

<b>Insegnamento di: BIOINFORMATICA ED ANALISI DEL GENOMA</b>			
<b>Classe di laurea: LM-7</b>		<b>Corso di Laurea in:</b> BIOTECNOLOGIE PER LA SICUREZZA DELL'ALIMENTAZIONE (CLM BQSA)	<b>Anno accademico:</b> 2020/2021
<b>Denominazione inglese insegnamento:</b> Bioinformatics and genome analysis		<b>Tipo di insegnamento:</b> Caratterizzante	<b>Anno:</b> Primo
<b>Tipo attività formativa:</b> Caratterizzante	<b>Ambito disciplinare:</b> Biologia Molecolare	<b>Settore scientifico-disciplinare:</b> BIO/11	<b>CFU totali: 6</b> di cui CFU lezioni: 5 CFU ese/lab/tutor: 1
<b>Modalità di erogazione, ore di didattica assistita ed ore dedicate allo studio individuale</b> ore di lezione: 150 ore di esercitazione/laboratorio/tutorato: 12 totale ore didattica assistita: 40 totale ore di studio individuale: 98			
<b>Lingua di erogazione:</b> Italiano	<b>Obbligo di frequenza:</b> no		
<b>Docente:</b> Claudio Lo Giudice, PhD	<b>Tel:</b> <b>e-mail:</b> <a href="mailto:claudio.logiudice@uniba.it">claudio.logiudice@uniba.it</a>	<b>Ricevimento studenti:</b> Dipartimento di Bioscienze, Biotecnologie e Biofarmaceutica (Nuovi Palazzi Biologici).  piano 1, stanza 41	<b>Giorni e ore ricevimento:</b> Dal lunedì al venerdì ed al termine di ogni lezione. Orario da concordare via e-mail.
<b>Conoscenze preliminari:</b> Principi di biologia molecolare, biochimica e genetica. Minima conoscenza di Internet e dei principali motori di ricerca. Minima conoscenza della lingua inglese.			
<b>Obiettivi formativi:</b> Apprendimento delle caratteristiche strutturali e funzionali dei genomi procariotici, eucariotici ed organellari. Conoscenza delle nuove tecnologie di sequenziamento e delle loro applicazioni in ambito genomico e trascrittomico. Utilizzo delle principali risorse bioinformatiche per lo studio strutturale e funzionale dei genomi.			
<b>Risultati di apprendimento previsti</b>	<p><b>Conoscenza e capacità di comprensione:</b> Acquisizione di conoscenze teorico-pratiche nell'ambito della bioinformatica e dell'analisi dei genomi.</p> <p><b>Conoscenza e capacità di comprensione applicate:</b> Applicazione di metodologie specifiche per l'accesso alle principali banche dati biologiche e di algoritmi computazionali per l'analisi comparativa e funzionale dei genomi.</p> <p><b>Autonomia di giudizio:</b> Imparare ad analizzare autonomamente e criticamente i dati omici (genomici, trascrittomici, proteomici) con i più diffusi approcci bioinformatici.</p> <p><b>Abilità comunicative:</b> Acquisizione del lessico e della terminologia adeguati alla descrizione dei dati omici fondamentali. Il raggiungimento di un adeguato standard terminologico individuale sarà valutato nel corso delle lezioni, delle esercitazioni e durante l'esame finale.</p> <p><b>Capacità di apprendere:</b> Raggiungere adeguate competenze per la comprensione dell'anatomia e della funzione dei genomi nonché per l'utilizzo delle principali piattaforme bioinformatiche atte allo studio di questi ultimi.</p>		
<b>Programma del corso</b>			
<ul style="list-style-type: none"> <li>• GENOMI, TRASCRITTOMI E PROTEOMI <ul style="list-style-type: none"> <li>○ DNA</li> </ul> </li> </ul>			

- Concetto di gene e sua natura
  - Struttura del DNA
  - Appaiamento ed impilamento delle basi come fattori stabilizzanti la doppia elica
  - Flessibilità strutturale del DNA (forme A, B e Z).
- RNA
  - RNA e trascrittoma
  - RNA contenuti nella cellula
  - Maturazione dell'RNA
  - Definizione/i di trascrittoma
- PROTEINE E PROTEOMA
  - Livelli strutturali gerarchici delle proteine
  - Diversità amminoacidica e diversità proteica
  - Legame tra trascrittoma e proteoma
  - Il codice genetico
  - Deviazioni dal codice genetico standard
  - Proteoma e complessità biochimica cellulare
- GENOMI DEI PROCARIOTI E DEGLI ORGANELLI EUCARIOTICI
  - CARATTERISTICHE FISICHE DEI GENOMI PROCARIOTICI
    - Visione tradizionale del cromosoma procariotico
    - Genomi procariotici lineari e multipartiti.
  - CARATTERISTICHE GENETICHE DEI GENOMI PROCARIOTICI
    - Organizzazione dei geni nel genoma di E. coli K12
    - Gli operoni
    - Dimensioni dei genomi procariotici, numero di geni e complessità biologica
    - Le dimensioni del genoma e il numero di geni variano all'interno delle singole specie
    - Trasferimento genico laterale
  - GENOMI DEGLI ORGANELLI EUCARIOTICI
    - La teoria endosimbiontica e le sue basi molecolari
    - I genomi degli organelli sono per la maggior parte circolari
    - Dimensioni dei genomi mitocondriali e plastidiali
    - Contenuto genetico dei genomi organellari
- GENOMI NUCLEARI EUCARIOTICI
  - ORGANIZZAZIONE DEI GENOMI NUCLEARI IN CROMOSOMI
    - Rapporto tra dimensioni dei cromosomi e contenuto di DNA
    - Caratteristiche dei cromosomi metafasici
    - Interazioni DNA-proteine a livello centromerico e telomerico
  - ORGANIZZAZIONE DEI GENI IN UN GENOMA NUCLEARE
    - Distribuzione non omogenea dei geni nel genoma umano
    - Dissezione di un segmento del genoma umano e suo confronto con la struttura tipica di altri genomi eucariotici
    - Organizzazione del genoma di lievito e concetto di densità genica
    - Organizzazione genica in altri eucarioti
  - QUANTI GENI SONO CONTENUTI IN UN GENOMA NUCLEARE E QUALI SONO LE LORO FUNZIONI?
    - Le stime del numero di geni possono essere fuorvianti
    - I cataloghi geni
    - La nomenclatura GO, le Gene Ontologies
    - Famiglie geniche
    - Pseudogeni e altri relitti evolutivi
  - DNA RIPETITIVO DEI GENOMI NUCLEARI EUCARIOTICI
    - DNA ripetuto in tandem (DNA satellite)
    - Minisatelliti e microsatelliti
    - Profilo genetico basato sui microsatelliti
    - Ripetizioni intersperse

- SEQUENZIAMENTO DEI GENOMI
  - SEQUENZIAMENTO COL METODO CHIMICO (MAXAM–GILBERT)
  - SEQUENZIAMENTO CON IL METODO ENZIMATICO A TERMINAZIONE DI CATENA (SANGER)
    - Caratteristiche principali del sequenziamento con il metodo a terminazione di catena
    - Specifiche delle DNA polimerasi utilizzate per il sequenziamento
    - Sequenziamento con il metodo a terminazione di catena mediante Taq polimerasi
    - Punti di forza e limiti del sequenziamento a terminazione di catena
  - SEQUENZIAMENTO DI NUOVA GENERAZIONE
    - Librerie di sequenziamento
    - Principali metodi di sequenziamento di seconda generazione (Illumina, Pyrosequencing, Ion Torrent, SOLid)
    - Sequenziamento in tempo reale (Single Molecul Real Time Sequencing)
    - Metodi di terza/quarta generazione (Pacific Bioscience, Oxford Nanopore).
  
- BIOINFORMATICA
  - Banche dati biologiche (GENBANK, EMBL-EBI, DDBJ, UNIPROT, PUBMED).
  - Sistemi di retrieval per l'interrogazione delle banche dati biologiche.
  - Gli operatori booleani (AND, OR, NOT) per la costruzione di query complesse.
  - Browser genomici (Ensembl e UCSC).
  - Il formato FASTA per l'annotazione delle sequenze.
  - Allineamento locale e globale di sequenze.
  - Ricerca di similarità in banche dati (BLAST).
  - Metodi bioinformatici per la predizione di geni.

**Metodi di insegnamento:** Lezioni frontali con l'ausilio di PowerPoint.

**Supporti alla didattica:** Esperienze dirette al computer delle principali piattaforme bioinformatiche descritte a lezione.

**Controllo dell'apprendimento e modalità d'esame:** Prova in itinere scritta, esame finale orale.

**Testi di riferimento principali:**

- T. A. Brown "Genomi 4", Edises 2018
- M.H.Citterich, F.Ferri, G.Pavesi, G.Pesole "Fondamenti di Bioinformatica", Zanichelli 2017

Note: La consultazione dei testi deve essere integrata con gli appunti delle lezioni; saranno inoltre resi disponibili come supporto i PowerPoint delle lezioni.