

SCHEDA DELL' INSEGNAMENTO DI "Applicazioni Bioinformatiche in Biologia Molecolare"

Corso di Studio L-
BIOLOGIA

Insegnamento

Laurea

A.A. 2020/2021

Docente: Dott. Dario Antonini ☎ +39 081679063

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. <i>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.</i>
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. <i>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.</i>
Eventuali ulteriori risultati di apprendimento attesi, relativamente a:
<ul style="list-style-type: none">• 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. <i>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.</i>• 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. <i>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.</i>• 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. <i>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</i>

PROGRAMMA

Introduzione: 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, 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 (PROMO). Identificazione di potenziali microRNA che possono legare una determinata sequenza (miRBase). **(3CFU)**.

CONTENTS

Introduction: Biological databases: Primary and secondary databases. NCBI database: Pubmed, Gene, Unigene, OMIM. Identification of a gene of interest and related information (species, official symbol, genomic context, EST profile, GEO profile). Identification and consultation of GEO data sets. **(1 CFU)**. Genomes, annotation, analysis of genomic databases with UCSC Genome Browser: Identification of a gene of interest in the genome (species, assembly, position, number of transcripts and isoforms, exons (CDS / UTR), introns, verse (strand), transcript and protein product). **(2CFU)**. Identification of the expression of a gene of interest in different tissues or cells: GNF microarray, RNA-seq ENCODE. Identification of the position of a known sequence in the genome: BLAST-like Alignment Tool (BLAT). Identification of regulatory elements of a gene of interest through the histone code

SCHEDA DELL' INSEGNAMENTO DI "Applicazioni Bioinformatiche in Biologia Molecolare"

Corso di Studio L-
BIOLOGIA

Insegnamento

Laurea

A.A. 2020/2021

with ENCODE and DNase hypersensitive sites (DHS) and through the conservation between genomes of different species. Identification of proteins that use to bind a sequence (PROMO). Identification of microRNA criteria which can bind a specific sequence (miRBase). (3CFU).

MATERIALE DIDATTICO

1. Appunti del corso
2. Materiale, articoli e manuali 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.

b) Modalità di esame:

L'esame si articola in prova	Scritta e orale	X	Solo scritta		Solo orale	
Discussione di elaborato progettuale						
Altro, specificare						
In caso di prova scritta i quesiti sono (*)	A risposta multipla	X	A risposta libera	X	Esercizi numerici	