

Principali informazioni sull'insegnamento	Corsi di studio di <b>SCIENZE DELLA NUTRIZIONE PER LA SALUTE UMANA</b>
Denominazione insegnamento	<b>Nutrigenomica</b>
Corso di studio (classe)	<b>Scienze della Nutrizione per la Salute Umana (LM-61)</b>
Crediti formativi	6
Denominazione inglese	Nutrigenomics
Obbligo di frequenza	No
Lingua di erogazione	Italiano
Anno Accademico	<b>2020-2021</b>

Docente responsabile	
Nome e Cognome	<b>Carmela Gissi</b>
Indirizzo email	<a href="mailto:carmela.gissi@uniba.it">carmela.gissi@uniba.it</a>
Numero di telefono	080-5443308
Luogo e orario di ricevimento	Campus di Via E. Orabona, 4 - Palazzo Dipartimenti Biologici; piano 1 Dal lunedì al venerdì previo appuntamento

Dettaglio insegnamento	SSD	Tipologia attività
	BIO/11 Biologia molecolare	Caratterizzante

Periodo di erogazione	Anno di corso	Semestre
	Primo	Primo Semestre

Organizzazione della didattica	Lezioni frontali	Laboratori	Esercitazioni	Totale
CFU	5	1		6
Ore totali	40	12		52
Ore di didattica assistita				
Ore di studio individuale	85	13		98

Syllabus	
Prerequisiti	Conoscenze di base di Fisica, Chimica Generale e Organica, Biochimica, Anatomia e Fisiologia umana.
<b>Risultati di apprendimento attesi (declinare rispetto ai Descrittori di Dublino)</b>	
Conoscenza e capacità di comprensione	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.
Conoscenza e capacità di comprensione applicate	Comprensione approfondita del significato funzionale delle interazioni tra alimenti e genoma, con particolare riferimento alla regolazione dell'espressione genica da parte degli alimenti ai cambiamenti evolutivi del genoma dovuti alla dieta.
Autonomia di giudizio	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.
Abilità comunicative	Capacità di descrivere con semplicità ed efficacia, nell'ambito della propria attività professionale, 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.

Capacità di apprendere	Perfezionare la capacità di apprendimento da testi tecnico-scientifici di elevata complessità, da monografie, periodici scientifici, da strumenti informatici e da banche dati in ambito genomico e nutrigenomico.
<b>Programma</b>	
Contenuti di insegnamento	<p><b>La nutrigenomica e le scienze “omiche”: definizione e obiettivi.</b></p> <p><b>I genomi nucleari eucariotici</b>  I progetti genoma e gli organismi bersaglio; dimensioni dei genomi procariotici ed eucariotici; dimensioni e complessità dei genomi eucariotici; il paradosso del valore di C; cause della incrementata complessità di trascrittoma e proteoma rispetto alla complessità del genoma negli eucarioti; variabilità della densità genica nei genomi eucariotici.  Le sequenze che compongono il genoma: concetto di “codificante” e “non codificante”; definizione di gene alla luce dei dati genomici (geni sovrapposti e a cassetta; splicing alternativo; geni proteici e geni per RNA “non codificanti proteine”).  Il DNA ripetitivo e gli elementi trasponibili: trasposoni a DNA; retrotrasposoni LTR, LINE e SINE. Distribuzione genomica degli elementi trasponibili. Storia evolutiva delle Alu. Origine degli pseudogeni. Mini e microsatelliti e loro origine. Il DNA ripetuto dei centromeri. DNA altamente e mediamente ripetitivo</p> <p><b>Il genoma umano</b>  Consultazione del genoma umano tramite il Browser genomico UCSC: gli “assembly” del genoma umano e le varie classi di elementi funzionali annotati.  Il progetto genoma umano e le strategie di sequenziamento: sequenziamento gerarchico e “whole-genome shotgun sequencing”. Mappe genetiche e fisiche per il sequenziamento gerarchico. Breve storia del progetto genoma umano: la competizione tra Consorzio pubblico e Celera Genomics.  Il progetto “1000 genomi” per lo studio della variabilità della popolazione umana. Annotazione della variabilità genetica umana: SNP (Single Nucleotide Polymorphisms), CNV (Copy Number Variations) e riarrangiamenti cromosomici.  Cenni sui genomi di uomini arcaici. Il progetto ENCODE e l’annotazioni di regioni regolatorie sul genoma umano. Identificazione di siti ipersensibili alla DNaseI. ChIP-Seq per l’identificazione di siti di legame a fattori di trascrizione e per l’identificazione di modificazioni post-traduzionali delle code N-terminali degli istoni. Il codice istonico.</p> <p><b>Sequenziamento</b>  Sequenziamento del DNA secondo il metodo di Sanger. Piattaforme di Sequenziamento di Nuova Generazione (NGS) e differenze con il metodo di Sanger. Le piattaforme di seconda generazione: 454, Illumina, IonTorrent e SOLID. Le piattaforme di sequenziamento di Terza Generazione: PacBio e Nanopore. Applicazioni delle tecnologie NGS alla nutrigenomica.</p> <p><b>Regolazione dell’espressione genica negli eucarioti</b>  <u>Regolazione a livello della fase di inizio della trascrizione</u>  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 i co-attivatori della trascrizione eucariotica. Struttura a domini di attivatori e co-attivatori eucariotici. Il controllo combinatorio della espressione genica: la</p>

	<p>struttura modulare degli elementi che agiscono in cis (promotori, enhancer, etc) e degli elementi che agiscono in trans (fattori di trascrizione basali ed attivatori).</p> <p><u>Trasduzione del segnale</u>  Recettori nucleari degli ormoni steroidei. La via di trasduzione del segnale JAK-STAT. Trasduzione del segnale via cAMP e fosforilazione. Cascata delle MAPK innescata da insulina.</p> <p><u>Meccanismi epigenetici</u>  Metilazione del DNA e isole CpG. Rimodellamento della cromatina: modificazioni degli istoni; azione dei "complessi di rimodellamento"; sostituzioni di varianti istoniche. Silenziamento epigenetico e imprinting. La tecnica del bisolfito per lo studio della metilazione del DNA.</p> <p><u>Regolazione post-trascrizionale: i piccoli RNA "non-coding"</u>  MicroRNA e siRNA: sintesi, maturazione (complessi Drosha e Dicer) e meccanismi di funzionamento. Interferenza del DNA.</p> <p><b>Nutrizione personalizzata</b>  iPOP: Integrative Personal Omics Profiling .</p> <p><b>Adattamenti genomici alla dieta</b>  Adattamenti genomici delle popolazioni umane alla dieta. Il gene LCT e la persistenza della lattasi nell'età adulta. Mutazioni del gene AMY1 per l'amilasi salivare. Selezione positiva nei geni per l'odorato e il gusto. Aspetti culturali che hanno plasmato il genoma umano</p> <p><b>Microbioma e Metagenomica</b>  Il microbioma umano e le sue caratteristiche: variabilità del microbioma umano in funzione della località anatomica 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".  La metagenomica per lo studio della biodiversità e del microbioma. Caratteristiche principali della metatagenomica target-oriented (o metabarcoding) e della metagenomica shotgun. Cenni sulla metagenomica funzionale. 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: analisi di geni marker; "binning"; predizione genica e annotazione funzionale.</p> <p>• <b>Esercitazioni</b>  1. ....</p>
Testi di riferimento	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Testo principale: "Biologia Molecolare" - F. Amaldi, P. Benedetti, G. Pesole, P. Plevani; Editrice Ambrosiana, Seconda edizione, 2014</li> <li>- "Nutrigenomics" di Carlberg G, Ulven SM, Molnar F, Casa Editrice Springer</li> <li>- Articoli da riviste scientifiche indicati dal docente</li> </ul>
Note ai testi di riferimento	
Metodi didattici	Lezioni frontali con presentazioni PowerPoint

Metodi di valutazione	Esame scritto
Criteri di valutazione	<p>Conoscenza delle caratteristiche del genoma umano, dei meccanismi di regolazione dell'espressione genica e dei meccanismi epigenetici nell'uomo.</p> <p>Conoscenza delle interazioni tra genoma e dieta: cambiamenti adattivi ed evoluzione del genoma umano in relazione della dieta; effetto della dieta sulla regolazione dell'espressione genica e sul proteoma</p> <p>Conoscenza degli argomenti di nutrigenomica, nutri-epigenomica e della importanza del microbiota per la salute umana.</p>
Altro	