



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI PALERMO

DIPARTIMENTO	Scienze e Tecnologie Biologiche, Chimiche e Farmaceutiche		
ANNO ACCADEMICO OFFERTA	2022/2023		
ANNO ACCADEMICO EROGAZIONE	2022/2023		
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/18, BIO/03		
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	9		
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	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 PALLA FRANCO Lunedì 15:00 17:00 Studio del docente, Dipartimento STEBICEF - Sez Botanica ed Ecologia vegetale, via Archirafi 38 - I piano, 90123 Palermo Mercoledì 15:00 17:00 Studio del docente, Dipartimento STEBICEF - Sez Botanica ed Ecologia vegetale, via Archirafi 38 - I piano, 90123 Palermo Venerdì 14:00 16:00 Studio del docente, Dipartimento STEBICEF - Sez Botanica ed Ecologia vegetale, via Archirafi 38 - I piano, 90123 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: 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.</p> <p>Per l'assegnazione del voto finale sarà utilizzato il seguente criterio di valutazione:</p> <ul style="list-style-type: none">- Eccellente: 30 - 30 e Lode 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- Molto buono: 26-29 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- Buono: 24-25 Esito: discreta conoscenza degli argomenti, buona proprieta' di linguaggio, limitata capacita' di applicare in maniera autonoma le conoscenze per risolvere i problemi proposti- Soddisfacente: 21-23 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- Sufficiente: 18-20 Esito: conoscenza di base degli argomenti principali e del linguaggio tecnico, scarsa o nulla capacita' di applicare autonomamente le conoscenze acquisite- Insufficiente Esito: il candidato non possiede una conoscenza accettabile degli argomenti trattati durante il corso.
ORGANIZZAZIONE DELLA DIDATTICA	Lezioni frontali, esercitazioni in aula,

**MODULO
APPLICAZIONI MOLECOLARI E OGM**

Prof. FRANCO PALLA

TESTI CONSIGLIATI

Browwn T.A. (2016) Biotecnologie molecolari-II edizione. Zanichelli (ISBN 978-88-08-32096-4)
 Dale J., von Schantz M. (2008) dai Geni ai Genomi, III edizione – EdiSES (ISBN 978-88-7959-473-8)
 Cox M., Nelson D.(2018) Principi di Biochimica di Lehninger -VII ed. Zanichelli (ISBN 978-88-08-92069-0)
 Watson J.D. et al (2009). Biologia Molecolare del gene, VI edizione. Zanichelli (ISBN 978-88-08-16412-4)
 Palla F & Barresi G. (2022) Biotechnology and Conservation of Cultural Heritage - 2nd edition - Springer (ISBN 978-3-030-97584-5) Dispense (cartacee e multimediali), video tematici (Jove) e pubblicazioni scientifiche fornite dal docente.

TIPO DI ATTIVITA'	C
AMBITO	20879-Attività formative affini o integrative
NUMERO DI ORE RISERVATE ALLO STUDIO PERSONALE	47
NUMERO DI ORE RISERVATE ALLE ATTIVITA' DIDATTICHE ASSISTITE	28

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. Genomi: nucleare, mitocondriale, cloroplastico.
3	Analisi del genoma, loci, marcatori molecolari (ITS, ISSR, CYO, rcbL)
2	Organismi e Microrganismi Geneticamente Modificati (OGM-MOGM). L'ingegneria genetica in piante. Coltura in vitro di cellule vegetali, Selezione e analisi di piante transgeniche, Arabdopsis thaliana
3	Metodologie per la rivelazione di eventi OGM in alimenti per l'uomo e (farine di mais e soia) e per gli animali (mangimi semplici e composti).
2	PCR quantitativa fluorescente (protocollo Syber green, Taqman). Sequenziamento del DNA metodo Sanger, Next generation sequencing, Pyrosequencing
2	Protocolli tecnici per il Sequenziamento del DNA: metodo Sanger, Pyrosequencing Piattaforma BLAST
2	Piante resistenti agli insetti. Effetto delle piante OGM su insetti non-target, effetti sulla biodiversita

ORE	Esercitazioni
4	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.
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
4	"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

- J. Pevsner: Bioinformatics and Functional Genomics, Wiley Balckwell 2015, ISBN: 978-1-118-58178-0
 - T. Strachan, A. Read: Genetica Molecolare Umana, Zanichelli 2021, ISBN: 9788808520302
 - Articoli ed altro materiale monografico in lingua inglese verra' fornito dal docente durante il corso.

- J. Pevsner: Bioinformatics and Functional Genomics, Wiley Balckwell 2015, ISBN: 978-1-118-58178-0
 - T. Strachan, A. Read: Human Molecular Genetics, CRC Press 2018, ISBN: 9780429827471
 - During the course, the teacher will provide articles and other monographic material in English.

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
8	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.
10	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 shuffling, 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.