



SCHEMA DELL'INSEGNAMENTO (SI) BIOLOGIA MOLECOLARE AVANZATA

SSD: BIOLOGIA MOLECOLARE (BIO/11)

DENOMINAZIONE DEL CORSO DI STUDIO: BIOLOGIA (P58)
ANNO ACCADEMICO 2022/2023

INFORMAZIONI GENERALI - DOCENTE

DOCENTE: MISSERO CATERINA
TELEFONO: 081-679063 - 081-679064
EMAIL: caterina.missero@unina.it

INFORMAZIONI GENERALI - ATTIVITÀ

INSEGNAMENTO INTEGRATO: NON PERTINENTE
MODULO: NON PERTINENTE
CANALE: A-Z
ANNO DI CORSO: I
PERIODO DI SVOLGIMENTO: SEMESTRE II
CFU: 8

INSEGNAMENTI PROPEDEUTICI

Nessuno

EVENTUALI PREREQUISITI

Conoscenze di base della biologia molecolare acquisite durante la laurea triennale

OBIETTIVI FORMATIVI

L'insegnamento si propone di fornire agli studenti le nozioni di specialistiche di biologia molecolare con particolare riguardo all'organizzazione dell'informazione genetica nel nucleo, e la regolazione della trascrizione e dell'espressione genica

RISULTATI DI APPRENDIMENTO ATTESI (DESCRITTORI DI DUBLINO)

Conoscenza e capacità di comprensione

Lo studente dovrà dimostrare di comprendere e saper elaborare una discussione sulla struttura ed il dinamismo della cromatina e dei meccanismi trascrizionali e post-trascrizionali di regolazione dell'espressione genica. Lo studente dovrà inoltre conoscere i più comuni approcci sperimentali e

le tecnologie moderne che si utilizzano nel settore della biologia molecolare degli acidi nucleici.

Capacità di applicare conoscenza e comprensione

Lo studente dovrà essere in grado di interpretare e valutare dati sperimentali molecolari e di letteratura nel quadro delle conoscenze attuali. Inoltre, dovrà aver capito come i risultati di biologia molecolare vengono presentati e discussi su una rivista scientifica internazionale ad alto profilo, e come si affronta un problema biologico complesso utilizzando il corretto approccio molecolare.

PROGRAMMA-SYLLABUS

Struttura dei geni eucariotici

Struttura dei geni codificanti e non codificanti nel contesto genomico dei vertebrati. Funzione degli RNA messenger, piccoli RNA non codificanti, long non-coding RNA, e pseudogeni. Analisi della trascrizione e trascrittomica in cellule e tessuti umani in condizione fisiologiche e patologiche. Trascrittomica spaziale e tecnologie a singola cellula, metodi ed applicazioni. Anche dati di espressione genica a singola cellula (Tabula muris; Human Cell Atlas).(1 CFU)

Regolazione della trascrizione, struttura della cromatina ed epigenetica.

Sequenze regolatorie nel genoma, promotori ed enhancers prossimali e distali. Meccanismi di attivazione e repressione della trascrizione. Metilazione del DNA. Il codice istonico ed i complessi di rimodellamento della cromatina. Accessibilità della cromatina. Modifiche della cromatina in sistemi complessi. Progetto ENCODE. (1 CFU)

Basi molecolari del reprogramming ed organizzazione topologica del nucleo.

Fattori pionieri, domini bivalenti, e superenhancer nell'identità cellulare. Meccanismi molecolari coinvolti nella generazione delle cellule indotte pluripotenti e nel loro differenziamento. Conversione diretta di cellule somatiche. Identificazione di interazioni tra regioni regolatorie, domini trascrizionali attivi (TADs), compartimenti nucleari, territori cromosomali. Matrice nucleare e domini associate con la lamina nucleare (LADs). Patologie associate ad alterazione topologiche. Tecniche di microscopia avanzata per studiare la dinamica delle interazioni e l'espressione genica.(1 CFU)

Regolazione post-trascrizionale dell'espressione genica.

Splicing e spliceosoma. Meccanismi di splicing alternativi e funzione dei trascritti alternativi. Back-splicing e RNA circolari. RNA editing. Regolazione dell'espressione genica mediata da piccoli RNA (microRNA e siRNA), e da long non-coding RNA. Regolazione della traduzione, modifiche post-traduzionali, stabilità delle proteine, cenni di proteomica. Anche dati di espressione ed interazioni di proteine (UniProt, STRING, BioGrid, Human Protein Atlas).(1 CFU)

Applicazione di gene transfer e genome editing a modelli di patologie umane.

Genome editing in cellule somatiche ed in cellule germinali di mammifero. Generazione di modelli murini di patologie umane con la tecnica di CRISPR/Cas. (1 CFU)

Attività di approfondimento Lettura critica di lavori scientifici. Presentazione di lavori scientifici da parte di singoli studenti e collettiva con utilizzo di approcci di didattica innovativa e di problem solving. Seminari di esperti(2CFU)

Laboratorio ed esercitazioni Disegno sperimentale per la quantizzazione di trascritti in linee cellulari di mammifero. Preparazione di mRNA, real time RT-PCR, analisi bioinformatica dei dati di real time RT-PCR. Disegno sperimentale ed interpretazione di dati di RNAseq e CHIP-seq.(1CFU)

MATERIALE DIDATTICO

1. Testo: Biologia molecolare, Amaldi et al, Zanichelli, 20182. Articoli scientifici e reviews messi a disposizione dal docente 3. Note del corso

MODALITÀ DI SVOLGIMENTO DELL'INSEGNAMENTO-MODULO

Le modalità d'insegnamento comprenderanno lezioni frontali, seminari, e discussioni di articoli scientifici in aula. Saranno contemplati anche esercitazioni di laboratorio e visione di video online da parte di esperti di particolari tecnologie.

VERIFICA DI APPRENDIMENTO E CRITERI DI VALUTAZIONE

a) Modalità di esame

- Scritto
- Orale
- Discussione di elaborato progettuale
- Altro

In caso di prova scritta i quesiti sono

- A risposta multipla
- A risposta libera
- Esercizi numerici

b) Modalità di valutazione

A) L'esame di fine corso mira a verificare e valutare il raggiungimento degli obiettivi didattici elencati in grassetto nella sezione contenuti del programma.

B) Lo studente verrà interrogato sugli argomenti del corso utilizzando i quesiti elencati nella sezione domande frequenti per valutare il grado di completezza della sua risposta, il livello di integrazione tra i vari contenuti del corso, il raggiungimento da parte dello studente di una visione organica dei temi affrontati, la padronanza espressive e la proprietà nel linguaggio scientifico.

La frequenza assidua ed il grado di partecipazione attiva anche mediante partecipazione a discussione di articoli scientifici in aula saranno elementi di valutazione positiva.