

FACOLTÀ	SCIENZE MM.FF.NN
ANNO ACCADEMICO	2012/2013
CORSO DI LAUREA MAGISTRALE	BIOLOGIA CELLULARE E MOLECOLARE
INSEGNAMENTO	Tecnologie Ricombinanti con Applicazioni di Bioinformatica
TIPO DI ATTIVITÀ	Caratterizzante
AMBITO DISCIPLINARE	Discipline del settore biomolecolare
CODICE INSEGNAMENTO	13906
ARTICOLAZIONE IN MODULI	NO
NUMERO MODULI	
SETTORI SCIENTIFICO DISCIPLINARI	BIO/11
DOCENTE RESPONSABILE	Ragusa Maria Antonietta Ricercatrice Università di Palermo
CFU	6
NUMERO DI ORE RISERVATE ALLO STUDIO PERSONALE	102
NUMERO DI ORE RISERVATE ALLE ATTIVITÀ DIDATTICHE ASSISTITE	48
PROPEDEUTICITÀ	Nessuna
ANNO DI CORSO	I
SEDE DI SVOLGIMENTO DELLE LEZIONI	Viale delle Scienze Ed.16
ORGANIZZAZIONE DELLA DIDATTICA	Lezioni frontali
MODALITÀ DI FREQUENZA	Obbligatoria
METODI DI VALUTAZIONE	Prova Orale
TIPO DI VALUTAZIONE	Voto in trentesimi
PERIODO DELLE LEZIONI	Secondo semestre
CALENDARIO DELLE ATTIVITÀ DIDATTICHE	Tutti i giorni dalle 10.30 alle 11.30
ORARIO DI RICEVIMENTO DEGLI STUDENTI	Tutti i giorni per appuntamento. maria.ragusa@unipa.it

RISULTATI DI APPRENDIMENTO ATTESI

Conoscenza e capacità di comprensione

Acquisizione di una preparazione scientifica avanzata a livello delle principali tecniche di biologia molecolare (classiche e innovative) e comprensione di strategie sperimentali complesse.

Comprensione dei lavori originali pubblicati nel campo della biologia molecolare capacità di formulare ipotesi e di programmare esperimenti per verificarle.

Capacità di consultare banche dati di sequenze di DNA e di utilizzare i principali programmi per lo studio delle sequenze genomiche e di cDNA.

Capacità di utilizzare il linguaggio specifico proprio del biologo molecolare.

Capacità di applicare conoscenza e comprensione

Acquisizione di approfondite competenze applicative per l'analisi biomolecolare, di tipo metodologico, tecnologico e strumentale, con riferimento a: metodo scientifico di indagine, strumenti informatici di supporto, tecniche di acquisizione e analisi dei dati.

Autonomia di giudizio

Acquisizione di consapevole autonomia di giudizio con riferimento alla valutazione, interpretazione e rielaborazione di dati di letteratura nel campo della biologia molecolare e della bioinformatica.

Abilità comunicative

Acquisizione di adeguate competenze e strumenti per la comunicazione con riferimento a: capacità di elaborare progetti di ricerca biomolecolare e capacità di illustrare i risultati della ricerca.

Capacità d'apprendimento

Acquisizione di adeguate capacità per lo sviluppo, l'approfondimento e l'aggiornamento continuo delle competenze, con riferimento alla consultazione delle pubblicazioni scientifiche proprie del settore biomolecolare e alla consultazione di banche dati.

OBIETTIVI FORMATIVI DEL MODULO

Gli obiettivi formativi del corso di "Tecnologie ricombinanti e applicazioni di bioinformatica" sono orientati verso il conseguimento di un livello di competenza che permetta allo studente di partecipare alla ricerca scientifica pertinente alla laurea specialistica.

Il corso verterà pertanto all'approfondimento delle conoscenze sulle metodologie classiche e moderne per lo studio della trascrizione genica: analisi delle interazioni DNA-proteina (EMSA, Footprinting, ChIp), analisi funzionale (Saggi di trasfezione, Geni reporter, Mutagenesi *in vitro*), analisi a livello della trascrizione dei geni: espressione e localizzazione dell'RNA (Northern blot, Ibridazione *in situ*, Saggio di protezione dalla RNasi, RT-PCR, Ibridazione sottrattiva).

Gli argomenti saranno trattati fornendo lavori originali contenenti applicazioni delle metodiche di biologia molecolare: dalla scoperta della TATA box e degli enhancers all'effetto della cromatina sulla trascrizione, il posizionamento nucleosomi, l'interazione promotore-enhancer e la struttura tridimensionale di un locus.

La seconda parte del corso fornirà gli strumenti per l'utilizzo della Bioinformatica e della biologia computazionale, quindi si approfondiranno: contenuto e organizzazione dei genomi, genomi sul Web, progetti di sequenziamento dei genomi; mappatura, sequenziamento, annotazione e database; la genomica nell'identificazione personale, annotazione dei geni codificanti proteine, allineamento di sequenze e alberi filogenetici, database di sequenze di acidi nucleici e altri database utili per la biologia molecolare, genome browser; la ricerca dei geni (ricerca in banche dati per similarità), identificazione di motivi sul DNA e album di regolatori della trascrizione.

Le attività formative proposte forniranno complessivamente adeguate competenze metodologiche tali da rendere lo studente in grado di pianificare in autonomia design sperimentali e valutare criticamente gli approcci metodologici più appropriati alla ricerca biomolecolare di base.

MODULO	TECNOLOGIE RICOMBINANTI CON APPLICAZIONI DI BIOINFORMATICA
ORE FRONTALI	LEZIONI FRONTALI
6	Metodologie classiche e moderne per lo studio della regolazione della trascrizione genica: Analisi delle interazioni DNA-proteina Saggio di spostamento della mobilità elettroforetica (EMSA) Footprinting con DNasi I Saggio di immunoprecipitazione della cromatina (ChIP)
6	Analisi funzionale Saggi di trasfezione transitoria e stabile Geni reporter Mutagenesi <i>in vitro</i>
6	Analisi a livello della trascrizione dei geni: espressione e localizzazione dell'RNA Northern blot Ibridazione <i>in situ</i>

	<p>Saggio di protezione dalla RNasi (RPA) Trascrizione inversa-PCR (RT-PCR) Ibridazione sottrattiva - differential display</p>
6	<p>Applicazione delle metodiche di biologia molecolare per: Scoperta della TATA box: Scoperta degli enhancers Fattori trascrizionali e identificazione dei loro siti bersaglio</p>
6	<p>Effetto della cromatina sulla trascrizione Posizionamento nucleo somi (Nucleasi micrococca HS site mapping) Modifiche post- traduzionali degli istoni e rimodellamento della cromatina (ChIP) Interazione promotore-enhancer Struttura tridimensionale di un locus (RNA- TRAP, Chromosome conformation capture)</p>
6	<p>Bioinformatica e biologia computazionale Contenuto e organizzazione dei genomi Genomi sul Web Genomi dello scimpanzé e dell'uomo Genomi del topo e del ratto Genomi di Drosophile, nematodi e riccio di mare come organismi modello Progetti di sequenziamento dei genomi Il progetto ENCODE</p> <p>Mappatura, sequenziamento, annotazione e database Sequenziamento automatizzato del DNA Moderne tecniche di sequenziamento e assemblaggio di sequenze</p> <p>Organizzazione di un progetto di sequenziamento su larga scala Sequenziamento gerarchico (o «BAC-to-BAC») del genoma Sequenziamento shotgun dell'intero genoma</p>
6	<p>Banche dati e annotazione di sequenze La genomica nell'identificazione personale Annotazione dei geni codificanti proteine Pattern matching: lo strumento fondamentale della bioinformatica Computer e informatica Allineamento di sequenze e alberi filogenetici Definizione dell'allineamento ottimale Metodi approssimati per lo screening rapido di database Pattern matching in strutture tridimensionali Sviluppo di database in biologia molecolare Database di sequenze di acidi nucleici Genome browser Database di sequenze proteiche Database di malattie genetiche: OMIM Database di strutture Database bibliografici</p>
6	<p>La ricerca dei geni La ricerca in banche dati per similarità I metodi: FASTA, BLAST, Ricerche con profili</p> <p>Interazioni proteina-DNA Motivi strutturali nel legame proteina-DNA e nel riconoscimento di sequenze. Motivi sul DNA Album di regolatori della trascrizione, Transfac, Jaspar</p>
TESTI CONSIGLIATI	<p>Weaver BIOLOGIA MOLECOLARE McGraw-Hill Arthur M. Lesk INTRODUZIONE ALLA GENOMICA Zanichelli Valle ed altri INTRODUZIONE ALLA BIOINFORMATICA Zanichelli Durante il corso verranno forniti articoli e monografie sugli argomenti svolti, nonché tutto il materiale informatico proposto durante il corso.</p>