



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 | BIODIVERSITA' E BIOLOGIA AMBIENTALE | | |
| INSEGNAMENTO | GENETICA E GENOMICA C.I. | | |
| CODICE INSEGNAMENTO | 18619 | | |
| MODULI | Si | | |
| NUMERO DI MODULI | 2 | | |
| SETTORI SCIENTIFICO-DISCIPLINARI | BIO/03, BIO/18 | | |
| DOCENTE RESPONSABILE | FEO SALVATORE | Professore Ordinario | Univ. di PALERMO |
| ALTRI DOCENTI | FEO SALVATORE | Professore Ordinario | Univ. di PALERMO |
| | PALLA FRANCO | Professore Associato | Univ. di PALERMO |
| CFU | 12 | | |
| PROPEDEUTICITA' | | | |
| MUTUAZIONI | | | |
| ANNO DI CORSO | 1 | | |
| PERIODO DELLE LEZIONI | 2° semestre | | |
| MODALITA' DI FREQUENZA | Facoltativa | | |
| TIPO DI VALUTAZIONE | Voto in trentesimi | | |
| ORARIO DI RICEVIMENTO DEGLI STUDENTI | <p>FEO SALVATORE</p> <p>Lunedì 12:00 14:00 Via Real Mastranza, Caltanissetta</p> <p>Martedì 10:00 12:00 Viale delle Scienze Dip. STEBICEF, Palermo</p> <p>Mercoledì 12:00 14:00 Via Real Mastranza, Caltanissetta</p> <p>Giovedì 10:00 12:00 Viale delle Scienze Dip. STEBICEF, Palermo</p> <p>PALLA FRANCO</p> <p>Lunedì 15:00 17:00 Studio del docente, Dipartimento STEBICEF - Sez Botanica ed Ecologia vegetale, via Archirafi 38 - I piano, 90123 Palermo</p> <p>Mercoledì 15:00 17:00 Studio del docente, Dipartimento STEBICEF - Sez Botanica ed Ecologia vegetale, via Archirafi 38 - I piano, 90123 Palermo</p> <p>Venerdì 14:00 16:00 Studio del docente, Dipartimento STEBICEF - Sez Botanica ed Ecologia vegetale, via Archirafi 38 - I piano, 90123 Palermo</p> | | |

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: Comprensione degli eventi molecolari alla base dell'evoluzione degli acidi nucleici e delle proteine; accesso ai loro metodi di studio attraverso le banche dati. Capacita' di comprendere come usare Famiglie di Geni, RNA e Proteine come modelli per lo studio dell'evoluzione e della biodiversita.</p> <p>Capacita' di applicare conoscenza e comprensione: Il corso si propone di rendere lo studente capace di assimilare e rielaborare in modo critico le conoscenze acquisite, finalizzate a comprenderne la logica molecolare.</p> <p>Autonomia di giudizio: Gli studenti sono guidati ad apprendere in maniera critica e responsabile tutto cio' che viene spiegato loro in aula e ad arricchire le proprie capacita' di giudizio attraverso la lettura e la discussione di pubblicazioni su riviste altamente qualificate su problemi scientifici di larga diffusione mediatica per potere meglio elaborare e maturare lo sviluppo della disciplina e affrontare problemi scientifici.</p> <p>Abilita' comunicative: Il corso si prefigge di sviluppare la capacita' dello studente di esporre in modo chiaro e rigoroso, le conoscenze acquisite. Al termine del corso lo studente deve essere in grado di enunciare in modo corretto e con lessico adeguato definizioni, problemi e meccanismi riguardanti i contenuti del corso stesso.</p> <p>Capacita' d'apprendimento: La capacita' di apprendimento sara' monitorata durante tutto lo svolgimento del corso attraverso la discussione partecipata in aula e le prove in itinere. Il corso si prefigge di sviluppare capacita' di apprendimento per intraprendere studi di livello superiore e acquisire strumenti e strategie per l'ampliamento delle proprie conoscenze nell'ambito delle discipline biologiche utili per promuovere e sviluppare attivita' di ricerca.</p> |
| VALUTAZIONE DELL'APPRENDIMENTO | <p>Le prove che concorrono alla valutazione dello studente sono: una prove scritta semi-strutturate (da svolgersi a meta' corso "prova in itinere") e una presentazione orale in power point da effettuare in aula alla fine del corso su un argomento concordato con il docente. Il voto finale in trentesimi sara' dato dall'insieme delle valutazioni ottenute nella prova scritta e nella 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> |
| ORGANIZZAZIONE DELLA DIDATTICA | Lezioni frontali, esercitazioni in aula, |

**MODULO
APPLICAZIONI MOLECOLARI E OGM**

Prof. FRANCO PALLA

TESTI CONSIGLIATI

Browwn T.A. 2002 Genomi, II edizione. EdiSES
 Lesk A.M. 2009. Introduzione alla genomica Zanichelli
 Watson J.D. et al 2009. Biologia Molecolare del gene. Zanichelli
 Dale J. W. 2008 – Dai Geni ai Genomi, II edizione. EdiSES
 Dispense (cartacee e informatizzate) e pubblicazioni scientifiche fornite dal docente.
 Struttura del DNA genomico in sistemi procariotici ed eucariotici.

| | |
|--|--|
| TIPO DI ATTIVITA' | B |
| AMBITO | 50506-Discipline del settore biodiversità e ambiente |
| NUMERO DI ORE RISERVATE ALLO STUDIO PERSONALE | 98 |
| NUMERO DI ORE RISERVATE ALLE ATTIVITA' DIDATTICHE ASSISTITE | 52 |

OBIETTIVI FORMATIVI DEL MODULO

Obiettivo del corso e' di fornire allo studente opportune conoscenze per comprendere la struttura del DNA genomico (cellulare, mitocondriale, cloroplastico), per identificare e definire le porzioni utili per la identificazione molecolare degli individui, per la realizzazione di dendrogrammi e alberi filogenetici Lezioni teoriche sono svolte valutando e scegliendo i protocolli tecnologici adeguati allo studio del DNA genomico e allo studio delle omologie di sequenze del DNA. Sono esaminate criticamente le possibili applicazioni e l'utilizzo di protocolli metodologici per la realizzazione di organismi geneticamente modificati di origine vegetale. Il loro impatto sull'ambiente e sulla salute dell'uomo e degli animali, considerando anche gli insetti no-target, e' valutato alla luce delle implementazioni nella sicurezza e del crescente numero di eventi OGM disponibili. Durante le esercitazioni sono utilizzati i protocolli tecnologici inerenti le tematiche affrontate durante le lezioni frontali.

PROGRAMMA

| ORE | Lezioni |
|------------|---|
| 2 | Struttura del DNA genomico in sistemi procariotici ed eucariotici. |
| 6 | Genoma nucleare, mitocondriale, cloro plastico. Trascrizione genica |
| 4 | Analisi del genoma, loci, marcatori molecolari (ITS, ISSR, CYO, rcbL) |
| 2 | Organismi e Microrganismi Geneticamente Modificati (OGM-MOGM) |
| 6 | L'ingegneria genetica delle piante: metodologie e applicazione Coltura in vitro di cellule vegetali Selezione e analisi di piante transgeniche Arabidopsis thaliana |
| 4 | Estrazione del DNA genomico da tessuti vegetali , mediante protocolli da laboratorio e kit commerciali, facilitazioni e problemi correlati. |
| 4 | Metodologie per la rivelazione di eventi OGM in alimenti per l'uomo (prodotti per l'infanzia, farine di mais e soia) e per gli animali (mangimi semplici e composti). |
| 2 | PCR quantitativa fluorescente (protocollo Syber green, Taqman) |
| 4 | Sequenziamento del DNA metodo Sanger, Next generation sequencing, Pyrosequencing |
| 4 | OGM e potenziali rischi per la biodiversita |
| 2 | Effetto delle piante OGM su insetti non-target |
| ORE | Esercitazioni |
| 3 | Preparazione dei tessuti vegetali: foglie, semi, farine, mangimi. Estrazione del DNA genomico da matrici vegetali. Estrazione del DNA genomico da tessuti animali: insetti Estrazione DNA genomico da cellule microbiche. |
| 2 | Risoluzione e quantificazione del DNA genomico mediante gel elettroforesi. Spettrofotometro, Nano-drop. |
| 4 | Definizione di specifiche sequenze bersaglio dei genomi nucleare, mitocondriale, cloro plastico Amplificazione in vitro dei marcatori molecolari, specifici per i genomi di cellule eucariotiche (animali, vegetali) e procariotiche. Analisi delle sequenze e dei profili elettroforetici. Stesura di dendrogrammi e alberi filogenetici |
| 3 | "Test amplificabilita' del DNA". PCR e PCR multiplex per la rivelazione di eventi transgenici in matrici vegetali-animali. |

**MODULO
APPLICAZIONI DI GENETICA**

Prof. SALVATORE FEO

TESTI CONSIGLIATI

P. Meneely - Analisi Genetica Avanzata - McGraw-Hill
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.

| | |
|--|--|
| TIPO DI ATTIVITA' | B |
| AMBITO | 50507-Discipline del settore biomolecolare |
| NUMERO DI ORE RISERVATE ALLO STUDIO PERSONALE | 98 |
| NUMERO DI ORE RISERVATE ALLE ATTIVITA' DIDATTICHE ASSISTITE | 52 |

OBIETTIVI FORMATIVI DEL MODULO

Obiettivo del modulo di Applicazioni di genetica e' fornire conoscenze ed informazioni sulla struttura ed organizzazione dei genomi per definire le relazioni filogenetiche tra diversi organismi, la loro storia evolutiva ed i meccanismi molecolari alla base dell'evoluzione.

PROGRAMMA

| ORE | Lezioni |
|------------|--|
| 6 | 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. |
| 10 | 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. |
| 8 | Genomica comparativa e filogenesi molecolare: alberi filogenetici basati sulla comparazione di sequenze di DNA e proteine. Applicazione della filogenesi molecolare: le origini genetiche dell'uomo moderno; tecniche di sequenziamento del DNA antico, NGS (New generation sequencing) . La metagenomica, gli EGT (Environmental gene tags). |
| 12 | 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. |
| 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. |