



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI PALERMO

DIPARTIMENTO	Biomedicina, Neuroscienze e Diagnostica avanzata		
ANNO ACCADEMICO OFFERTA	2021/2022		
ANNO ACCADEMICO EROGAZIONE	2021/2022		
CORSO DILAUREA MAGISTRALE	BIOTECNOLOGIE MEDICHE E MEDICINA MOLECOLARE		
INSEGNAMENTO	METODOLOGIE PROTEOMICHE E BIOINFORMATICA - C.I.		
CODICE INSEGNAMENTO	19367		
MODULI	Si		
NUMERO DI MODULI	2		
SETTORI SCIENTIFICO-DISCIPLINARI	BIO/13, ING-INF/05		
DOCENTE RESPONSABILE	VITABILE SALVATORE	Professore Ordinario	Univ. di PALERMO
ALTRI DOCENTI	VITABILE SALVATORE	Professore Ordinario	Univ. di PALERMO
	FONTANA SIMONA	Professore Associato	Univ. di PALERMO
CFU	9		
PROPEDEUTICITA'			
MUTUAZIONI			
ANNO DI CORSO	1		
PERIODO DELLE LEZIONI	1° semestre		
MODALITA' DI FREQUENZA	Obbligatoria		
TIPO DI VALUTAZIONE	Voto in trentesimi		
ORARIO DI RICEVIMENTO DEGLI STUDENTI	FONTANA SIMONA Giovedì 15:30 16:30 Dipartimento di Biomedicina, Neuroscienze e Diagnostica avanzata, Sezione di Biologia e Genetica - Via Divisi, 83. A causa di possibili altri impegni istituzionali o riunioni di lavoro potrebbe non essere possibile ricevere gli studenti nel giorno e alle ore indicate. Per questo è preferibile comunque fissare un appuntamento via e-mail.		
	VITABILE SALVATORE Lunedì 16:30 18:30 Piattaforma Microsoft Teams, Dipartimento di Biomedicina, Neuroscienze e Diagnostica avanzata, Plesso di Radiologia – 1° piano, Stanza n. 108.		

PREREQUISITI	I prerequisiti richiesti riguardano la conoscenza approfondita della struttura e della funzione di acidi nucleici e proteine e dei processi molecolari ad essi correlati (replicazione, trascrizione e traduzione).
RISULTATI DI APPRENDIMENTO ATTESI	Conoscenza e capacita' di comprensione – Lo studente deve conoscere e comprendere: (1) le basi teoriche dei principali approcci sperimentali per l'analisi della struttura, della funzione e della regolazione delle proteine; (2) il significato biologico-molecolare dell'analisi spazio-temporale dell'espressione proteica; (3) le principali metodologie utilizzate nell'ambito degli studi proteomici. (4) gli strumenti informatici applicati all'analisi delle informazioni genetiche e proteiche sperimentali e le procedure per il loro utilizzo. (5) l'organizzazione e le metodologie di accesso, ricerca e analisi delle informazioni presenti nelle banche dati biologiche (6) le tecniche di allineamento, semplici e multiple, di sequenze geniche e proteiche. Capacita' di applicare conoscenza e comprensione - L'apprendimento e la capacita' di applicare conoscenza da parte dello studente saranno finalizzati alla possibilita' di sviluppare competenze adeguate in campo bioinformatico e di applicazione di tecnologie avanzate per lo studio del proteoma. Autonomia di giudizio - L'attivita' didattica del corso sara' tale da favorire la capacita' di analisi e sintesi per la formazione di un pensiero critico e autonomo affinche, in funzione di un determinato obiettivo sperimentale, lo studente sia in grado di scegliere le tecniche di analisi proteomica e le tecniche informatiche per l'analisi di dati biologici piu' idonee. Abilita' comunicative - Durante il corso verra' sottolineata l'importanza di saper comunicare in maniera comprensibile, anche a non esperti, il significato delle strategie di analisi proteomica, i campi di applicazione delle tecniche sperimentali e delle procedure bioinformatiche studiate. Capacita' d'apprendimento – Il corso sara' strutturato in modo da sviluppare le competenze necessarie per intraprendere studi successivi in ambito biotecnologico attraverso l'applicazione di strategie proteomiche e di analisi bioinformatiche.
VALUTAZIONE DELL'APPRENDIMENTO	La valutazione prevede una prova finale orale che consiste in un colloquio volto ad accertare sia la conoscenza e la piena comprensione delle tematiche affrontate nel corso sia le capacita' espositive ed elaborative del candidato. E' prevista anche una prova al calcolatore per verificare la capacita' di selezionare e utilizzare le risorse contenute nelle banche dati biologiche digitali. La valutazione e' in trentesimi. Per superare l'esame, l'esaminando deve ottenere un voto finale complessivo compreso tra 18 e 30. Per l'attribuzione del voto l'esaminando dovra' rispondere a minimo tre domande poste oralmente riguardanti gli argomenti del programma, con riferimento al materiale didattico fornito dal docente e/o ai testi consigliati. La verifica finale mira a valutare, in merito agli argomenti del programma, il livello di conoscenza e comprensione raggiunto dall'esaminando, cosi' come l'acquisizione da parte dello stesso di competenza interpretativa e autonomia di giudizio per la realizzazione di appropriate procedure sperimentali nell'ambito della proteomica e nell'ambito della bioinformatica. La soglia della sufficienza sara' raggiunta quando lo studente mostrera' conoscenza e comprensione degli argomenti almeno nelle linee generali e dara' prova di aver acquisito competenze minime relative all'applicazione appropriata delle tecniche proteomiche e bioinformatiche finalizzate alla realizzazione di specifici esempi di studi sperimentali; dovra' ugualmente possedere capacita' espositive e argomentative tali da consentire la trasmissione delle sue conoscenze all'esaminatore. Al di sotto di tale soglia, l'esame risultera' insufficiente. Quanto piu, invece, l'esaminando con le sue capacita' argomentative ed espositive riuscirà a interagire con l'esaminatore, e quanto piu' emergeranno le sue conoscenze e capacita' per l'utilizzo piu' appropriato delle tecniche per lo svolgimento di studi proteomici e di analisi automatica di dati biologici, tanto piu' la valutazione sara' positiva.
ORGANIZZAZIONE DELLA DIDATTICA	La didattica comprende sia lezioni frontali, che si svolgono in aula con l'ausilio di slide ed altri materiali didattici, sia esercitazioni pratiche che si svolgono in laboratorio e in aula informatica.

**MODULO
FONDAMENTI DI BIOINFORMATICA**

Prof. SALVATORE VITABILE

TESTI CONSIGLIATI

Arthur M. Lesk; Introduzione alla Bioinformatica; ISBN: 8838661901; McGraw-Hill Education
Arthur M. Lesk; Introduction to Bioinformatics; Fifth Edition; ISBN: 9780198794141; Oxford University Press

TIPO DI ATTIVITA'	C
AMBITO	20885-Attività formative affini o integrative
NUMERO DI ORE RISERVATE ALLO STUDIO PERSONALE	51
NUMERO DI ORE RISERVATE ALLE ATTIVITA' DIDATTICHE ASSISTITE	24

OBIETTIVI FORMATIVI DEL MODULO

Il corso si pone l'obiettivo di far conoscere i concetti e i metodi fondamentali in bioinformatica, una disciplina che può essere vista come l'intersezione tra biologia e informatica. Il corso offre una panoramica piuttosto ampia di concetti che includono l'organizzazione e le metodologie di accesso e di ricerca in banche dati biologiche, le tecniche di allineamento a coppie e multiple di sequenze geniche e proteiche, i più comuni strumenti accessibili on-line per l'allineamento semplice e multiplo di sequenze, le tecniche di analisi delle immagini di microarray. La parte finale del corso mira a far conoscere un metodo informatico di applicazione generale che si ispira ai principi della biologia: le reti neurali artificiali.

PROGRAMMA

ORE	Lezioni
4	Introduzione al Corso; Rappresentazione e codifica dell'informazione; File e immagini; Basi di Dati.
2	Organizzazione e struttura delle Banche Dati Biologiche.
2	Tecniche di allineamento di coppie di sequenze.
2	BLAST: Basic Local Alignment Search Tool
2	Tecniche di Allineamento Multiplo di sequenze; Clustal Omega.
2	Tecniche di analisi delle immagini di microarray.
2	Introduzione alle Reti Neurali Artificiali.

ORE	Esercitazioni
4	Tecniche di Ricerca in Banche Dati Biologiche.
4	Allineamento di Sequenze.

MODULO METODOLOGIE PROTEOMICHE

Prof.ssa SIMONA FONTANA

TESTI CONSIGLIATI

Proteomica -T. Alberio, M. Fasano, P. Roncada - EdiSES - Ed. I/2021 - ISBN9788836230495
Selezione di articoli scientifici in lingua Inglese

TIPO DI ATTIVITA'	B
AMBITO	50644-Discipline biotecnologiche comuni
NUMERO DI ORE RISERVATE ALLO STUDIO PERSONALE	102
NUMERO DI ORE RISERVATE ALLE ATTIVITA' DIDATTICHE ASSISTITE	48

OBIETTIVI FORMATIVI DEL MODULO

Gli obiettivi formativi del modulo sono due: 1) far comprendere agli studenti il significato biologico-molecolare dell'analisi spazio-temporale dell'espressione proteica. 2) Fornire agli studenti le conoscenze teoriche di base delle metodologie proteomiche (elettroforesi e spettrometria di Massa), i principi chimico-fisici su cui si basano e presentare gli sviluppi applicativi più recenti.

PROGRAMMA

ORE	Lezioni
2	Introduzione allo studio del proteoma: proteomica di espressione e funzionale, strategie di analisi proteomica.
8	Tecniche proteomiche: approccio basato su gel e approcci shotgun. Approccio basato su gel: •elettroforesi bidimensionale 2D-IPG: dalla preparazione del campione all'analisi della mappa bidimensionale •metodi per l'identificazione di proteine da mappe proteomiche: microsequenziamento N-terminale; tecniche di spettrometria di massa (MALDI-TOF ed ESI-LC-MS/MS). Analisi PMF (Peptide Mass Fingerprinting) e di massa tandem (MS/MS)
3	Approcci shot-gun: •LC-MS/MS •MudPIT •SELDI-TOF •ICAT
2	Caratterizzazione delle modifiche post-traduzionali (PTMs) mediante analisi MS.
2	Disegno sperimentale di uno studio proteomica basato su gel: analisi statistica dei dati (univariata e multivariata). Analisi critica di un articolo scientifico.
4	Bioinformatica e sviluppo ed utilizzo delle banche dati. Biologia dei Sistemi.
3	Applicazioni della proteomica: 1.Caratterizzazione di un fenotipo cellulare: Il fenotipo staminale
2	Studi proteomici sul fenotipo staminale
2	Applicazioni della proteomica: 2.Proteomica clinica: significato ed utilizzo dei marcatori biologici
2	Analisi critica di un articolo scientifico di proteomica clinica.
2	Farmacogenomica, farmacoproteomica e la medicina personalizzata.
ORE	Laboratori
4	Differenze tra il metodo "data-dependet acquisition"(DDA) e il metodo "data independet acquisition"(DIA). Discovery e targeted proteomics. Significato dell'analisi SWATH.
6	Descrizione e osservazione di un sistema di spettrometria di massa accoppiato a un sistema nano-LC: Triplo TOF 5600+. Calibrazione del sistema
6	Analisi bioinformatica dei dati di spettrometria di massa. Uso di software specializzati per l'identificazione di proteine (discovery proteomics) e per l'analisi quantitativa (targeted proteomics)