



## GUIDA DELLO STUDENTE

### Corso di Laurea Magistrale in BIOINFORMATICA

#### Finalità

Scopo della **laurea magistrale in Bioinformatica** è la formazione di una figura professionale di ricercatore che possieda competenze in biologia e in informatica di alto profilo culturale e metodologico.

Al corso di laurea possono accedere studenti in possesso di laurea triennale di tipo biologico (nelle classi di Biologia e Biotecnologie) e non biologico (informatici, ingegneri informatici, matematici e fisici). Per le due tipologie di studenti sono previsti due *curricula* complementari, uno che include in prevalenza esami di informatica per gli studenti provenienti da lauree di tipo biologico (*curriculum* informatico) e l'altro esami di biologia per i non biologi (*curriculum* biomedico), e un percorso comune, costituito da corsi di bioinformatica e biologia avanzati, statistica biomedica, medicina personalizzata. Circa un terzo dell'impegno orario complessivo sarà dedicato all'elaborazione di un progetto di ricerca individuale che verrà portato avanti presso uno dei gruppi di ricerca del Dipartimento. Gli studenti della LM in Bioinformatica fruiscono di un'aula dedicata, attrezzata con un buon numero di computer, che viene utilizzata per alcune delle lezioni e, nel tempo restante, viene lasciata a disposizione degli studenti per studiare e lavorare ai progetti dei corsi.

#### Obiettivi formativi

La laurea magistrale in Bioinformatica consente di ottenere una solida conoscenza di base nei diversi settori della bioinformatica: progettazione, costruzione e utilizzo di banche dati di interesse biologico; capacità di sviluppare e utilizzare strumenti informatici per la manipolazione e l'analisi di sequenze e strutture biologiche; genomica; conoscenza di metodologie informatiche di apprendimento automatico (reti neurali, modelli di Markov, algoritmi genetici); capacità di utilizzare strumenti di grafica molecolare, modellazione per omologia, conoscenza approfondita di metodi e strumenti di biologia strutturale; conoscenze di strumenti e modelli statistici di interesse biomedico; abilità di approccio a problemi di genomica e proteomica; uso di linguaggi di programmazione e di *scripting*; conoscenza di base dei sistemi operativi e applicazioni web; conoscenza di base di statistica biomedica e di

statistica applicata a problemi di interesse bioinformatico; biologia sintetica e *bioimaging*; analisi e utilizzo di dati per la medicina personalizzata.

Il corso è stato costruito sulla base di esperienze analoghe che hanno successo in Gran Bretagna, Germania, Stati Uniti, Australia, Israele e altri paesi, sfruttando le competenze dei numerosi e forti gruppi di ricerca presenti nella Facoltà.

### **Attività formative**

Il *curriculum* Informatico, per studenti provenienti da corsi di LT in Scienze Biologiche e Biotecnologie, comprende corsi di informatica di base, con particolare riferimento a basi di dati, programmazione e laboratori di informatica e applicazioni *web*; e corsi di biologia avanzata, genomica e proteomica.

Il *curriculum* Biomedico, per studenti provenienti da corsi di LT in Informatica, Ingegneria Informatica e Fisica, comprende corsi di base in biologia, chimica, biochimica, genetica, citologia e embriologia, biologia dello sviluppo, biologia molecolare e bioinformatica.

Entrambe le tipologie di studenti seguono inoltre corsi di bioinformatica avanzata, biologia e bioinformatica strutturale, biologia sintetica e *bioimaging*, statistica biomedica, biochimica e biologia molecolare delle piante, medicina personalizzata.

Circa un terzo dell'impegno orario complessivo sarà dedicato all'elaborazione di un progetto di ricerca individuale che verrà portato in uno dei gruppi dell'Ateneo che fanno ricerca in bioinformatica.

### **Accesso**

L'accesso alla laurea magistrale è previsto da corsi di Laurea in: Scienze Biologiche, Biotecnologie, Medicina, Scienze e Tecnologie Farmaceutiche, (*Curriculum* Informatico); da Informatica, Matematica, Ingegneria Informatica, Fisica e Scienze e Tecnologie Chimiche (*Curriculum* Biomedico). E' richiesta una buona conoscenza della lingua inglese.

### **Sbocchi professionali**

Molti sbocchi professionali sono disponibili soprattutto nell'ambito di attività di ricerca ed accademiche. Offerte di lavoro per bioinformatici giungono da parte di istituti di ricerca sia privati che pubblici. Sbocchi professionali sono anche disponibili presso: centri di calcolo, laboratori operanti nel campo biomedico, biotecnologico, biofarmaceutico, biologico-molecolare, medicina personalizzata, agroalimentare, farmacologico, ambientale e biotecnologico; enti ospedalieri; industrie agro-alimentari; industrie farmaceutiche; industrie chimiche.

### **Requisiti per l'ammissione**

1. Per essere ammessi al corso di Laurea Magistrale in Bioinformatica occorre essere in possesso di una laurea di primo livello o diploma universitario di durata triennale o di altro titolo di studio conseguito all'estero riconosciuto idoneo.

Sono previsti specifici criteri di accesso che prevedono, comunque, il possesso di requisiti curriculari e l'adeguatezza della personale preparazione dello studente. I requisiti per l'accesso saranno valutati da una commissione composta dal Coordinatore del CdLM e 2 docenti afferenti al CdLM e proposti dal Presidente.

3. I requisiti richiesti per l'accesso sono:

(a) Laurea di durata triennale nelle classi di laurea L-12 (DM 509) e L-13 (DM 270) Scienze Biologiche; e L-1 (DM 509) e L-2 (DM 270) Biotecnologie da cui si accede direttamente al corso senza debito formativo.

oppure

(b) per i laureati di area non biologica, la commissione di cui al punto 2 si riserva di ammetterli dopo valutazione del *curriculum* pregresso. Per colmare un eventuale debito formativo lo studente dovrà superare una valutazione da parte dei docenti identificati dalla Commissione di cui al punto 2, mediante l'iscrizione a corsi singoli.

### **Possibilità di *part-time***

E' possibile richiedere l'immatricolazione o l'iscrizione a tempo parziale (*part-time*), pagando i contributi universitari in misura ridotta con tempi di percorso didattico più lunghi, allo scopo di evitare di andare fuori corso. L'opzione non è aperta a studenti fuori corso.

La richiesta di *part-time* deve essere opportunamente motivata e certificata (ad esempio per problematiche di natura lavorativa, familiare, medica ed assimilabili). La richiesta può essere presentata una sola volta e non è reversibile in corso d'anno.

Sul sito <http://delphi.uniroma2.it> utilizzando il *link* "iscrizione come studente a tempo parziale" è possibile consultare il regolamento, le tabelle e le procedure previste per questo tipo di iscrizione.

### **Ordinamento degli studi**

**I SEMESTRE: 12 ottobre 2015 - 18 gennaio 2016**

**II SEMESTRE: 14 marzo 2016 – 03 giugno 2016**

#### **Curriculum Biomedico**

<b>I ANNO I SEMESTRE</b>	<b>SSD</b>	<b>CFU</b>
Chimica generale	(CHIM/03)	6
Biochimica	(BIO/10)	6
Genetica	(BIO/18)	6
Biologia molecolare e Bioinformatica (mod Bioinformatica)	(BIO/11)	3
Statistica biomedica	(MED/01)	6
<b>I ANNO II SEMESTRE</b>	<b>SSD</b>	<b>CFU</b>
Bioinformatica	(BIO/11)	6
Biologia molecolare e Bioinformatica (mod Biologia Molecolare)	(BIO/11)	6
Biologia sintetica e <i>bioimaging</i>	(BIO/01)	6
Bioinformatica strutturale	(BIO/11)	6
Fondamenti di Biologia Cellulare e dello Sviluppo	(BIO/06)	6

<b>II ANNO I SEMESTRE</b>	<b>SSD</b>	<b>CFU</b>
Biochimica e biologia molecolare delle piante	(BIO/04)	6
Medicina traslazionale e personalizzata	(MED/03)	3
<b>I e II ANNO I e II SEMESTRE</b>		<b>CFU</b>
Attività a scelta		8
<b>II ANNO II SEMESTRE</b>		<b>CFU</b>
Ulteriori attività formative e di orientamento		3
Prova finale		<b>43</b>

### **Curriculum Informatico**

<b>I ANNO I SEMESTRE</b>	<b>SSD</b>	<b>CFU</b>
Programmazione e laboratorio programmazione	(INF/01)	6
Applicazioni web per la biomedicina	(MED/04)	6
Statistica biomedica	(MED/01)	6
Biochimica e biologia molecolare delle piante	(BIO/04)	6
<b>I ANNO II SEMESTRE</b>	<b>SSD</b>	<b>CFU</b>
Bioinformatica	(BIO/11)	6
Bioinformatica strutturale	(BIO/11)	6
Genomica ed elementi di genetica statistica	(BIO/18)	6
Proteomica cellulare e principi di proteomica	(BIO/10)	6
Biologia sintetica e <i>bioimaging</i>	(BIO/01)	6
<b>II ANNO I SEMESTRE</b>	<b>SSD</b>	<b>CFU</b>
Basi di dati	(INF/01)	6
Medicina traslazionale e personalizzata	(MED/03)	3
<b>I e II ANNO I e II SEMESTRE</b>		<b>CFU</b>
Attività a scelta		8
<b>II ANNO II SEMESTRE</b>		<b>CFU</b>
Ulteriori attività formative e di orientamento		3
Prova finale		<b>46</b>

## **Programma dei Corsi**

Maggiori informazioni (e aggiornamenti in tempo reale) sono disponibili nel website della Laurea Magistrale in Bioinformatica all'indirizzo: <http://bioinformatica.uniroma2.it/LMBioinformatica/>

### **Applicazioni Web per la Biomedicina (*Curriculum Informatico*).**

MED/04 - 6 cfu

dr. Andrea Cabibbo

#### ***Programma***

Grazie alla disponibilità di sequenze di interi genomi, sia umani che di microorganismi di varia natura e più in generale di dati "high-throughput" relativi all'espressione genica in una varietà di condizioni sperimentali, all'interazione fisica e/o funzionale tra proteine e ad una varietà di altri processi biologici e bio-patologici, gli ultimi anni vedono un ruolo crescente dell'utilizzo di metodi computazionali e Bioinformatici nell'ambito della Ricerca Biologica e Biomedica.

Crescente è anche il ruolo di banche dati, applicazioni e software liberamente fruibili attraverso Internet da parte della comunità scientifica, che sono ormai diventati strumento di utilizzo quotidiano da parte dei Ricercatori.

Quali geni e proteine sono coinvolti in processi patologici di interesse? Quali epitopi, nel proteoma di un microorganismo, sono in grado di stimolare una risposta protettiva da parte dell'ospite? Quali mutazioni sottendono allo sviluppo di tumori ed alle malattie a carattere ereditario?

A tutte queste domande è oggi possibile rispondere, almeno in parte, utilizzando applicazioni e banche dati liberamente accessibili su Internet. Tali servizi sono spesso interattivi consentendo ai ricercatori l'analisi di dati generati nel proprio laboratorio. Grazie a tali servizi, il ricercatore può classificare, analizzare, condividere i propri dati con la comunità scientifica.

Obiettivo di questo corso è di fornire agli studenti una comprensione approfondita ed operativa della rete Internet e dei relativi protocolli e strumenti di sviluppo, che li metta in condizione di creare applicazioni web originali relative ai loro interessi ed attività di ricerca. La fase applicativa del corso verrà focalizzata sulla creazione di applicazioni web a carattere Immunoinformatico, volte alla predizione di epitopi B e T. Gli algoritmi di predizione utilizzati nei due casi (B e T), significativamente diversi tra loro, forniranno l'occasione per approfondire l'implementazione informatica di procedure di analisi sia di sequenze lineari che di strutture. Potranno dunque essere utilizzate da ogni studente come punto di partenza ed esempio per sviluppare applicazioni proprie nei rispettivi campi di interesse.

Verrà dedicata particolare attenzione e tempo alla verifica della effettiva acquisizione da parte degli studenti, durante il corso, degli skills necessari allo sviluppo di una applicazione web completa, fornendo le basi della programmazione necessarie all'elaborazione di dati biologici. Gli studenti acquisiranno inoltre una ottima conoscenza degli ultimi standard web, quali HTML5, CSS2 e 3, necessari allo sviluppo di front-ends dinamici e moderni.

#### ***Libro di testo***

Le basi dello sviluppo di pagine web sono bene illustrate nel testo:

"HTML, XHTML, and CSS, Sixth Edition: Visual QuickStart Guide" di Elisabeth Castro

## **Basi di Dati (*Curriculum Informatico*).**

INF/01 - 6 cfu

dr.ssa Loredana Vigliano

### **Programma**

Introduzione - Modello relazionale - Algebra relazionale - Calcolo relazionale - Flusso di progetto e visione dei dati - Modello concettuale dei dati - Disegno logico DB Schema Entity-relationship - Disegno fisico DB - Forme normali - Query language e implementazioni su MySQL DML SQL - Organizzazione fisica dei dati - Simulazione progetto. Il corso si prefigge di insegnare le tecniche di progettazione e realizzazione dei Database, basandosi sulla teoria dei modelli relazionali.

Obiettivi del corso:

Conoscere l'algebra su cui si basa la teoria dei Database Relazionali. Imparare a progettare e a costruire un Database Relazionale. Utilizzare al meglio l' SQL.

### **Libro di testo**

Atzeni, Ceri, Parboschi, Torlone Basi di dati, modelli e linguaggi di interrogazione McGraw-Hill

## **Biochimica (*Curriculum Informatico*).**

BIO/10 - 6 cfu

dr. Giuseppe Filomeni

### **Programma**

Aminoacidi e proteine. Struttura e funzione delle proteine. Gli enzimi. Carboidrati, lipidi e acidi nucleici. Membrane biologiche e segnalazione. Bioenergetica. Glicolisi, gluconeogenesi e via dei pentoso fosfati. Metabolismo mitocondriale. Ciclo degli acidi tricarbossilici. Ossidazione degli aminoacidi. Catabolismo degli acidi grassi. Fosforilazione ossidativa. Regolazione e integrazione metabolica. Sintesi delle biomolecole.

Modalità d'Esame: finale scritto con test in itinere.

### **Libro di testo**

Introduzione alla Biochimica di Lehninger, David L. Nelson e Micheal M. Cox  
oppure

I Principi di Biochimica di Lehninger, David L. Nelson e Micheal M. Cox

## **Biochimica e Biologia Molecolare delle Piante.**

BIO/04 - 6 cfu

dr. Lorenzo Camoni

### **Programma**

Il metabolismo secondario delle piante. Terpeni, composti fenolici e alcaloidi: vie di biosintesi e ruolo fisiologico. Esempi di molecole di interesse farmacologico. I sistemi di difesa delle piante: basi genetiche dell'interazione pianta-patogeno. La biochimica delle reazioni di difesa. Organizzazione del genoma degli organismi vegetali. Studio della funzione di un gene. Genetica forward e genetica reverse. Mutagenesi chimica e fisica. Mutagenesi inserzionale. Analisi

dell'espressione genica. Analisi in silico del trascrittoma. Dai geni alle proteine: il proteoma delle piante. Principali tecniche di analisi. Modificazioni post-traduzionali delle proteine. Meccanismi molecolari alla base della trasduzione di segnali ormonali: meccanismo d'azione dei principali ormoni delle piante. Modalità esame: Esame scritto.

### **Supporti Didattici**

Articoli scientifici, files multimediali e presentazioni powerpoint disponibili su didatticaweb

### **Bioinformatica.**

BIO/11 - 6 cfu

dr. Gabriele Ausiello

### **Programma**

Il Linguaggio di Programmazione Ruby:

Variabili, Stringhe, l'espressione IF, Cicli, Vettori, Files, Funzioni, Classi, Matrici

Analisi delle sequenze in Ruby:

Identità e similarità di sequenze, Allineamenti di sequenze, Allineamenti locali e globali, Matrici di sostituzione, Alberi di sequenze, Allineamenti Multipli. **OBBIETTIVO:** Sviluppo di programmi per l'analisi delle sequenze SITOWEB: <http://pdbfun.uniroma2.it/bioinformatica/>. Modalità di esame scritto e orale.

### **Libro di testo**

Programming Ruby (2nd edition): The Pragmatic Programmers' Guide  
by Dave Thomas, with Chad Fowler and Andy Hunt

### **Bioinformatica Strutturale.**

BIO/11 - 6 cfu

prof Mattia Falconi

### **Programma**

Il sistema operativo Linux e i programmi per visualizzare e manipolare le macromolecole. Caratteristiche conformazionali delle proteine e degli acidi nucleici. Definizione delle strutture secondarie e dei principali domini strutturali delle proteine. Le banche dati delle macromolecole. Metodi per la predizione della struttura secondaria delle proteine e dell'RNA. Metodi per la ricerca della similarità strutturale delle proteine. Modellazione per omologia, metodi di Fold recognition, Threading e metodi ab initio. Introduzione al drug design, come si progetta un farmaco. Introduzione alle metodologie di docking ed al virtual screening. La meccanica molecolare e la dinamica e molecolare classica. Metodi di campionamento conformazionale avanzati. Applicazioni della dinamica molecolare classica in biologia. Il programma di dinamica molecolare classica GROMACS.

Il corso prevede 9 esercitazioni pratiche: I comandi del sistema operativo Linux. Uso del programma di grafica molecolare PYMOL. Uso del programma di grafica molecolare CHIMERA. Allineamento strutturale di proteine attraverso il programma CHIMERA. Modellazione per omologia attraverso il programma SwissPDBviewer. Docking proteina-proteina con il programma HEX. Docking proteina-ligando con il programma AutoDock. Uso del programma di grafica molecolare VMD. Uso del programma di dinamica molecolare classica GROMACS.

### Libri di testo

- 1) Introduzione alla Struttura delle Proteine. Carl Branden , John Tooze. Ed. Zanichelli.
- 2) Bioinformatica, dalla Sequenza alla Struttura delle Proteine. S.Pascarella, A.Paiardini. Ed. Zanichelli.  
URL <http://structuralbiology.bio.uniroma2.it>

### **Biologia Molecolare e Bioinformatica (Curriculum Biomedico).**

BIO/11 - 9 cfu

prof Manuela Helmer-Citterich

### Programma

#### **Bioinformatica (3 cfu)**

Banche dati di acidi nucleici, proteine, letteratura. Metodi esaustivi ed euristici di allineamento e ricerca di biosequenze in banche dati. Matrici di sostituzione. Allineamenti multipli e profili. Motivi funzionali. Ricerca geni e promotori in genomi. Browser genomici. Annotazione funzionale di geni e genomi. Confronto e classificazione di strutture proteiche. Previsione struttura secondaria e terziaria: *modelling* per omologia, *threading*, metodi *ab initio*. Metodi computazionali per l'inferenza delle interazioni molecolari. Metodi integrati. Reti di interazioni proteiche. Banche dati di Interazioni, *pathways*, malattie genetiche, SNPs. Ontologie in biologia. *Text mining*. Esercitazioni pratiche

#### **Biologia Molecolare (6 cfu)**

Scoperta della struttura a doppia elica. Struttura del DNA e dell'RNA. Codice genetico e sintesi proteica. Apparato di traduzione: ribosomi, mRNA, tRNA e amminoacil-sintetasi. Meccanismo della traduzione in procarioti ed eucarioti. Regolazioni generali e specifiche della traduzione. Organizzazione ed evoluzione di geni e genomi. Struttura del gene, dei cromosomi e della cromatina; origine, funzione ed evoluzione degli introni. Replicazione del DNA. DNA polimerasi proc. ed euc; controllo della replicazione. Trasposoni procariotici ed eucariotici. Cenni ai meccanismi di riparazione del DNA.

Trascrizione e sua regolazione in procarioti ed eucarioti. RNA polimerasi e promotori Fattori di trascrizione. Struttura della cromatina e trascrizione: cromatina attiva e rimodellamento della cromatina. Metilazione del DNA e trascrizione; *imprinting* genetico.

Processamento dell'RNA. Meccanismi di "*splicing*" dell'RNA. "*Editing*" dell'RNA. Regolazione della stabilità degli mRNA. Controllo qualità dell'mRNA.

Regolazioni complesse e controlli globali: Regolazione dei cicli virali: ciclo litico e ciclo lisogeno del fago lambda. Regolazione genica a livello trascrizionale, post-trascrizionale e traduzionale. Modificazioni e regolazioni post-traduzionali di proteine. Controllo del ciclo, della crescita e della proliferazione cellulare negli eucarioti; oncogeni e cancro.

Tecniche di Biologia molecolare: Clonaggio, purificazione di acidi nucleici e proteine, centrifugazione: gradienti di CsCl e gradienti di saccarosio; spettrofotometria degli acidi nucleici; ibridazione DNA-RNA. Enzimi di restrizione; elettroforesi degli acidi nucleici. Metodi di sequenziamento del DNA. Esercitazioni di laboratorio.

### Testi consigliati

Bioinformatica, Pascarella e Paiardini. ed Zanichelli  
Biologia Molecolare, Amaldi *et al*, ed Zanichelli

### Ausili didattici



pdf e podcast delle lezioni

link del corso: <http://bioinformatica.uniroma2.it/bioinformatica/>

link del corso: <http://bioinformatica.uniroma2.it/BiologiaMolecolare/>

link docente: <http://bioinformatica.uniroma2.it/~manuela/>

### **Biologia Sintetica e *Bioimaging*.**

BIO/01 - 6 cfu

dr Daniela Billi

#### ***Programma***

Introduzione alla biologia sintetica, principali problemi, esempi applicativi. Ingegneria metabolica, genomi minimi e la "cellula minima". Studio delle dinamiche sub-cellulari mediante tecniche di microscopia laser confocale. Modalità d'esame prova orale

#### ***Materiale didattico***

Articoli recenti su argomenti trattati su "didattica web."

### **Chimica Generale (*Curriculum Biomedico*).**

CHIM/03 - 6 cfu

prof Pietro Tagliatesta

#### ***Programma***

Atomi ed elementi, Peso atomico e numero atomico. La struttura atomica e molecolare. Il legame chimico. Regola dell'ottetto. Teoria VSEPR. Orbitali ibridi. La mole. Il numero di Avogadro. Reazioni chimiche: ossidoriduzioni. Acidi e basi forti. Elettronegatività. Struttura elettronica e molecolare. Geometria della molecole. Tipi di legame chimico. Reazioni di equilibrio. Termodinamica di equilibrio. Equilibri omogenei ed eterogenei. Costanti di equilibrio. Proprietà colligative. Soluzioni ed equilibri. Acidi e basi deboli e forti. Idrolisi e titolazioni di acidi e basi. I tamponi. Le pile chimiche e a concentrazione. Elettrodo ad idrogeno e misura del pH.

### **Fondamenti di Biologia Cellulare e dello Sviluppo (*Curriculum Biomedico*).**

BIO/06 - 6 cfu

prof Silvia Campello

#### ***Programma***

Cellula eucariotica e procariotica. Microscopio ottico ed elettronico. Struttura delle membrane biologiche. Membrana plasmatica e sistema delle membrane endocellulari (REL-RER-Golgi). Endocitosi, esocitosi e caveole. Principali organuli cellulari: mitocondri (struttura, funzione generale), lisosomi e perossisomi. Citoscheletro statico e dinamico. Comunicazione cellulare. Nucleo: involucro nucleare, cromatina, nucleolo. Ciclo cellulare. Mitosi e Meiosi, differenze essenziali fra le due divisioni.

Tessuto epiteliale: origine embrionale, epiteli di rivestimento ed epiteli ghiandolari. Tessuti connettivi: origine embrionale e classificazione. Tessuto cartilagineo: pericondrio, accrescimento, tipi di cartilagine. Tessuto osseo: classificazione, periostio, osso compatto e spugnoso. Sangue: cellule del sangue. Cenni su midollo osseo e ematopoiesi. Cenni sul sistema circolatorio: sistema venoso e

arterioso, struttura della parete di arterie, vene e capillari. Cenni sul sistema linfatico e linfonodi, funzione. Tessuto muscolare: origine embrionale, fibre muscolari striate, sincizio, meccanismo di contrazione dell'unità funzionale (sarcomero), fibrocellule lisce, fibrocellule del miocardio. Tessuto nervoso: cenni di anatomia e origine embrionale, struttura dei neuroni.

Differenziamento e morfogenesi in Vertebrati; Tecniche istologiche e biomolecolari: ibridazione in situ dell'RNA e Immunoistochimica; Le basi cellulari della morfogenesi; La costituzione degli assi corporei e i meccanismi di teratogenesi; Impegno e differenziamento cellulare; Localizzazione citoplasmatica dei determinanti delle cellule germinali; Oogenesi e spermatogenesi; Vitellogenesi; Il ciclo mestruale; La fecondazione in echinodermi e vertebrati; Segmentazione embrionale (echinodermi, anfibi, pesci, uccelli, mammiferi); Specificità regionale dell'induzione; La gastrulazione (echinodermi, anfibi, pesci, uccelli, mammiferi); Formazione dell'embrione di mammifero; Placenta e annessi embrionali; I meccanismi della neurulazione.

### **Testi consigliati**

Biologia Molecolare Della Cellula, Alberts B. et al, Zanichelli, ultima Ed

### **Genetica (Curriculum Biomedico).**

BIO/18 - 6 cfu

dr.ssa Stefania Gonfloni

### **Programma**

Le basi molecolari di eredità, variabilità ed evoluzione. Genetica Mendeliana. Divisione Cellulare ed eredità cromosomica. Interazione fra geni. Associazione genetica e mappatura negli eucarioti. Analisi genetica e mappatura di batteri. La struttura e la replicazione del DNA. Trascrizione, Traduzione. Regolazione dell'espressione genica nei batteri. Regolazione dell'espressione genica negli eucarioti. Mutazioni geniche, riparazione del DNA. Tecnologia del DNA ricombinante. Obiettivi del corso: Offrire agli studenti un percorso di apprendimento chiaro dei principi basilari della trasmissione genica.

### **Testo consigliato**

Genetica, principi di analisi formale. cAnthony JF Griffiths, Susan R Wessler, Sean B Carroll, John Doebley. ed. Zanichelli, Settima edizione italiana

### **Genomica ed Elementi di Genetica Statistica (Curriculum Informatico).**

BIO/18 - 6 cfu

prof Andrea Novelletto

### **Programma**

Sequenziamento del DNA. Dai metodi classici a quelli di nuova generazione. La filosofia shotgun. Il genoma umano. Diversità del genoma. Genomica comparata. Evoluzione e cambiamenti genomici. Genomica funzionale. Microarray, ChIP, DNase hypersensitive sites. La distribuzione normale, tabelle di contingenza. Identificazione delle regioni cromosomiche contenenti geni per caratteri quantitativi e complessi. Esame scritto di ammissione all'orale.

## **Medicina Traslazionale e Personalizzata.**

MED/03 - 3 cfu

dr.ssa Michela Biancolella

### **Programma**

Negli ultimi quindici anni l'approccio della ricerca medica alle problematiche poste dalle patologie più complesse è profondamente cambiato. In particolare, le scoperte inerenti i meccanismi e le molecole coinvolti nel controllo del metabolismo, proliferazione, differenziazione e morte cellulare programmata, ci permettono di comprendere meglio la patogenesi delle malattie. Allo stesso tempo, la scoperta delle alterazioni nella codificazione genica ha portato a sviluppi significativi nella diagnosi e classificazione di molte malattie. Questo scenario in divenire, che in alcuni casi ha già prodotto straordinari risultati terapeutici (ad es. l'uso di anticorpi monoclonali e Tki nel linfoma e nella leucemia mieloide cronica, rispettivamente) evidenzia il crescente impatto della ricerca di laboratorio applicata alla clinica. La disponibilità di nuovi test diagnostici e la caratterizzazione di biomarcatori, permette di sviluppare una terapia su misura in termini di efficacia e di riduzione degli eventi avversi alla somministrazione dei farmaci.

Il corso sarà così articolato: Algoritmi e Protocolli diagnostici-terapeutici di modelli di malattia. I trials clinici nell'era post genomica. Correlazioni genotipo-fenotipo e validazione/qualificazione di marcatori genomici. Trattamenti terapeutici personalizzati. Tecnologie avanzate nella pratica clinica.

## **Programmazione e Laboratorio di Programmazione (*Curriculum Informatico*).**

INF/01 - 6 cfu

dr Gianluca Rossi

### **Programma**

risoluzione automatica dei problemi; algoritmi e programmi; modelli di calcolo; linguaggi di programmazione; tipi di linguaggi di programmazione; compilazione ed interpretazione; linguaggi imperativi; struttura di un programma; tipi di dati semplici e strutturati; variabili; strutture di controllo; puntatori; funzioni; ricorsione; operazioni di input/output; strutture di dati elementari.

### **Materiale didattico**

-Dispense(<http://www.gianlucarossi.name/wordpress/wp-content/uploads/2013/09/programmazione.pdf>)

- Linguaggio C (seconda edizione) di B.Kernighan e D.Ritchie edito da Pearson Education Italia

## **Proteomica Cellulare e Principi di Proteomica (*Curriculum Informatico*).**

BIO/10 - 6 cfu

prof Andrea Battistoni

### **Programma**

Struttura ed organizzazione del proteoma. Cenni sulle tecniche di base per studiare il proteoma cellulare (purificazione di proteine, elettroforesi monodimensionale e 2D, Western blot, immunoprecipitazione, immunoistochimica, sequenziamento con degradazione di Edman, principi di

spettrometria di massa). Metodi avanzati per lo studio del proteoma. Modificazioni post-traduzionali delle proteine e loro significato fisio-patologico. Redox proteomica: metodologie per l'identificazione di proteine modificate ossidativamente. Applicazioni della proteomica per lo studio di base di sistemi procariotici ed eucariotici, per l'analisi delle interazioni tra ospite e patogeno e per la comprensione delle basi molecolari delle malattie.

**Testo consigliato**

Principles of Proteomics (2nd Edition). Autore Richard Twyman. Editore Garland Science

**Statistica Biomedica.**

MED/01 - 6 cfu

prof Alessandra Nardi

**Programma**

Modelli e metodi probabilistici: distribuzioni di probabilità discrete e continue. Tecniche di simulazione stocastica. Principi dell'inferenza statistica: stima puntuale e per intervallo, verifica d'ipotesi. Cenni ai modelli per sequenze (di nucleotidi, proteine,...). Il software statistico R.

**Testo consigliato**

-Statistical Methods in Bioinformatics 2nd ed., Ewens & Grant, Springer 2005

-Statistics Using R with Biological Examples di K. Seefeld 2007

[cran.r-project.org/doc/contrib/Seefeld\\_StatsRBio.pdf](http://cran.r-project.org/doc/contrib/Seefeld_StatsRBio.pdf)

- Statistica medica, Martin Bland, Ed. Apogeo