore di Dublino 1: <i>conoscenza e capacità di comprensione</i> Al termine dell'insegnamento lo/la studente/studentessa avrà acquisito:</p> <ul style="list-style-type: none"> ○ Conoscenza delle correlazioni tra nutrienti e genoma umano, con particolare riferimento sia alla regolazione dell'espressione genica da parte di nutrienti che ai cambiamenti evolutivi del genoma dovuti alla dieta
DD2 Conoscenza e capacità di comprensione applicate	<p>Descrittore di Dublino 2: <i>capacità di applicare conoscenza e comprensione</i> Al termine dell'insegnamento lo/la studente/studentessa avrà acquisito:</p> <ul style="list-style-type: none"> ○ Comprensione approfondita del significato funzionale delle interazioni tra alimenti e genoma, con particolare riferimento alla regolazione dell'espressione genica da parte degli alimenti e ai cambiamenti evolutivi del genoma dovuti alla dieta
DD3-5 Competenze trasversali	<p>Descrittore di Dublino 3: <i>capacità critiche e di giudizio</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • <i>Autonomia di giudizio</i> <ul style="list-style-type: none"> ○ Al termine dell'insegnamento lo studente dovrà essere in grado di valutare la rilevanza e le caratteristiche delle interazioni tra alimentazione e genoma; di comprendere, analizzare e valutare la letteratura scientifica e divulgativa inerente la nutrigenomica
	<p>Descrittore di Dublino 4: <i>capacità di comunicare quanto si è appreso</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • <i>Abilità comunicative</i> <ul style="list-style-type: none"> ○ Al termine dell'insegnamento lo studente dovrà essere in grado di descrivere con semplicità ed efficacia le interazioni tra dieta e genoma, con particolare riferimento alla modulazione dell'espressione genica, ai cambiamenti del proteoma, e agli adattamenti evolutivi del genoma umano in relazione alla dieta.
	<p>- Descrittore di Dublino 5: <i>capacità di proseguire lo studio in modo autonomo nel corso della vita</i></p> <ul style="list-style-type: none"> • <i>Capacità di apprendere in modo autonomo</i> Al termine dell'insegnamento lo studente dovrà essere in grado di apprendere da testi tecnico-scientifici di elevata complessità, da monografie, periodici scientifici, da strumenti informatici e da banche dati in ambito genomico e nutrigenomico.

SYLLABUS	
<p>Contenuti di insegnamento (Programma)</p>	<p>Nutrigenomica, Nutrigenetica e scienze "omiche" Definizione, metodologie e obiettivi delle scienze omiche. Differenze tra genomica, trascrittomica, proteomica e metabolomica. Nutrigenomica e Nutrigenetica: definizione e obiettivi. I progetti genoma e gli organismi bersaglio. L'approccio comparativo negli studi dei genomi. Cenni sui genomi di procarioti e sulle loro dimensioni. Dimensioni, compattezza e complessità dei genomi eucariotici. La struttura dei geni proteici eucariotici. Il paradosso del valore di C e le sue cause; variabilità della densità genica nei genomi eucariotici.</p> <p>Le tecnologie di sequenziamento del DNA per gli studi di Nutrigenomica Il sequenziamento del DNA secondo il metodo di Sanger. Le piattaforme di Sequenziamento di Nuova Generazione (NGS) e differenze con il metodo di Sanger. Le piattaforme di seconda generazione: 454, Illumina, e IonTorrent. Cenni sulla piattaforma SOLID. Le piattaforme di sequenziamento di Terza Generazione: PacBio e Nanopore. Vantaggi e svantaggi delle diverse piattaforme e tecnologie. Applicazioni delle tecnologie NGS nelle discipline "omiche" e per la nutrigenomica.</p> <p>Metagenomica La metagenomica per lo studio della comunità microbica e del microbioma umano. Caratteristiche principali della metagenomica target-oriented (o metabarcoding) e della metagenomica shotgun. La scelta della sequenza target nella metagenomica target-oriented: caratteristiche del "DNA barcode". Anche dati di riferimento per il "DNA barcode" e criteri alla base della assegnazione tassonomica ("binning") in esperimenti di metabarcoding. Metagenomica shotgun: principi e obiettivi. Criteri di analisi dei dati prodotti per Metagenomica Shotgun.</p> <p>Microbioma Il microbioma umano e le sue caratteristiche: variabilità del microbioma umano in funzione del sito anatomico e dell'età; acquisizione del microbioma umano nelle prime fasi di vita; variabilità inter-individuo. Il concetto di "core" tassonomico e "core" funzionale del microbioma. La metagenomica per lo studio del microbioma umano. I progetti internazionali "MetaHit" e "Human Microbiome Project".</p> <p>Il genoma umano Il progetto genoma umano e le strategie di sequenziamento: sequenziamento gerarchico e "whole-genome shotgun sequencing". Mappe genetiche e fisiche per il sequenziamento gerarchico. La competizione tra Consorzio pubblico e Celera Genomics. Il consorzio T2T e il nuovo assemblaggio del genoma umano "Telomere-to-Telomere". Il progetto "1000 genomi" e il "International Genome Sample Resource (IGSR) per lo studio della variabilità della popolazione umana. Annotazione della variabilità genetica umana: SNP (Single Nucleotide Polymorphisms), CNV (Copy Number Variations) e riarrangiamenti cromosomici. La banca dati dbSNP. Analisi della variabilità genetica umana tramite sequenziamento degli esomi. Il genoma umano come "Pangenome".</p> <p>La genomica di eucarioti Le componenti funzionali del genoma umano. La struttura del gene proteico alla luce dei dati genomici; geni sovrapposti e a cassetta; trascrizione pervasiva. Lo splicing alternativo. Geni per RNA "non codificanti proteine" (ncRNA): microRNA, circRNA e long non-coding RNA (lncRNA). Trascrizione, maturazione e meccanismi di regolazione nell'espressione genica di small e long ncRNA.</p>

	<p>Regolazione dell'espressione genica in eucarioti in relazione alla dieta</p> <p>La cromatina e le sue caratteristiche, con i diversi livelli di impacchettamento. Rimodellamento della cromatina per: modificazioni degli istoni, azione dei "complessi di rimodellamento", sostituzioni di varianti istoniche. Il codice istonico. L'eredità epigenetica. Nutriepigenomica: Modulatori epigenetici derivanti dalla dieta. Azione dei lncRNA e small ncRNA nel silenziamento epigenetico. Metilazione del DNA e isole CpG. Silenziamento epigenetico da metilazione del DNA e imprinting. Compartimentalizzazione e architettura nucleare: implicazioni nella regolazione dell'espressione genica. Tecniche massive per lo studio dello stato della cromatina (ChIP-seq; identificazione di siti ipersensibili alla DNaseI, tecniche basate sulla ligazione di prossimità). Tecniche per lo studio della metilazione del DNA e del metiloma (NGS e mappatura con bisofito).</p> <p>Trascrizione eucariotica ad opera della RNA Pol II: struttura e meccanismo di funzionamento di Promotori, Enhancer, Silencer e Insulator. Fattori di trascrizione basali (basal TF), attivatori e co-attivatori della trascrizione eucariotica. Struttura a domini di attivatori e co-attivatori eucariotici. Il controllo combinatorio della espressione genica negli eucarioti: la struttura modulare degli elementi che agiscono in cis (promotori, enhancer, etc) e degli elementi in trans (fattori di trascrizione basali ed attivatori) della trascrizione. Tecniche per lo studio dell'azione dei fattori di trascrizione e per l'analisi del trascrittoma (Chip-Seq; sequenziamento di esomi). Il progetto ENCODE per l'annotazioni delle regioni regolatorie del genoma umano.</p> <p><u>Trasduzione del segnale</u></p> <p>Le vie di trasduzione del segnale: caratteristiche e ruolo nella regolazione delle funzioni cellulari. La via di trasduzione del segnale JAK-STAT. Trasduzione del segnale via cAMP e via fosforilazione. La cascata delle MAPK innescata da insulina. I recettori nucleari.</p> <p>Adattamenti genomici alla dieta</p> <p>Adattamenti genomici delle popolazioni umane alla dieta. Il gene LCT e la persistenza della lattasi nell'età adulta. Origine, possibili cause e diffusione del fenotipo persistenza della lattasi nelle varie popolazioni umane. Aspetti culturali che hanno plasmato il genoma umano</p> <p>Esercitazioni</p> <p>Consultazione del genoma umano tramite il Browser genomico UCSC, con analisi di: (1) regioni geniche; (2) SNP; (3) regioni regolatorie importanti per la risposta alla dieta o che hanno subito adattamenti alla dieta</p>
Testi di riferimento	<ul style="list-style-type: none"> - <i>"Biologia Molecolare"</i> - F. Amaldi, P. Benedetti, G. Pesole, P. Plevani; Editrice Ambrosiana, Terza edizione, 2018 - <i>"Nutrigenomics"</i> di Carlberg G, Ulven SM, Molnar F, Casa Editrice Springer - <i>"Genomi 4"</i>, TA Brown, Edises. <p><i>Articoli da riviste scientifiche indicati dal docente</i></p>
Note ai testi di riferimento	--
Materiali didattici	<p>Il materiale didattico (pdf delle presentazioni PowerPoint usate a lezione, articoli scientifici open) saranno a disposizione su <i>Microsoft Teams, codice 8ngy6fh</i></p>

Valutazione	
Modalità di verifica dell'apprendimento	La verifica dell'apprendimento avviene attraverso una singola prova scritta con 5-6 domande a risposte aperte. Durata minima di 2 ore. Comunicazione dei risultati della prova tramite sistema Esse3. Non sono previste prove in itinere.
Criteri di valutazione	<p>Per ogni risultato di apprendimento atteso su indicato, lo/la studente/studentessa deve avere acquisito le seguenti conoscenze e capacità.</p> <ul style="list-style-type: none"> • <i>Conoscenza e capacità di comprensione:</i> <ul style="list-style-type: none"> ○ del genoma umano, dei meccanismi di regolazione dell'espressione genica e dei meccanismi epigenetici nell'uomo. ○ delle interazioni tra genoma e dieta, quali cambiamenti adattivi ed evoluzione del genoma umano in relazione della dieta; effetto della dieta sulla regolazione dell'espressione genica e sul proteoma • <i>Conoscenza e capacità di comprensione applicate:</i> <ul style="list-style-type: none"> ○ ad argomenti di genomica, nutrigenomica, nutri-epigenomica e alla importanza del microbiota per la salute umana • <i>Autonomia di giudizio:</i> <ul style="list-style-type: none"> ○ capacità di ragionare criticamente sulle conoscenze acquisite. Essere in grado di valutare la rilevanza e le caratteristiche delle interazioni tra alimentazione e genoma. Essere in grado di comprendere, analizzare e valutare la letteratura scientifica e divulgativa inerente la nutrigenomica • <i>Abilità comunicative:</i> <ul style="list-style-type: none"> ○ Essere in grado di esporre gli argomenti studiati con chiarezza, proprietà di linguaggio e capacità di sintesi • <i>Capacità di apprendere:</i> <ul style="list-style-type: none"> ○ capacità di apprendimento da monografie, periodici scientifici e banche dati che riportano argomenti di genomico e nutrigenomica
Criteri di misurazione dell'apprendimento e di attribuzione del voto finale	<p>Il voto finale è attribuito in trentesimi. L'esame si intende superato quando il voto è maggiore o uguale a 18.</p> <p>Nella formulazione del voto finale, vengono considerati vari elementi fra cui: comprensione dei quesiti di esame; conoscenza ampia, completa ed approfondita di tutti gli argomenti del corso; chiarezza, proprietà di linguaggio e padronanza della esposizione; capacità di esporre gli argomenti in modo sintetico ed efficace, capacità di collegamenti interdisciplinari.</p>
Altro	--

COURSE OF STUDY NUTRITION SCIENCES FOR HUMAN HEALTH (LM-61))

ACADEMIC YEAR 2023-24

ACADEMIC SUBJECT *Nutrigenomics (6 CFU)*
integrated with yy (X CFU) (SSD)

General information	
Year of the course	I
Academic calendar	I semester (October-January)
Credits (CFU/ETCS):	6
SSD	Bio/11
Language	Italian
Mode of attendance	Attendance is highly recommended

Professor/ Lecturer	
Name and Surname	Carmela Gissi
E-mail	carmela.gissi@uniba.it
Telephone	080-5443308
Department and address	Campus di Via E. Orabona, 4 - Palazzo Dipartimenti Biologici; piano 1, studio 51
Virtual room	Microsoft Teams, code trb09z2
Appointment with students	From Monday to Friday by email appointment

Work schedule			
Hours			
Total	Lectures	Hands-on (laboratory, field trips, ...)	Individual study
150	40	12	98
CFU/ETCS			
6	5	1	

Learning Objectives	<i>Deepening of the basic knowledge of genomics, transcriptomics and proteomics, with particular attention to the mechanisms of gene modulation and epigenetics related to food.</i>
Course prerequisites	Basic knowledge of Physics, General and Organic Chemistry, Anatomy and Human Physiology. Advanced knowledge of Molecular Biology and Biochemistry

Teaching strategies	<i>Face-to-face lectures with PowerPoint presentations. Exercises will consist in the use of bioinformatics tools for the consultation of genomic databases</i>
Expected learning outcomes	Dublin descriptors 1-5
DD1 Knowledge and understanding	<ul style="list-style-type: none"> ○ Knowledge of the correlations between nutrients and the human genome, with particular reference to both the regulation of gene expression by nutrients and the evolutionary changes of the genome due to diet.
DD2 Applying knowledge and understanding	<ul style="list-style-type: none"> ○ In-depth understanding of the functional significance of the interactions between foods and genome, with particular reference to the regulation of gene expression by foods and to the evolutionary changes of the genome due to diet.
DD3-5 Soft skills	<p>DD3</p> <ul style="list-style-type: none"> • <i>Making informed judgments and choices</i> <ul style="list-style-type: none"> • Be able to evaluate the relevance and characteristics of the interactions between nutrition and genome. Being able to understand, analyze and evaluate the scientific and educational literature concerning nutrigenomics
	<p>DD4</p> <ul style="list-style-type: none"> • <i>Communicating knowledge and understanding</i> <ul style="list-style-type: none"> ○ Ability to describe the interactions between diet and genome with simplicity and effectiveness, with particular reference to the modulation of gene expression, changes in the proteome, and the evolutionary adaptations of the human genome in relation to diet
	<p>DD5</p> <ul style="list-style-type: none"> • <i>Capacities to continue learning</i> <p>Ability to learn from highly complex technical-scientific texts, monographs, scientific journals, IT tools and databases concerning genomics and nutrigenomics fields.</p>

Syllabus	
Content	<p>Nutrigenomics, nutrigenetics and "omics" sciences: definition and objectives. Definition, methodologies and objectives of omics sciences. Differences between genomics, transcriptomics, proteomics and metabolomics. Nutrigenomics and Nutrigenetics: definition and objectives. Genome projects and target organisms. The comparative approach in the study of genomes. Notes on the genomes of prokaryotes and their dimensions. Size, compactness and complexity of eukaryotic genomes. The structure of eukaryotic protein genes. The paradox of the value of C and its causes; variability of gene density in eukaryotic genomes</p> <p>DNA sequencing technologies for Nutrigenomics studies DNA sequencing according to the Sanger method. New Generation Sequencing Platforms (NGS) and differences with the Sanger method. The second generation platforms: 454, Illumina, IonTorrent. Notes on the SOLID platform. Third Generation sequencing platforms: PacBio and Nanopore. Advantages and disadvantages of different platforms and technologies. Applications of NGS technologies in "omics" disciplines and for nutrigenomics.</p> <p>Metagenomics Metagenomics for the study of microbial communities and human microbiome. Main features of target-oriented metagenomics (or metabarcoding) and shotgun metagenomics. The choice of the target sequence in target-oriented metagenomics: characteristics of the "DNA barcode". Reference databases for the "DNA barcode" and criteria underlying the taxonomic assignment (binning) in metabarcoding experiments. Shotgun metagenomics: principles and objectives. Analysis criteria of the data produced for Shotgun Metagenomics: analysis of marker genes</p> <p>Microbiome The human microbiome and its characteristics: variability of the human microbiome according to the anatomical site and age; acquisition of the human microbiome in the early stages of life; inter-individual variability. The concept of taxonomic "core" and functional "core" of the microbiome. Metagenomics for the study of the human microbiome. The international projects "MetaHit" and "Human Microbiome Project".</p> <p>The human genome The human genome project and sequencing strategies: hierarchical sequencing and "whole-genome shotgun sequencing". Genetic and physical maps for hierarchical sequencing. Brief history of the human genome project: the competition between the public consortium and Celera Genomics. The T2T consortium and the new "Telomere-to-telomere" assembly of the human genome. The "1000 genomes" project and the "International Genome Sample Resource (IGSR)" for the study of human population variability. Annotation of human genetic variability: SNP (Single Nucleotide Polymorphisms), CNV (Copy Number Variations) and chromosomal rearrangements. Analysis of human genetic variability by exome sequencing. The human genome as a "Pagenome".</p> <p>The genomics of eukaryotes The functional components of the human genome. The structure of the protein gene in the light of genomic data; overlapping and cassette genes. Alternative splicing. Genes for "non-coding protein" RNA (ncRNA): microRNA, circRNA and long non-coding RNA (lncRNA). Transcription, maturation and regulatory mechanisms of small and long ncRNA.</p>

	<p>Regulation of gene expression in eukaryotes in relation to diet</p> <p><u>Epigenetic mechanisms</u> Chromatin and its characteristics, with the different levels of packaging. Chromatin remodeling by: histone modifications, action of “remodeling complexes”, substitutions of histone variants. The histone code. The epigenetic inheritance. Nutriepigenomics: Diet-derived epigenetic modulators. Action of lncRNA and small ncRNA in epigenetic silencing. DNA methylation and CpG islands. Epigenetic silencing by DNA methylation and imprinting. Compartmentalization and nuclear architecture: implications for the regulation of gene expression. High-throughput techniques for the study of chromatin status (ChIP-seq; identification of hypersensitive sites to DNaseI, techniques based on proximity ligation, etc). Techniques for the study of DNA methylation and of the entire methylome (bisulfite NGS and mapping).</p> <p><u>Regulation of the beginning of the transcription</u> Eukaryotic transcription by RNA Pol II: structure and functioning mechanism of Promoters, Enhancer, Silencer and Insulator. Basal transcription factors (basal TF), activators and co-activators of eukaryotic transcription. Domain structure of eukaryotic activators and co-activators. Combinatorial control of gene expression in eukaryotes: the modular structure of the cis-acting (promoters, enhancers, etc.) and trans-acting elements (basal transcription factors and activators). Techniques for the study of transcription factors and for the analysis of the transcriptome. The ENCODE project for the annotation of the regulatory regions of the human genome.</p> <p><u>Signal transduction</u> The signal transduction pathways: characteristics and role in the regulation of cellular functions. The JAK-STAT signal transduction pathway. Signal transduction via cAMP and via phosphorylation. The MAPK cascade triggered by insulin. The nuclear receptors of steroid hormones.</p> <p>Genomic adaptations to the diet Genomic adaptations of human populations to the diet. The LCT gene and the persistence of lactase in adulthood. Cultural aspects that have shaped the human genome.</p> <p>Exercises Consultation of the human genome through the UCSC genomic browser, with analysis of: (1) gene regions; (2) SNP; (3) regulatory regions that are important for dietary response or have undergone dietary adaptations</p>
Texts and readings	<ul style="list-style-type: none"> - "Biologia Molecolare" - F. Amaldi, P. Benedetti, G. Pesole, P. Plevani; Editrice Ambrosiana, Third Edition, 2018 - "Nutrigenomics" di Carlberg G, Ulven SM, Molnar F, Casa Editrice Springer - "Genomi 4" , TA Brown, Edises. - Papers from scientific journals indicated by the teacher
Notes, additional materials	--
Repository	The teaching documents (pdf of the PowerPoint presentations, scientific articles, etc) will be stored on <i>Microsoft Teams</i> , code 8ngy6fh

Assessment	
Assessment methods	<i>Single written test with 5-6 open-ended questions. Minimum duration of 2 hours. Communication of the test results through the Esse3 system.</i>
Assessment criteria	<ul style="list-style-type: none"> • <i>Knowledge and understanding</i> <ul style="list-style-type: none"> ○ of the human genome, the mechanisms of gene expression regulation and the epigenetic mechanisms in humans. ○ of the interactions between genome and diet, such as adaptive changes and evolution of the human genome in relation to diet; ○ effect of diet on the regulation of gene expression and on the proteome • <i>Applying knowledge and understanding</i> <ul style="list-style-type: none"> ○ Knowledge and understanding of the topics of nutrigenomics, nutri-epigenomics and of the importance of the microbiota for human health • <i>Autonomy of judgment</i> <ul style="list-style-type: none"> ○ Be able to evaluate the relevance and characteristics of the interactions between nutrition and genome. Be able to understand, analyze and evaluate the scientific and popular literature concerning nutrigenomics • <i>Communicating knowledge and understanding</i> <ul style="list-style-type: none"> ○ Ability to describe the interactions between diet and genome with simplicity and effectiveness, with particular reference to the modulation of gene expression, changes in the proteome, and the evolutionary adaptations of the human genome in relation to diet • <i>Communication skills</i> <ul style="list-style-type: none"> ○ Be able to present the topics studied with clarity, language properties and synthesis skills • <i>Capacities to continue learning</i> <ul style="list-style-type: none"> ○ learning ability from monographs, scientific journals and databases that report genomics and nutrigenomics topics
Final exam and grading criteria	<i>The final grade is awarded out of thirty. The exam is passed when the grade is greater than or equal to 18. The grade will be awarded according to: understanding of the exam questions; broad, complete and in-depth knowledge of all the topics of the course; clarity, properties of language and mastery of the exposition; ability to present topics in a concise and effective way, ability to make interdisciplinary connections.</i>
Further information	--