

Principali informazioni sull'insegnamento	CORSI DI STUDIO DI BIOTECNOLOGIE
Denominazione insegnamento	Bioinformatica ed Analisi del Genoma
Corso di studio (classe)	Biotecnologie Industriali ed Ambientali (LM-8)
Crediti formativi	9 CFU
Denominazione inglese	Bioinformatics and Genome Analysis
Obbligo di frequenza	Si
Lingua di erogazione	Italiano
Anno Accademico	2018/2019

Docente responsabile		
Nome e Cognome	Ernesto Picardi	
indirizzo email	ernesto.picardi@uniba.it	
numero di telefono	+39 080 5442179	
Luogo e orario di ricevimento	Studio n. 49, I Piano, Istituti Biologici. Orario da concordare via email.	
Dettaglio insegnamento	SSD	tipologia attività
	BIO/I1	Caratterizzante

Periodo di erogazione	Anno di corso		Semestre	
	1°		1°	
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	Conoscenze di base di Biologia Molecolare e Genetica
Risultati di apprendimento attesi (declinare rispetto ai Descrittori di Dublino)	
Conoscenza e capacità di comprensione	Acquisizione di conoscenze avanzate nell'ambito della bioinformatica ed analisi del genoma.
Conoscenza e capacità di comprensione applicate	Utilizzo di specifiche metodologie e piattaforme genomiche.
Autonomia di giudizio	Gli studenti sapranno analizzare autonomamente e criticamente i dati genomici con i più moderni strumenti bioinformatici.
Abilità comunicative	Gli studenti avranno adeguate competenze per l'utilizzo delle principali risorse genomiche e bioinformatiche.
Capacità di apprendere	Gli studenti avranno la capacità di consultare ed utilizzare le banche dati bioinformatiche ed i dati ivi contenuti mediante l'apprendimento di un linguaggio di programmazione.
Programma	
Contenuti di insegnamento	Genomica: 1. Caratteristiche dei genomi procariotici, eucariotici ed organellari.

	<p>2. Browser genomici (Ensembl e UCSC).</p> <p>3. Strategie per il sequenziamento di genomi completi.</p> <p>4. Tecnologie per il sequenziamento degli acidi nucleici.</p> <p>5. Next Generation Sequencing.</p> <p>Trascrittomica:</p> <p>1. Metodologie per l'analisi del trascrittoma e loro applicazioni.</p> <p>2. Le regioni non tradotte degli mRNA eucariotici.</p> <p>3. La frazione non-coding dell'RNA (ncRNA).</p> <p>Bioinformatica</p> <p>1. Banche dati e programmi di analisi.</p> <p>2. Allineamento locale e globale delle sequenze.</p> <p>3. Ricerca di similarità in banche dati (BLAST, BLAT).</p> <p>4. Metodi bioinformatici per la predizione di geni.</p> <p>5. Il linguaggio di programmazione Python (strutture dati, funzioni, esecuzione di script).</p> <p>6. Utilizzo del Python per risolvere problemi biologici.</p>
Testi di riferimento	<p>Brown TA - Genomi 3 – Edises</p> <p>Pascarella, Paiardini – Bioinformatica – Zanichelli</p> <p>Amaldi, Benedetti, Pesole, Plevani – Biologia molecolare – Casa Editrice Ambrosiana (Zanichelli)</p>
Note ai testi di riferimento	Integrabili con altri testi di Biologia Molecolare
Metodi didattici	Lezioni frontali ed esperienze dirette al computer
Metodi di valutazione (scritto, orale, prove in itinere)	Elaborato scritto e prova pratica.
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)	Lo studente dovrà conoscere le caratteristiche strutturali dei genomi ed i principali algoritmi bioinformatici. Dovrà essere in grado di utilizzare le principali piattaforme genomiche ed applicare autonomamente gli strumenti bioinformatici. Saprà sviluppare piccoli programmi bioinformatici per l'analisi delle sequenze biologiche.
Altro	