

Principali informazioni sull'insegnamento	
Denominazione insegnamento	<b>NUTRIGENOMICA</b>
Corso di studio (classe)	Corso di Laurea Magistrale LM-61 <b>Scienze della Nutrizione per la Salute Umana</b>
Crediti formativi	6
Denominazione inglese	Nutrigenomics
Obbligo di frequenza	No
Lingua di erogazione	Italiano
Anno Accademico	2019-2020

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	6			6
Ore totali	48			48
Ore di didattica assistita				
Ore di studio individuale	102			102

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 umani 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 struttura modulare degli elementi che agiscono in cis (promotori, enhancer, etc) e degli elementi che agiscono in trans (fattori di trascrizione basali ed attivatori).  <u>Trasduzione del segnale</u>  Recettori nucleari degli ormoni steroidei. La via di trasduzione del segnale JAK-STAT.</p>

	<p>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".</p> <p>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.</p> <p>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>
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 (scritto, orale, prove in itinere)	Esame scritto
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)	<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	