

**SCHEDA DELL' INSEGNAMENTO DI BIOLOGIA MOLECOLARE E
BIOINFORMATICA**

MOLECULAR BIOLOGY AND BIOINFORMATICS

Modulo Applicazioni in Bioinformatica

Bioinformatics Applications

Corso di Studio
BIOLOGIA

Insegnamento

Laurea Magistrale

A.A. 2019/2020

Docente: Dott. Dario Antonini

☎ 081-679063

email: dario.antonini@unina.it

SSD

CFU

Anno di corso

Semestre

Insegnamenti propedeutici previsti: NESSUNO

RISULTATI DI APPRENDIMENTO ATTESI

Conoscenza e capacità di comprensione (max 4 righe, Arial 9)

Lo studente deve dimostrare di comprendere e saper elaborare una discussione sull'argomento delle basi metodologiche di bioinformatica per le analisi di sequenze. Inoltre, lo studente deve conoscere i più comuni approcci bioinformatici e le tecnologie moderne che si utilizzano nel settore della bioinformatica.

The student must demonstrate to understand and be able to elaborate a discussion on the topic of methodological bases of bioinformatics for sequence analysis. Furthermore, the student must know the most common bioinformatics approaches and the modern technologies used in the bioinformatics sector.

Conoscenza e capacità di comprensione applicate (max 4 righe, Arial 9)

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.

The student must demonstrate to have acquired the ability to use the main basic analysis methods in the field and to be able to evaluate and discuss the results obtained.

Eventuali ulteriori risultati di apprendimento attesi, relativamente a:

- **Autonomia di giudizio:** Saranno forniti gli strumenti necessari per consentire agli studenti di analizzare in autonomia e di giudicare i dati di letteratura. Lo studente migliorerà inoltre le proprie capacità in merito alla valutazione della didattica.
The necessary tools will be provided to allow students to independently analyze and judge literature data. The student will also improve his / her skills with regards to teaching evaluation.
- **Abilità comunicative:** Lo studente deve dimostrare di saper esporre le nozioni apprese. Deve saper presentare o riassumere in maniera completa ma concisa i risultati raggiunti utilizzando correttamente il linguaggio tecnico. Lo studente è stimolato a familiarizzare con i termini propri della disciplina, e a trasmetterne i principi, i contenuti e le possibilità applicative con correttezza e semplicità.
The student must demonstrate the ability to present the concepts learned. He must know how to present or summarize in a complete but concise way the results achieved by using the technical language correctly. The student is encouraged to become familiar with the proper terms of the discipline, and to transmit the principles, contents and application possibilities with correctness and simplicity.
- **Capacità di apprendimento:** Lo studente deve essere in grado di aggiornarsi o ampliare le proprie conoscenze attingendo in maniera autonoma a testi, articoli scientifici propri del settore, e deve poter acquisire in maniera graduale la capacità di seguire seminari specialistici.
The student must be able to keep up to date or broaden their knowledge by drawing independently on texts, scientific articles specific to the sector, and must be able to gradually acquire the ability to follow specialized seminars.

PROGRAMMA

Introduzione: Banche dati bioinformatiche: Ricerca avanzata di informazioni scientifiche in banche NCBI; 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).** **Analisi di banche dati genomiche:** Identificazione di un gene di interesse nel genoma: specie, assembly, posizione, numero di trascritti ed isoforme, promotore, esoni (CDS/UTR), introni, verso (strand), prodotto proteico. Identificazione dell'espressione di un gene di interesse in diversi tessuti o cellule: microarray GNF, RNA-seq ENCODE/Caltech. 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 ENCODE e DNase hypersensitive sites (DHS). **(2CFU).** **Allineamento di sequenze:** Identificazione sequenze conservate in specie differenti. Allineamento globale ed allineamento locale. **(1CFU).** **Metodiche per individuare l'espressione genica:** One-gene approach - Real Time RT-PCR (SYBR Green, Taqman) e design di oligonucleotidi primer; Analisi, rappresentazione ed interpretazione dei dati ottenuti. Large-scale approach: Microarray (GENE ed EXON array), RNA-seq. Strumenti di annotazioni funzionali (analisi DAVID, GENEMANIA). Strumenti per l'identificazione delle interazioni tra proteine (BioGRID). Strumenti per l'identificazione dell'espressione di un gene: BIOGPS, PROTEIN ATLAS. **(1CFU)**

CONTENTS

Introduction: Bioinformatics banks. Advanced search of scientific information in the NCBI banks; Identification of a gene of interest and related information (species, official symbol, genomic context, EST profile, GEO profile); identification and consultation of GEO datasets (1CFU). **Analysis of genomic databases:** Identification of a gene of interest in the genome: specie, assembly, location, number of transcripts and isoforms, promoter, exons (CDS / UTR), introns, strand, protein product. Expression of a gene of interest in different tissues or cells: GNF microarray, RNA-seq ENCODE / Caltech. Identification of the location of a known sequence in the

SCHEDA DELL' INSEGNAMENTO DI BIOLOGIA MOLECOLARE E BIOINFORMATICA

MOLECULAR BIOLOGY AND BIOINFORMATICS

Modulo Applicazioni in Bioinformatica

Bioinformatics Applications

Corso di Studio

BIOLOGIA

Insegnamento

Laurea Magistrale

A.A. 2019/2020

genome: BLAST-like Alignment Tool (BLAT). Identification of regulatory elements of a gene of interest using the histone code ENCODE and DNase hypersensitive sites (DHS). (2CFU). **Sequence alignment bioinformatics tools:** VISTA. Identification of conserved sequences in different species global alignment and local alignment. (1CFU). **Methods to detect gene expression.** One-gene approach: Real Time RT-PCR (SYBR Green, TaqMan) and design of oligonucleotide primers; Analysis, representation and interpretation of the data obtained. Large-scale approach: Microarray (GENE/EXON array), RNA-seq. Functional annotation tools (DAVID analysis, GENEMANIA, BIOGPS, PROTEIN ATLAS.). (1CFU).

MATERIALE DIDATTICO

1. Appunti del corso
2. i primi 8 capitoli del libro di Arthur M Lesk "Introduction to genomics", Oxford University Press.
3. Fondamenti di bioinformatica» di Manuela Helmer Citterich, F. Ferrè, G. Pavesi, C. Romualdi, G. Pesole. ZANICHELLI.
4. Materiale, articoli e manuali NCBI e Genome Browser su indicazioni del docente

FINALITA' E MODALITA' PER LA VERIFICA DI APPRENDIMENTO

- 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 in aula saranno elementi di valutazione positiva.

PURPOSES AND MODALITIES OF LEARNING VERIFICATION

- A)** *The final examination is aimed to verify and evaluate the achievement of the educational learning targets listed in bold in the program contents section.*
- B)** *The student will be asked to answer to questions listed as "frequently asked questions" in order to evaluate the degree of completeness of the answers, the level of integration between the different topics of the course and the appropriateness of the scientific language used.*
- Regular attendance to the lessons and active participation during the classroom activities will be positively considered.*

Modalità di esame:

| | | | | | | |
|-------------------------------------|-------------------------|-------------------------------------|---------------------|--------------------------|-------------------|--------------------------|
| L'esame si articola in prova | Scritta e orale | <input checked="" type="checkbox"/> | Solo scritta | <input type="checkbox"/> | Solo orale | <input type="checkbox"/> |
| The exam will be: | Written and oral | <input checked="" type="checkbox"/> | Written | <input type="checkbox"/> | oral | <input type="checkbox"/> |

| | | | | | | |
|--|-----------------------------|-------------------------------------|------------------------|--------------------------|----------------------------|--------------------------|
| In caso di prova scritta i quesiti sono (*) | A risposta multipla | <input checked="" type="checkbox"/> | Risposta libera | <input type="checkbox"/> | Esercizi numerici | <input type="checkbox"/> |
| Written exam will be based on: | Multiple choice test | <input checked="" type="checkbox"/> | Free answer | <input type="checkbox"/> | Numerical exercises | <input type="checkbox"/> |

DOMANDE D'ESAME PIU' FREQUENTI

- Struttura del gene e dei suoi trascritti,
- Codice Istonico,
- Primer Design,
- Identificazione di elementi regolatori

FREQUENTLY ASKED QUESTIONS DURING EXAM

- Gene transcripts and structure,
- Histone code,
- Primer Design,
- Identification of regulatory elements.