



# UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI PALERMO

<b>DIPARTIMENTO</b>	Scienze e Tecnologie Biologiche, Chimiche e Farmaceutiche		
<b>ANNO ACCADEMICO OFFERTA</b>	2021/2022		
<b>ANNO ACCADEMICO EROGAZIONE</b>	2021/2022		
<b>CORSO DILAUREA MAGISTRALE</b>	BIOTECNOLOGIE PER L'INDUSTRIA E PER LA RICERCA SCIENTIFICA		
<b>INSEGNAMENTO</b>	GENOMICA FUNZIONALE		
<b>TIPO DI ATTIVITA'</b>	B		
<b>AMBITO</b>	50596-Discipline biologiche		
<b>CODICE INSEGNAMENTO</b>	08308		
<b>SETTORI SCIENTIFICO-DISCIPLINARI</b>	BIO/18		
<b>DOCENTE RESPONSABILE</b>	FEO SALVATORE	Professore Ordinario	Univ. di PALERMO
<b>ALTRI DOCENTI</b>			
<b>CFU</b>	6		
<b>NUMERO DI ORE RISERVATE ALLO STUDIO PERSONALE</b>	102		
<b>NUMERO DI ORE RISERVATE ALLA DIDATTICA ASSISTITA</b>	48		
<b>PROPEDEUTICITA'</b>			
<b>MUTUAZIONI</b>			
<b>ANNO DI CORSO</b>	1		
<b>PERIODO DELLE LEZIONI</b>	1° semestre		
<b>MODALITA' DI FREQUENZA</b>	Facoltativa		
<b>TIPO DI VALUTAZIONE</b>	Voto in trentesimi		
<b>ORARIO DI RICEVIMENTO DEGLI STUDENTI</b>	<b>FEO SALVATORE</b> 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

<b>PREREQUISITI</b>	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
<b>RISULTATI DI APPRENDIMENTO ATTESI</b>	<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>
<b>VALUTAZIONE DELL'APPRENDIMENTO</b>	<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.</p> <p>Per l'assegnazione del voto finale sarà utilizzato il seguente criterio di valutazione:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>- Eccellente: 30 - 30 e Lode</li></ul> <p>Esito: ottima conoscenza degli argomenti, ottima proprieta' di linguaggio, buona capacita' analitica, lo studente e' in grado di applicare le conoscenze per risolvere i problemi proposti</p> <ul style="list-style-type: none"><li>- Molto buono: 26-29</li></ul> <p>Esito: buona conoscenza degli argomenti, piena proprieta' di linguaggio, buona capacita' analitica, lo studente e' in grado di applicare le conoscenze per risolvere i problemi proposti</p> <ul style="list-style-type: none"><li>- Buono: 24-25</li></ul> <p>Esito: discreta conoscenza degli argomenti, buona proprieta' di linguaggio, limitata capacita' di applicare in maniera autonoma le conoscenze per risolvere i problemi proposti</p> <ul style="list-style-type: none"><li>- Soddisfacente: 21-23</li></ul> <p>Esito: il candidato non ha piena padronanza degli argomenti principali ma ne possiede le conoscenze, soddisfacente proprieta' di linguaggio, scarsa capacita' di applicare autonomamente le conoscenze acquisite per la risoluzione dei problemi</p> <ul style="list-style-type: none"><li>- Sufficiente: 18-20</li></ul> <p>Esito: conoscenza di base degli argomenti principali e del linguaggio tecnico, scarsa o nulla capacita' di applicare autonomamente le conoscenze acquisite</p> <ul style="list-style-type: none"><li>- Insufficiente</li></ul> <p>Esito: il candidato non possiede una conoscenza accettabile degli argomenti trattati durante il corso</p>
<b>OBIETTIVI FORMATIVI</b>	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.
<b>ORGANIZZAZIONE DELLA DIDATTICA</b>	Lezioni frontali in aula
<b>TESTI CONSIGLIATI</b>	<ul style="list-style-type: none"><li>- J. Pevsner: Bioinformatics and Functional Genomics, Wiley Blackwell 2015, ISBN: 978-1-118-58178-0</li><li>- T. Strachan, A. Read: Genetica Molecolare Umana, Zanichelli 2021, ISBN: 9788808520302</li><li>- Articoli ed altro materiale monografico in lingua inglese verra' fornito dal docente durante il corso.</li></ul>

- J. Pevsner: Bioinformatics and Functional Genomics, Wiley Blackwell 2015, ISBN: 978-1-118-58178-0  
 - T. Strachan, A. Read: Human Molecular Genetics, CRC Press 2018, ISBN: 9780429827471  
 - Articles and other monographic material in english will be provided by the teacher during the course.

### 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"
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.