

SSD BIO/11	<b>BIOINFORMATICA e GENOMICA COMPARATA</b> Curriculum Genomico e Curriculum Funzionale			
<b>Docente</b>	<b><u>Prof. Marcella Attimonelli</u></b>			
	Telefono: 080/5442399 Orario di ricevimento: Martedì h 11-13		e-mail: <a href="mailto:marcella.attimonelli@uniba.it">marcella.attimonelli@uniba.it</a> Presso: Dip.to Bioscienze, Biotecnologie e Biofarmaceutica	
<b>Attività</b>	<b>Lezioni frontali</b>	<b>Esercitazioni</b>	<b>Laboratorio</b>	<b>Totale</b>
<b>Crediti</b>	<b>4</b>		<b>2</b>	<b>6</b>
<b>Ore attività</b>	<b>32</b>		<b>24</b>	<b>56</b>
<b>Ore studio individuale</b>	<b>68</b>		<b>26</b>	<b>94</b>
<b>Pre-requisiti</b>	Conoscenza dei concetti fondamentali di Biologia Molecolare e Genetica			
<b>Obiettivi di Base</b>	Conoscenza dei concetti fondamentali di bioinformatica e genomica. Conoscenza dei principi inerenti le nuove tecnologie di sequenziamento. Conoscenza delle maggiori risorse bioinformatiche.			
<b>Obiettivi Formativi Disciplinari</b>	Acquisire la capacità di procedere autonomamente nell'accrescere la conoscenza dei metodi bioinformatici avanzati.			
<b>Obiettivi Professionalizzanti</b>	Acquisire la capacità di svolgere ricerche Bioinformatiche a supporto di studi di Biologia Molecolare, Genetica e Genomica. Preparare lo studente a offrirsi sul mercato professionale nel settore della Bioinformatica.			
<b>Contenuto</b>	<p><b>Bioinformatica di base (3 CFU)</b></p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> <b>Introduzione ai principi di biologia molecolare : definizione di gene, genoma, trascrittoma e proteoma. Il codice genetico. IL DNA non codificante. Pseudogeni. Sequenze ripetute. Strutture delle proteine.</b></p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Introduzione alla Bioinformatica.</p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Banche dati Biologiche per lo studio del Gene, del Genoma, del Trascrittoma e del Proteoma</p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Concetti introduttivi all'analisi delle biosequenze : stringa e suo trattamento statistico; modalità di lettura della sequenza: formati e scansioni; metodologie basate sulla misura diretta e metodologie predittive: la base di conoscenza</p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Allineamenti, multiallineamenti, misura di similarità fra biosequenze, ricerca di similarità in banche dati biologiche.</p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Metodi di pattern recognition per l'annotazione del genoma caratterizzazione di sequenze anonime</p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Approcci bioinformatici per l'annotazione funzionale dei genomi</p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Principi di Evoluzione molecolare e metodologie per l'analisi evolutiva delle Biosequenze.</p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Predizione di strutture proteiche</p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Predizione di strutture di RNA</p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> <b>Esercitazioni di Bioinformatica di Base (1CFU)</b></p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Panoramica sui siti EBI e NCBI</p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Ricerca in banche dati biologiche utilizzando i sistemi SRS ed Entrez</p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Applicazione di programmi per gli Allineamenti e i Multiallineamenti</p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Ricerca di similarità in banche dati biologiche: Blast,</p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Applicazione di metodi evolutivi per la costruzione di alberi filogenetici</p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Applicazione dei sistemi disponibili nel pacchetto SWISSModel per la predizione di strutture proteiche 3D</p> <p><b>Genomica Comparata Frontale (2 CFU)</b></p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Il concetto di Genoma</p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Il concetto di Gene</p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Il concetto del Trascrittoma</p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Il concetto del Proteoma</p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Il Genoma Procariotico</p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Il Genoma di Organelli</p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Il Genoma Virale</p> <p><sup>35</sup>/<sub>17</sub> Il Genoma Eucariotico</p>			

	<sup>35</sup> <sup>17</sup> Le dimensioni dei genomi <sup>35</sup> <sup>17</sup> Le differenti componenti del genoma eucariotico : geni, regioni ripetute, famiglie geniche, trasposoni. <sup>35</sup> <sup>17</sup> Gli Organismi modello. <sup>35</sup> <sup>17</sup> I concetti di base per la comparazione dei Genomi: Omologia e Sintenie. <sup>35</sup> <sup>17</sup> Tecniche avanzate di sequenziamento Genomico <sup>35</sup> <sup>17</sup> Approcci e problemi nell'assemblaggio dei Genomi Eucariotici <sup>35</sup> <sup>17</sup> Marcatori del Genoma Eucariotico: SNPs, STS. <b>Esercitazioni di Bioinformatica per la Genomica Comparata (1CFU)</b> <sup>35</sup> <sup>17</sup> Risorse genomiche : UCSC, MapViewer <sup>35</sup> <sup>17</sup> Applicazioni per l'annotazione del Genoma mediante il sistema RAST		
<b>Testi consigliati</b>	Materiale fornito dal docente		
<b>Propedeuticità</b>	<table border="1"> <tr> <td><b>Obbligatorie:</b> nessuna</td> <td><b>Consigliate:</b> nessuna</td> </tr> </table>	<b>Obbligatorie:</b> nessuna	<b>Consigliate:</b> nessuna
<b>Obbligatorie:</b> nessuna	<b>Consigliate:</b> nessuna		
<b>Metodi di valutazione</b>	<table border="1"> <tr> <td><b>Prova scritta</b> <b>NO</b></td> <td><b>Colloquio orale</b> <b>SI</b></td> </tr> </table>	<b>Prova scritta</b> <b>NO</b>	<b>Colloquio orale</b> <b>SI</b>
<b>Prova scritta</b> <b>NO</b>	<b>Colloquio orale</b> <b>SI</b>		
<b>Collocazione</b>	<table border="1"> <tr> <td><b>Anno di Corso:</b> <b>I</b></td> <td><b>Semestre:</b> <b>I</b></td> </tr> </table>	<b>Anno di Corso:</b> <b>I</b>	<b>Semestre:</b> <b>I</b>
<b>Anno di Corso:</b> <b>I</b>	<b>Semestre:</b> <b>I</b>		