

| Principali informazioni sull'insegnamento | CORSI DI STUDIO DI BIOTECNOLOGIE |
|--|--|
| Denominazione insegnamento | Proteomica e Metabolomica Applicate |
| Corso di studio (classe) | Biotecnologie Mediche e Medicina Molecolare (LM-9) |
| Crediti formativi | 9 |
| Denominazione inglese | Proteomics and Metabolomics Applied |
| Obbligo di frequenza | SI |
| Lingua di erogazione | Italiano |
| Anno Accademico | 2018-2019 |

| Docente responsabile | |
|-------------------------------|---|
| Nome e Cognome | Vito Pesce |
| Indirizzo email | vito.pesce@uniba.it |
| Numero di telefono | +39-0805443309 |
| Luogo e orario di ricevimento | Dip. di Bioscienze, Biotecnologie e Biofarmaceutica - Stanza 42 LUN-MER-VEN 10:00-12:00; MAR-GIO 16:00-18:00 |
| Dettaglio insegnamento | SSD BIO/10 |
| | Tipologia attività Caratterizzante |

| 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 | Conoscenza della Biochimica e della Biologia Molecolare. |
| Risultati di apprendimento attesi (declinare rispetto ai Descrittori di Dublino) | |
| Conoscenza e capacità di comprensione | Gli studenti comprenderanno la struttura e la funzione del proteoma e del metaboloma umano e di altri organismi, mediante l'acquisizione di adeguate conoscenze di tecnologie di proteomica e metabolomica, per approcci biotecnologici innovativi. |
| Conoscenza e capacità di comprensione applicate | Il corso intende fornire le conoscenze necessarie per sviluppare la padronanza nell'utilizzo delle piattaforme "omiche", in particolare di proteomica e metabolomica applicate in campo biotecnologico con particolare attenzione all'uomo, nelle sue condizioni fisiologiche e patologiche (es. monitoraggio di proteine e metaboliti target in matrici complesse e applicazioni in medicina rigenerativa). |
| Autonomia di giudizio | Gli studenti acquisiranno la capacità di interpretare criticamente ed elaborare in autonomia i dati sperimentali. |

| | |
|---------------------------|---|
| Abilità comunicative | Gli studenti acquisiranno il lessico e la terminologia utile a scrivere e presentare risultati sperimentali in modo chiaro e sintetico. |
| Capacità di apprendere | Gli studenti acquisiranno capacità di apprendimento di tematiche di ricerca e tecniche proteomiche e metabolomiche applicate alle biotecnologie in campo medico, per rispondere a diversi quesiti biotecnologici anche tramite la consultazione di materiale bibliografico cartaceo ed elettronico nonché mediante l'utilizzo di banche dati. |
| Programma | |
| Contenuti di insegnamento | <p><u>Parte I</u> Le omiche. Introduzione alla proteomica e alla metabolomica. Il campionamento, la preparazione e l'analisi del metaboloma e del proteoma nei fluidi biologici: sangue, urina, saliva, liquido cefalorachidiano.</p> <p><u>Parte II</u> Tecniche NMR: principi generali. NMR monodimensionali: ^1H. Shift chimico e Molteplicità di spin. NMR ^{13}C. NMR bidimensionali: 2D J-RES. NMR fingerprinting e profiling. Librerie di spettri NMR: analisi differenziali. Individuazione mediante HMDB di metaboliti presenti in differenti biofluidi umani. Tecniche cromatografiche: principi generali della separazione del metaboloma e del proteoma mediante tecniche di gas cromatografia. Gascromatografia gas-liquida e gas-solida. Effetti della temperatura, tipi di matrici e tecniche di derivatizzazione di metaboliti. Cromatogramma: parametri e analisi qualitativa e quantitativa. Applicazioni della cromatografia nella analisi del metaboloma e del proteoma in patologie tumorali, malattie cardiovascolari, diabete etc. Separazione ed analisi del metaboloma e del proteoma mediante tecniche HPLC, HPLC in fase inversa e HPLC-MS. Separazione del metaboloma e del proteoma mediante tecniche di elettroforesi capillare accoppiata alla spettrometria di massa (EC-MS).</p> <p><u>Parte III</u> Metaboloma di interesse diagnostico e prognostico in patologie tumorali, in malattie cardiovascolari, in diabete. Metaboloma nei fluidi biologici: identificazione di metaboliti biomarker in condizioni fisiologiche e non (es. doping). Identificazione ed analisi comparativa di metaboliti biomarker (NIST, SIMCA).</p> <p><u>Parte IV</u> Strategie bottom up e top down in proteomica. Principi della spettrometria di massa. Elettroforesi bidimensionali DIGE. Struttura di uno spettrometro di massa. Sorgente di ionizzazione MALDI e analizzatore TOF. Sorgente di ionizzazione elettrospray (ESI). Analizzatori a quadrupolo, trappola ionica, FT-ICR e Orbitrap. Triplo quadrupolo e frammentazione di peptidi per dissociazione indotta da</p> |

| | |
|--|---|
| | <p>collisione (CID) e dissociazione per trasferimento elettronico (ETD). Analisi di spettri di massa di proteine. Frammentazione di peptidi. Risoluzione ed accuratezza nelle analisi proteomiche. Procedura di identificazione di proteine. Strategie di proteomica quantitativa (SILAC, iTRAQ). SRM e MRM. Marcatura SILAC, IMAC. Proteomica d'espressione e funzionale. Strategie immunoprecipitazione TAP-TAG. Proteomica differenziale. Pattern isotopico. MALDI vs TANDEM. Strategia MASCOT per PMF (Peptide Mass Finger Printing). La proteomica nello studio di modifiche post-traduzionali. Identificazione di proteine fosforilate e del sito di fosforilazione. Metodi di acquisizione di campioni proteici complessi utilizzando la spettrometria di massa e analisi bioinformatica mediante ricerca in banca dati e validazione dei risultati (ANOVA, PCA).</p> <p><u>Parte V</u> Esercitazioni di laboratorio: Preparazione di lisati cellulari per l'analisi proteomica. Separazione mediante elettroforesi mono e bidimensionali. Digestione enzimatica. Estrazione dei peptidi, microconcentrazione e analisi per spettrometria di massa. Interpretazione di spettri di massa delle principali classi di molecole organiche. Utilizzo di database (HMDB) per l'individuazione di metaboliti presenti in differenti biofluidi. Spettri metabolomici NMR. Analisi e identificazione di metaboliti (NIST).</p> |
| Testi di riferimento | <p>“Introduction to Proteomics”, Daniel C. Liebler, Humana Press; “Clinical Metabolomics- Methods and Protocols”, M. Giera, Humana Press, 2017;</p> |
| Note ai testi di riferimento | <p>Sono disponibili come supporto i power point delle lezioni.</p> |
| Metodi didattici | <p>Lezioni frontali con supporto multimediale, esercitazioni in laboratorio.</p> |
| Metodi di valutazione (scritto, orale, prove in itinere) | <p>Orale</p> |
| <p>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> | <p>Gli studenti devono dimostrare:</p> <ul style="list-style-type: none"> • piena padronanza nell'individuare e applicare le tecniche più opportune, tra quelle esaminate, per rispondere a diversi quesiti biotecnologici; • capacità di operare in laboratorio rispettando le norme di sicurezza; • capacità di valutazione critica dei risultati delle procedure sperimentali e di integrazione di tali risultati al fine di ottenere una visione completa dell'informazione proteomica e metabolomica e del suo utilizzo in un sistema complesso quale l'uomo; • chiarezza e completezza nell'esposizione orale dei contenuti del programma e nella redazione delle relazioni sulle esperienze di laboratorio; capacità di operare collegamenti con i contenuti di altri corsi. |
| Altro | |