



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI PALERMO

DIPARTIMENTO	Scienze e Tecnologie Biologiche, Chimiche e Farmaceutiche		
ANNO ACCADEMICO OFFERTA	2015/2016		
ANNO ACCADEMICO EROGAZIONE	2015/2016		
CORSO DILAUREA MAGISTRALE	BIOLOGIA CELLULARE E MOLECOLARE		
INSEGNAMENTO	TECNOLOGIE RICOMBINANTI CON APPLICAZIONI DI BIOINFORMATICA		
TIPO DI ATTIVITA'	B		
AMBITO	50507-Disciplin del settore biomolecolare		
CODICE INSEGNAMENTO	13906		
SETTORI SCIENTIFICO-DISCIPLINARI	BIO/11		
DOCENTE RESPONSABILE	RAGUSA MARIA ANTONIETTA	Ricercatore	Univ. di PALERMO
ALTRI DOCENTI			
CFU	6		
NUMERO DI ORE RISERVATE ALLO STUDIO PERSONALE	98		
NUMERO DI ORE RISERVATE ALLA DIDATTICA ASSISTITA	52		
PROPEDEUTICITA'			
MUTUAZIONI			
ANNO DI CORSO	1		
PERIODO DELLE LEZIONI	2° semestre		
MODALITA' DI FREQUENZA	Obbligatoria		
TIPO DI VALUTAZIONE	Voto in trentesimi		
ORARIO DI RICEVIMENTO DEGLI STUDENTI	RAGUSA MARIA ANTONIETTA Lunedì 12:00 13:00 Studio Pt 21, Dip. STEBICEF, viale delle Scienze, Ed. 16, piano terra, su prenotazione Martedì 12:00 13:00 Studio Pt 21, Dip. STEBICEF, viale delle Scienze, Ed. 16, piano terra, su prenotazione Mercoledì 12:00 13:00 Studio Pt 21, Dip. STEBICEF, viale delle Scienze, Ed. 16, piano terra, su prenotazione Giovedì 12:00 13:00 Studio Pt 21, Dip. STEBICEF, viale delle Scienze, Ed. 16, piano terra, su prenotazione		

DOCENTE: Prof.ssa MARIA ANTONIETTA RAGUSA

PREREQUISITI	
RISULTATI DI APPRENDIMENTO ATTESI	<p>Conoscenza e capacità di comprensione</p> <p>Acquisizione di una preparazione scientifica avanzata sulle principali tecniche di biologia molecolare (classiche e innovative) e comprensione di strategie sperimentali complesse. Comprensione dei lavori originali pubblicati nel campo della biologia molecolare, capacità di formulare ipotesi e di programmare esperimenti per verificarle.</p> <p>Capacità di consultare banche dati di sequenze di DNA e di utilizzare i principali programmi per lo studio delle sequenze genomiche e di cDNA.</p> <p>Capacità di utilizzare il linguaggio specifico proprio del biologo molecolare.</p> <p>Capacità di applicare conoscenza e comprensione</p> <p>Acquisizione di approfondite competenze applicative per l'analisi biomolecolare, di tipo metodologico, tecnologico e strumentale, con riferimento a: metodo scientifico di indagine, strumenti informatici di supporto, tecniche di acquisizione e analisi dei dati. Capacità di progettare esperimenti in silico.</p> <p>Autonomia di giudizio</p> <p>Acquisizione di consapevole autonomia di giudizio con riferimento alla valutazione, interpretazione e rielaborazione di dati di letteratura nel campo della biologia molecolare e della bioinformatica.</p> <p>Abilità comunicative</p> <p>Acquisizione di adeguate competenze e strumenti per la comunicazione con riferimento a:</p> <p>capacità di elaborare progetti di ricerca biomolecolare e capacità di illustrare i risultati della ricerca.</p> <p>Capacità d'apprendimento</p> <p>Acquisizione di adeguate capacità per lo sviluppo, l'approfondimento e l'aggiornamento continuo delle competenze, con riferimento alla consultazione delle pubblicazioni scientifiche proprie del settore biomolecolare e alla consultazione di banche dati.</p>
VALUTAZIONE DELL'APPRENDIMENTO	<p>Prova Finale Orale.</p> <p>Sarà effettuata inoltre durante il corso una prova in itinere scritta.</p>
OBIETTIVI FORMATIVI	<p>Gli obiettivi formativi del corso di "Tecnologie ricombinanti e applicazioni di bioinformatica" sono orientati verso il conseguimento di un livello di competenza che permetta allo studente di partecipare alla ricerca scientifica pertinente alla laurea specialistica.</p> <p>Il corso verterà pertanto all'approfondimento delle conoscenze sulle metodologie classiche e moderne per lo studio della trascrizione genica: analisi delle interazioni DNA-proteina (EMSA, Footprinting, ChIp), analisi funzionale (Saggi di trasfezione, Geni reporter, Mutagenesi in vitro), analisi a livello della trascrizione dei geni: espressione e localizzazione dell'RNA (Northern blot, Ibridazione in situ, Saggio di protezione dalla RNasi, RT-PCR, Ibridazione sottrattiva).</p> <p>Gli argomenti saranno trattati anche fornendo lavori originali contenenti applicazioni delle metodiche di biologia molecolare: dallo studio dei promotori all'effetto della cromatina sulla trascrizione, l'interazione promotore-enhancer e la struttura tridimensionale di un locus.</p> <p>La seconda parte del corso fornirà gli strumenti per l'utilizzo della Bioinformatica e della biologia computazionale, quindi si approfondiranno: contenuto e organizzazione dei genomi, genomi sul Web, progetti di sequenziamento dei genomi; mappatura, sequenziamento, annotazione e database; la genomica nell'identificazione personale, annotazione dei geni codificanti proteine, allineamento di sequenze e alberi filogenetici, database di sequenze di acidi nucleici e altri database utili per la biologia molecolare, genome browser; la ricerca dei geni (ricerca in banche dati per similarità), identificazione di motivi sul DNA e album di regolatori della trascrizione. Mediante esercitazioni in classe ed esercizi da svolgere a casa, gli studenti potranno acquisire autonomia e consapevolezza, e potranno elaborare piccoli progetti.</p> <p>Le attività formative proposte forniranno complessivamente adeguate competenze metodologiche tali da rendere lo studente in grado di pianificare in autonomia design sperimentali e valutare criticamente gli approcci metodologici più appropriati alla ricerca biomolecolare di base.</p>
ORGANIZZAZIONE DELLA DIDATTICA	<p>Lezioni frontali (40 ore) + esercitazioni (12 ore).</p> <p>Frequenza obbligatoria.</p> <p>Nessuna propedeuticità, ma sono necessarie conoscenze di Biologia Molecolare di base.</p>
TESTI CONSIGLIATI	<p>Weaver BIOLOGIA MOLECOLARE McGraw-Hill</p> <p>Brown BIOTECNOLOGIE MOLECOLARI Zanichelli</p> <p>Watson et al DNA RICOMBINANTE Zanichelli</p> <p>Tramontano BIOINFORMATICA Zanichelli</p> <p>Durante il corso verranno forniti articoli e monografie sugli argomenti svolti, nonché tutto il materiale informatico proposto durante il corso.</p>

PROGRAMMA

ORE	Lezioni
10	<p>Metodiche di base di biologia molecolare per il clonaggio (enzimi di restrizione, vettori, PCR, ecc.) e applicazioni per:</p> <p>Produzione di proteine ricombinanti Studio dei promotori Scoperta degli enhancers Fattori trascrizionali e identificazione dei loro siti bersaglio</p>
6	<p>Metodologie classiche e moderne per lo studio della regolazione della trascrizione genica:</p> <p>Analisi delle interazioni DNA-proteina Saggio di spostamento della mobilità elettroforetica (EMSA) Footprinting con DNasi I Analisi funzionale Saggi di trasfezione transitoria e stabile Geni reporter Mutagenesi in vitro</p>
6	<p>Analisi a livello della trascrizione dei geni: espressione e localizzazione dell'RNA</p> <p>Northern blot Ibridazione in situ Saggio di protezione dalla RNasi (RPA) Trascrizione inversa-PCR (RT-PCR) Ibridazione sottrattiva - differential display</p>
6	<p>Studio dell'effetto della cromatina sulla trascrizione:</p> <p>Saggi di sensibilità alla DNasiI, Nucleasi micrococcica Saggio di immunoprecipitazione della cromatina (ChIP) RNA- TRAP, Chromosome conformation capture (3C)</p>
3	<p>Applicazioni delle tecniche di biologia molecolare nelle indagini forensi</p>
6	<p>Bioinformatica e biologia computazionale</p> <p>Contenuto e organizzazione dei genomi Genomi sul Web Genoma umano Genomi di Drosophile, nematodi e riccio di mare come organismi modello Progetti di sequenziamento dei genomi Il progetto ENCODE Mappatura, sequenziamento, annotazione e database Sequenziamento automatizzato del DNA Moderne tecniche di sequenziamento e assemblaggio di sequenze Organizzazione di un progetto di sequenziamento su larga scala Sequenziamento gerarchico (o «BAC-to-BAC») del genoma Sequenziamento shotgun dell'intero genoma</p>
3	<p>Banche dati e annotazione di sequenze</p> <p>La genomica nell'identificazione personale Annotazione dei geni codificanti proteine Computer e informatica Sviluppo di database in biologia molecolare Database di sequenze di acidi nucleici Genome browser Database di sequenze proteiche Database di malattie genetiche: OMIM Database di strutture Database bibliografici</p>
ORE	Esercitazioni
12	<p>Analisi di sequenze nucleotidiche e amminoacidiche</p> <p>La ricerca dei geni La ricerca in banche dati per similarità I metodi: FASTA, BLAST, Ricerche con profili Ricerca di ORF Allineamento di sequenze e alberi filogenetici Definizione dell'allineamento ottimale Interazioni proteina-DNA Motivi strutturali nel legame proteina-DNA e nel riconoscimento di sequenze. Motivi sul DNA Album di regolatori della trascrizione, Transfac, Jaspar</p>