



SCHEMA DELL'INSEGNAMENTO (SI) APPLICAZIONI BIOINFORMATICHE IN BIOLOGIA MOLECOLARE

SSD: BIOLOGIA MOLECOLARE (BIO/11)

DENOMINAZIONE DEL CORSO DI STUDIO: BIOLOGIA (P30)
ANNO ACCADEMICO 2022/2023

INFORMAZIONI GENERALI - DOCENTE

DOCENTE: ANTONINI DARIO
TELEFONO: 081-679091
EMAIL: dario.antonini@unina.it

INFORMAZIONI GENERALI - ATTIVITÀ

INSEGNAMENTO INTEGRATO: NON PERTINENTE
MODULO: NON PERTINENTE
CANALE: A-Z
ANNO DI CORSO: III
PERIODO DI SVOLGIMENTO: SEMESTRE II
CFU: 6

INSEGNAMENTI PROPEDEUTICI

Nessuno

EVENTUALI PREREQUISITI

Conoscenze di base di Genetica e Biologia Molecolare

OBIETTIVI FORMATIVI

Il corso ha come obiettivo formativo quello di fornire conoscenze bioinformatiche e la loro applicazione nella biologia molecolare. Attraverso la comprensione di tali applicazioni, sarà possibile guidare lo studente alla consultazione ed all'analisi delle banche biologiche.

RISULTATI DI APPRENDIMENTO ATTESI (DESCRITTORI DI DUBLINO)

Conoscenza e capacità di comprensione

Lo studente deve dimostrare di comprendere e saper elaborare una discussione sull'argomento delle basi di bioinformatica. Inoltre, lo studente deve conoscere i più comuni approcci scientifici e le applicazioni bioinformatiche nel settore della biologia molecolare.

Capacità di applicare conoscenza e comprensione

Lo studente dovrà dimostrare di aver acquisito la capacità di utilizzo delle principali metodologie di analisi di base nel settore e di saper valutare e discutere i risultati ottenuti.

PROGRAMMA-SYLLABUS

Banche dati biologiche: Banche dati primarie e secondarie. Banca dati NCBI: Pubmed, Gene, Unigene, OMIM. Identificazione di un gene di interesse e relative informazioni (specie, simbolo ufficiale, contesto genomico, profilo EST, profilo GEO). Identificazione e consultazione di GEO datasets. (1CFU).

Genomi, annotazione, analisi di banche dati genomiche con UCSC Genome Browser:

Identificazione di un gene di interesse nel genoma (specie, assembly, posizione, numero di trascritti ed isoforme, esoni (CDS/UTR), introni, verso (strand), trascritto e prodotto proteico). (2CFU).

Identificazione dell'espressione di un gene di interesse in diversi tessuti o cellule: microarray GNF Atlas, RNA-seq ENCODE. Identificazione della posizione di una sequenza nota nel genoma: BLAST-like Alignment Tool (BLAT). Identificazione di elementi regolatori di un gene di interesse mediante il codice istonico

con ENCODE e DNase hypersensitive sites (DHS) e mediante la conservazione tra genomi di diverse specie. Identificazione di potenziali proteine che possono legare una determinata sequenza. Identificazione di potenziali microRNA che possono legare una determinata sequenza. (3CFU).

MATERIALE DIDATTICO

1. Appunti del corso
2. Materiale, articoli e manuali su indicazioni del docente
3. M. Helmer Citterich, F. Ferrè, G. Pavesi, G. Pesole, C. Romualdi. Fondamenti di bioinformatica

MODALITÀ DI SVOLGIMENTO DELL'INSEGNAMENTO-MODULO

Il docente utilizzerà lezioni frontali ed esercitazioni per approfondire alcuni aspetti teorici del corso

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

L'esame di fine corso mira a verificare e valutare il raggiungimento degli obiettivi didattici elencati nel programma. Lo studente verrà interrogato sugli argomenti del corso 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 espressiva e la proprietà nel linguaggio scientifico. La frequenza assidua ed il grado di partecipazione attiva in aula saranno elementi di valutazione positiva.