



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI PALERMO

DIPARTIMENTO	Scienze e Tecnologie Biologiche, Chimiche e Farmaceutiche		
ANNO ACCADEMICO OFFERTA	2016/2017		
ANNO ACCADEMICO EROGAZIONE	2016/2017		
CORSO DILAUREA MAGISTRALE	BIOTECNOLOGIE PER L'INDUSTRIA E PER LA RICERCA SCIENTIFICA		
INSEGNAMENTO	GENOMICA FUNZIONALE		
TIPO DI ATTIVITA'	B		
AMBITO	50596-Discipline biologiche		
CODICE INSEGNAMENTO	08308		
SETTORI SCIENTIFICO-DISCIPLINARI	BIO/18		
DOCENTE RESPONSABILE	FEO SALVATORE	Professore Ordinario	Univ. di PALERMO
ALTRI DOCENTI			
CFU	6		
NUMERO DI ORE RISERVATE ALLO STUDIO PERSONALE	102		
NUMERO DI ORE RISERVATE ALLA DIDATTICA ASSISTITA	48		
PROPEDEUTICITA'			
MUTUAZIONI			
ANNO DI CORSO	1		
PERIODO DELLE LEZIONI	1° semestre		
MODALITA' DI FREQUENZA	Facoltativa		
TIPO DI VALUTAZIONE	Voto in trentesimi		
ORARIO DI RICEVIMENTO DEGLI STUDENTI	FEO SALVATORE Lunedì 12:00 14:00 Via Real Mastranza, Caltanissetta Martedì 10:00 12:00 Viale delle Scienze Dip. STEBICEF, Palermo Mercoledì 12:00 14:00 Via Real Mastranza, Caltanissetta Giovedì 10:00 12:00 Viale delle Scienze Dip. STEBICEF, Palermo		

DOCENTE: Prof. SALVATORE FEO

PREREQUISITI	Lo studente che accede a questo insegnamento deve possedere una buona conoscenza di genetica di base e biologia molecolare unitamente ad una buona comprensione dei principali processi cellulari che avvengono nelle cellule procariote ed eucariote
RISULTATI DI APPRENDIMENTO ATTESI	<p>Conoscenza e capacita' di comprensione: acquisire conoscenze teoriche nel campo della Genomica, ovvero sull'organizzazione, evoluzione e funzione dei genomi, e della Proteomica, come complesso dell'espressione dei geni coinvolti nella regolazione dei processi biologici, a livello molecolare e cellulare.</p> <p>Capacita' di applicare conoscenza e comprensione: l'utilizzo e l'applicazioni di metodiche sperimentali e conoscenze bioinformatiche specifiche per l'analisi e la manipolazione di genomi, singoli geni e proteine.</p> <p>Autonomia di giudizio: essere in grado di lavorare autonomamente, anche assumendo responsabilita' di gestione di progetti di ricerca.</p> <p>Abilita' comunicative: avere una buona conoscenza, in forma scritta ed orale, della lingua inglese con specifico riferimento alla terminologia tecnica tipica della materia.</p> <p>Capacita' d'apprendimento: Capacita' di effettuare ricerche in rete, consultare ed estrarre informazioni da banche dati. Analizzare in maniera critica la letteratura scientifica ed estrapolare delle proprie conclusioni</p>
VALUTAZIONE DELL'APPRENDIMENTO	<p>Le prove che concorrono alla valutazione dello studente sono: due prove scritte semi-strutturate (una da svolgersi a meta' corso "prova in itinere" e una alla fine del corso) e una presentazione orale in power point da effettuare in aula alla fine del corso su un argomento concordato con il docente. Le prove scritte, ciascuna di 90 minuti, consistono di trenta domande a risposta multipla e cinque a risposta aperta.</p> <p>Il superamento di ciascuna delle due prove a quiz si ottiene con un minimo di 18 risposte esatte. Il voto finale in trentesimi sara' dato dall'insieme delle valutazioni ottenute nelle due prove scritte e nella presentazione orale.</p> <p>Lo studente che rinuncia a sostenere o non supera almeno una delle due prove scritte dovra' sostenere un esame orale sull'intero programma e dovra, comunque, fare la presentazione orale.</p> <p>Le verifiche descritte sopra mirano a valutare se lo studente abbia acquisito conoscenza e comprensione degli argomenti, abbia acquisito competenza interpretativa e autonomia di giudizio e sia in possesso di un'adeguata capacita' analitica ed espositiva. L'esame e' superato con la votazione di 18, che corrisponde al possesso delle minime conoscenze dei contenuti dell'insegnamento limitate agli argomenti principali. Votazioni progressivamente superiori verranno assegnate sulla base della preparazione e abilita' mostrate dallo studente nello svolgimento delle suddette prove.</p>
OBIETTIVI FORMATIVI	Il corso mira a fornire allo studente informazioni teoriche di base sulla struttura, sull'evoluzione ed organizzazione dei genomi, sull'espressione genica e la codificazione e modificazione delle proteine, collegandole a specifiche applicazioni impiegate per lo studio del singolo gene o dell'intero genoma, enfatizzando sulla diversa prospettiva ed ambiti applicativi dei due approcci metodologici.
ORGANIZZAZIONE DELLA DIDATTICA	Lezioni frontali ed esercitazioni bioinformatiche in aula
TESTI CONSIGLIATI	<ul style="list-style-type: none"> - G Gibson, S.V. Muse, Introduzione alla Genomica, Zanichelli - G. A. Caldwell et al., Genomica integrata, Ed. Edises - Articoli ed altro materiale monografico in lingua inglese verra' fornito dal docente durante il corso.

PROGRAMMA

ORE	Lezioni
4	Introduzione al corso. Principi dell'analisi genetica. Organismi modello e organizzazione dei loro genomi: Lievito, Drosophila, Caenorhabditis, Arabidopsis, Topo. Utilizzo banche dati genomici: Flybase, Wormbase, TAIR e MGI.
12	Metodologie per l'analisi globale dei genomi e della loro plasticita' (aCGH, ChIP-on-ChIP, exoma, sequenziamento, etc.). La tecnologia dei microarrays: microarray per lo studio degli SNPs, dell'espressione globale (mRNA e miRNA), dei CNV e per le interazioni DNA-proteina. I database di espressione genica e l'analisi statistica dei dati. Loro applicazione nello studio dei tumori.
10	Evoluzione dei genomi eucariotici. Meccanismi di evoluzione del genoma: duplicazione genica, intera duplicazione del genoma, elementi trasponibili, mutazione, pseudogeni, exon mischiare, riduzione del genoma e la perdita di geni, evoluzione del genoma e speciazione. Sistemi di classificazione per i geni, la struttura e la funzione, le famiglie geniche.
10	Produzione di proteine ricombinanti in cellule eucariotiche. Sistemi di espressione in lievito. Sistemi di espressione in cellule di insetto: i baculovirus, ciclo vitale, vettori navetta, purificazione proteine ricombinanti. Manipolazione delle proteine, tecniche di mutagenesi "in vitro" e "in vivo"

ORE	Esercitazioni
12	Computational Systems Biology. Sara' fornita una panoramica e verranno discusse le piu' recenti risorse bioinformatiche disponibili sul web rilevanti per indagini di genomica funzionale. Queste includeranno: i genome browser (EMBL-EBI-Ensembl, NCBI-Genome, UCSC-encode), tools per l'annotazione di geni e proteine (GenCards), data repository di microarray/sequenze (NCBI-GEO, EMBL-EBI-Array Express) e analisi di pathway (DAVID, WEBGESTALT). Verranno, inoltre, fornite istruzioni sull'utilizzo di tools per l'integrazione dei dati per la costruzione di network regolativi e la modellizzazione dei dati.