

SSD BIO/11	BIOINFORMATICA e GENOMICA COMPARATA Curriculum Genomico e Curriculum Funzionale			
Docente	<u>Prof. Marcella Attimonelli</u>			
	Telefono: 080/5442399 Orario di ricevimento: Martedì h 11-13		e-mail: marcella.attimonelli@uniba.it Presso: Dip.to Bioscienze, Biotecnologie e Biofarmaceutica	
Attività	Lezioni frontali	Esercitazioni	Laboratorio	Totale
Crediti	4		2	6
Ore attività	32		24	56
Ore studio individuale	68		26	94
Pre-requisiti	Conoscenza dei concetti fondamentali di Biologia Molecolare e Genetica			
Obiettivi di Base	Conoscenza dei concetti fondamentali di bioinformatica e genomica. Conoscenza dei principi inerenti le nuove tecnologie di sequenziamento. Conoscenza delle maggiori risorse bioinformatiche.			
Obiettivi Formativi Disciplinari	Acquisire la capacità di procedere autonomamente nell'accrescere la conoscenza dei metodi bioinformatici avanzati.			
Obiettivi Professionalizzanti	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.			
Contenuto	<p>Bioinformatica di base (3 CFU)</p> <p>³⁵/₁₇ 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.</p> <p>³⁵/₁₇ Introduzione alla Bioinformatica.</p> <p>³⁵/₁₇ Banche dati Biologiche per lo studio del Gene, del Genoma, del Trascrittoma e del Proteoma</p> <p>³⁵/₁₇ 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>³⁵/₁₇ Allineamenti, multiallineamenti, misura di similarità fra biosequenze, ricerca di similarità in banche dati biologiche.</p> <p>³⁵/₁₇ Metodi di pattern recognition per l'annotazione del genoma caratterizzazione di sequenze anonime</p> <p>³⁵/₁₇ Approcci bioinformatici per l'annotazione funzionale dei genomi</p> <p>³⁵/₁₇ Principi di Evoluzione molecolare e metodologie per l'analisi evolutiva delle Biosequenze.</p> <p>³⁵/₁₇ Predizione di strutture proteiche</p> <p>³⁵/₁₇ Predizione di strutture di RNA</p> <p>³⁵/₁₇ Esercitazioni di Bioinformatica di Base (1CFU)</p> <p>³⁵/₁₇ Panoramica sui siti EBI e NCBI</p> <p>³⁵/₁₇ Ricerca in banche dati biologiche utilizzando i sistemi SRS ed Entrez</p> <p>³⁵/₁₇ Applicazione di programmi per gli Allineamenti e i Multiallineamenti</p> <p>³⁵/₁₇ Ricerca di similarità in banche dati biologiche: Blast,</p> <p>³⁵/₁₇ Applicazione di metodi evolutivi per la costruzione di alberi filogenetici</p> <p>³⁵/₁₇ Applicazione dei sistemi disponibili nel pacchetto SWISSModel per la predizione di strutture proteiche 3D</p> <p>Genomica Comparata Frontale (2 CFU)</p> <p>³⁵/₁₇ Il concetto di Genoma</p> <p>³⁵/₁₇ Il concetto di Gene</p> <p>³⁵/₁₇ Il concetto del Trascrittoma</p> <p>³⁵/₁₇ Il concetto del Proteoma</p> <p>³⁵/₁₇ Il Genoma Procariotico</p> <p>³⁵/₁₇ Il Genoma di Organelli</p> <p>³⁵/₁₇ Il Genoma Virale</p> <p>³⁵/₁₇ Il Genoma Eucariotico</p>			

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

SSD BIO/11	ANALISI FUNZIONALE DEI GENOMI			
	Curriculum Funzionale			
	<u>Prof. Guglielmo Rainaldi</u>			
Docente	Telefono: 080/5442240 Orario di ricevimento: LUNEDI 9.30 -10.30		e-mail: guglielmo.rainaldi@uniba.it Presso: Dip.to Bioscienze, Biotecnologie e Biofarmaceutica	
Attività	Lezioni frontali	Esercitazioni	Laboratorio	Totale
Crediti	2,5		0,5	3
Ore attività	20		6	26
Ore studio individuale	42,5		6,5	49
Pre-requisiti	<i>Conoscenza dei contenuti e delle tecniche di base della Biologia Molecolare</i>			
Obiettivi di Base	Approfondimento delle tecnologie di laboratorio per lo studio su larga scala dei genomi ed analisi del loro contenuto informativo.			
Obiettivi Formativi Disciplinari	Approfondimenti sulla funzionalità dei genomi tramite l'utilizzo di tecniche biomolecolari di ultima generazione			
Obiettivi Professionalizzanti	Saper operare nello studio ed analisi dei genomi procariotici, eucariotici e degli organelli mitocondriali e di cloroplasto.			
Contenuto	GENI E GENOMI. Caratteristiche dei genomi. La sequenza del cromosoma e la diversità. – Complessità e organizzazione dei genomi – I genomi vegetali – Il genoma umano. GENOMI DEGLI ORGANELLI Genomi mitocondriali animali e vegetali. - Genomi di Cloroplasto. MARCATORI MOLECOLARI RFLP - VNTR - RAPD - AFLP - SSR e Fingerprint - SNP STRUTTURA CROMATINA E EFFETTI SULLA ESPRESSIONE Il nucleosoma. – Strutture di ordine superiore della cromatina. – Regolazione della struttura della cromatina. – Assemblaggio e modificazioni dei nucleosomi. NEXT GENERATION SEQUENCING Piattaforme di sequenziamento di nuova generazione. – 454 della Roche. – Genome analyzer della Illumina – Solid dell' Applied Biosystem. GLI STRUMENTI PER L'ANALISI DELL'ESPRESSIONE GENICA <u>Espressione e localizzazione dell'RNA</u> - Trasfezione cellulare - Geni reporter - Mutagenesi in vitro - Northern blot - RNase protection assay - S1 protection assay - Primer Extension assay - RT-PCR - RACE 5' e RACE 3' - Real Time PCR – Oligo Capping – SAGE - Metodi di quantificazione – La tecnologia antisense - RNA interference - miRNA			

	<p>Analisi del trascrittoma – Screening differenziale – Ibridazione sottrattiva – Differential display – SAGE- Metodi basati sugli array: microarray e chip di DNA - Array di proteine. Espressione e localizzazione delle proteine - SDS PAGE – Western Blot – Analisi in situ – ELISA Analisi dell'interazione DNA - proteine - EMSA – Footprinting con DNasi – ChIP – Singolo ibrido di lievito Analisi dell'interazione proteine-proteine – Pull down – Doppio ibrido di lievito – Coimmunoprecipitazione. LA REGOLAZIONE DEL CICLO CELLULARE NEGLI EUCARIOTI Una panoramica sul ciclo cellulare – Il sistema di controllo del ciclo cellulare. LA REGOLAZIONE GENICA DURANTE LO SVILUPPO Strategie di regolazione dell'espressione genica differenziale durante lo sviluppo. – Esempi delle tre strategie utilizzate per stabilire l'espressione genica. – La biologia molecolare dell'embriogenesi di Drosophila.</p>	
Testi consigliati	ALBERTS AMALDI ALLISON BARCACCIA DALE LEWIN. NELSON E COX WATSON	L'essenziale di Biologia Molecolare della cellula Biologia Molecolare Fondamenti di Biologia Molecolare Genetica e Genomica Dai Geni ai Genomi Il gene 8 I principi di Biochimica di Lehninger Biologia molecolare del gene
Propedeuticità	Obbligatorie: nessuna	Consigliate: nessuna
Metodi di valutazione	Prova scritta NO	Colloquio orale SI (integrato)
Collocazione	Anno di Corso: I	Semestre: I