



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; studio del microbiota; 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, che verrà valutata, prima dell'immatricolazione, con un apposito test telematico. Gli studenti che non dovessero superare il test potranno comunque immatricolarsi, ma dovranno seguire un percorso di studio che comprenda anche un corso di inglese tra quelli erogati nella MacroArea di Scienze. Lo studente che fosse in possesso di un attestato/certificato comprovante un grado di conoscenza avanzato della lingua inglese, potrà sottoporlo al docente coordinatore del corso per una valutazione, in funzione dell'esonero dall'obbligo della prova di verifica preliminare di cui sopra.

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 bio-

nanotecnologico; 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* progressivo. 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: 9 ottobre 2017 - 12 gennaio 2018

II SEMESTRE: 12 marzo 2018 – 01 giugno 2018

Curriculum Biomedico

I ANNO I SEMESTRE	SSD	CFU
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

I ANNO II SEMESTRE	SSD	CFU
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
II ANNO I SEMESTRE		
Genomica e Bioinformatica dei Microrganismi	(BIO/19)	6
Medicina traslazionale e personalizzata	(MED/03)	3
I e II ANNO I e II SEMESTRE		CFU
Attività a scelta		8
II ANNO II SEMESTRE		CFU
Ulteriori attività formative e di orientamento		3
Prova finale		43

Curriculum Informatico

I ANNO I SEMESTRE	SSD	CFU
Programmazione e laboratorio programmazione	(INF/01)	6
Applicazioni web per la biomedicina	(MED/04)	6
Statistica biomedica	(MED/01)	6
Genomica e Bioinformatica dei Microrganismi	(BIO/19)	6
I ANNO II SEMESTRE		
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
II ANNO I SEMESTRE		
Basi di dati	(INF/01)	6
Medicina traslazionale e personalizzata	(MED/03)	3
I e II ANNO I e II SEMESTRE		CFU
Attività a scelta		8
II ANNO II SEMESTRE		CFU
Ulteriori attività formative e di orientamento		3
Prova finale		46

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

Il programma è coperto in maniera pressochè completa dal libro "Bioinformatics web development" disponibile online al seguente indirizzo:

http://www.cellbiol.com/bioinformatics_web_development/

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

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

Dopo ogni lezione gli studenti avranno a disposizione le relative slides in formato pdf

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

Genomica e Bioinformatica dei Microrganismi.

BIO/19 - 6 cfu

dr. Marco Maria D'Andrea

Programma

Introduzione al corso.

Panoramica sulle piattaforme di Next-Generation Sequencing (NGS) e loro utilizzo in microbiologia. Formati di *file* frequentemente utilizzati in analisi di dati NGS. Interrogazioni di databases afferenti all'International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC).

Manipolazione dei file e conversione fra formati ed estrazione dati tramite script ed interfacce web. Valutazione della qualità dei risultati di un esperimento NGS. Approcci analitici di dati NGS di microbiologia: read mapping e assemblaggio *de novo*. Annotazione di genomi batterici e di virus procariotici. Interfacce web utili per la bioinformatica dei microrganismi. Studio di comunità microbiche. Studio di evoluzione microbica.

Supporti Didattici

Dispense del corso fornite dal docente

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://bioinformatica.uniroma2.it/bioinfo/>. 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 corso fornisce allo studente una panoramica teorica e pratica delle metodologie di calcolo attualmente in uso per lo studio delle macromolecole biologiche.

Argomenti del corso sono: introduzione al sistema operativo Linux e ai programmi per la visualizzazione e la manipolazione delle macromolecole; le caratteristiche strutturali e conformazionali delle proteine e degli acidi nucleici; i livelli strutturali e i principali domini delle proteine; le banche dati delle macromolecole; i metodi per la predizione della struttura secondaria delle proteine e dell'RNA; i metodi di allineamento strutturale delle proteine; la modellazione per omologia; i metodi di Fold recognition, Threading ed *ab initio*; il drug design, le metodologie di docking molecolare e di virtual screening; la meccanica molecolare ed i metodi di minimizzazione dell'energia; la dinamica

molecolare classica e i metodi di campionamento conformazionale avanzato; i programmi di dinamica molecolare classica.

Il corso prevede 10 esercitazioni pratiche in ambiente Linux: 1) Uso dei comandi del sistema operativo Linux; 2) Uso del programma di grafica molecolare PYMOL; 3) Uso del programma di grafica molecolare CHIMERA; 4) L'allineamento strutturale di proteine attraverso il programma CHIMERA; 5) La modellazione per omologia attraverso i programmi PyMol e PyMod2; 6) Il docking molecolare proteina-proteina attraverso il programma HEX; 7) Il docking molecolare proteina-ligando attraverso il programma AutoDock; 8) Un esempio di virtual screening eseguito attraverso il programma AutoDock; 9) Uso del programma di grafica molecolare VMD; 10) Uso del programma di dinamica molecolare classica GROMACS, generazione della traiettoria e strumenti di analisi.

Libri di testo

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

prof Daniela Billi

Programma

Introduzione alla biologia sintetica. Cellula minima, cellula sintetica e genoma minimo. Tappe fondamentali nella costruzione di syn1.0, syn2.0 e syn2.3. Chassis e applicazioni della biologia sintetica. Introduzione alle tecniche di bioimaging in microscopia confocale laser. Applicazioni nello studio delle interazioni tra proteine, dinamiche sub-cellulari e impiego nei circuiti sintetici.

Modalità d'esame prova scritto e orale

Testi consigliati

Synthetic Biology - A Primer, [Freemont Paul S & Kitney Richard I.](#) Imperial College Press

Materiale didattico

Articoli recenti su argomenti trattati su "didattica web."

Chimica Generale (Curriculum Biomedico).

CHIM/03 - 6 cfu

prof Riccardo Polini

Programma

Introduzione: la teoria atomica di Dalton, legge delle proporzioni definite, legge delle proporzioni multiple. Il concetto di mole, numero di Avogadro. Principio di Avogadro. Eccezioni alla legge delle proporzioni definite (ossidi non stechiometrici). Composti e molecole. Peso atomico, peso molecolare e peso formula. La struttura atomica. Bohr e la teoria quantistica. Meccanica ondulatoria, orbitali atomici, Aufbau. Il sistema periodico degli elementi. Raggi atomici e raggi ionici. Elettronegatività. Il legame chimico. Legame ionico e cenni alla struttura dei solidi cristallini. Ciclo di Born-Haber. Legame covalente. Legame dativo. Strutture di Lewis. Regola dell'ottetto. Teoria VSEPR. Teoria del legame di

valenza (VB). Orbitali ibridi. Ottetto incompleto ed ottetto espanso. Momento dipolare. Orbitali molecolari di molecole biatomiche (MO-LCAO). Interazioni intermolecolari: ione-dipolo, dipolo-dipolo, dipolo-dipolo indotto, dipolo istantaneo-dipolo indotto, forze di Van der Waals, legame a idrogeno e sua importanza in chimica e biologia. Cenni di nomenclatura inorganica. Idrossidi e acidi. Sali, reazioni tra acidi e idrossidi, formazione di sali. Calcoli stechiometrici. Bilanciamento di reazioni chimiche. La relazione tra masse e moli. Reagente limitante. Reazioni di ossidoriduzione: bilanciamento in forma molecolare e in forma ionica. Disproporzioni.

Cenni di Termodinamica: 1°, 2° e 3° principio. Entalpia delle reazioni, Legge di Hess. Spontaneità dei processi ed energia libera di Gibbs. Lo stato gassoso. Leggi di Boyle, Charles, Gay-Lussac. Equazione di stato dei gas ideali. Distribuzione delle velocità molecolari secondo Maxwell e Boltzmann. Legge di Dalton. Densità (assolute e relative) dei gas e determinazione del peso molecolare. Gas reali: equazione di Van der Waals. Diagramma P-V della CO₂. Temperatura critica dei gas. Gli stati condensati: solidi e liquidi. Velocità molecolari dei liquidi ed evaporazione. La pressione di vapore. Equazione di Clausius-Clapeyron. Diagrammi di stato (P-T) di H₂O e CO₂. Il concetto di "equilibrio dinamico" e sua applicazione agli equilibri tra fasi. Principio di Le Chatelier. Le soluzioni. Unità di concentrazione: percentuale in peso, frazione molare, molarità e formalità, molalità, normalità e concetto di equivalente chimico in relazione al tipo di reazione considerata. Soluzioni ideali e entalpia di mescolamento. Legge di Raoult. Deviazioni positive e negative dalla legge di Raoult. Tensione di vapore di soluzioni di soluti non volatili. Abbassamento crioscopico ed ebullioscopio. Modifica del diagramma di stato dell'acqua in presenza di soluti non volatili. Pressione osmotica. Soluzioni isotoniche. Proprietà colligative.

L'equilibrio chimico. Densità anomale dei gas e dissociazione gassosa. Le reazioni chimiche di equilibrio. Equilibri omogenei ed eterogenei. Effetti della pressione sugli equilibri gassosi. Relazione tra K_c e K_p . La temperatura e l'equazione di Van't Hoff. Il Principio di Le Chatelier applicato agli equilibri chimici. I calcoli negli equilibri chimici. Cenni di cinetica chimica: velocità di reazione, energia di attivazione, equazione di Arrhenius. Gli equilibri in soluzione. Reazioni di scambio protonico. Acidi e basi, definizioni di Arrhenius, Brønsted e Lewis. Acidi e basi deboli, binomio di Van't Hoff. Proprietà colligative di elettroliti deboli. L'idrolisi salina. Soluzioni tampone. Prodotto di solubilità. Calcoli di pH di soluzioni acquose. Pile. Potenziali elettrodi. Serie elettrochimica. Pile chimiche e pile a concentrazione. Equazione di Nernst. La misura elettrochimica del pH. Elettrodo a idrogeno.

Testi consigliati

Martin S. Silberberg. Chimica - La natura molecolare della materia e delle sue trasformazioni 3/ed.

Brian B. Laird. Chimica generale. Mac Graw Hill editore

Atkins, Jones. Principi di Chimica. Zanichelli.

Whitten, Davis, Peck, Stanley, Chimica, Chemistry Editore Piccin-Speranza, Chimica Generale ed Inorganica.

Inorganic and general chemistry, editore Ediermes

Schiavello, Palmisano: Fondamenti di Chimica – EdiSES

Michelin Lausarot, Vaglio: Stechiometria per la Chimica Generale, PICCIN (esercizi)

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

BIO/06 - 6 cfu

prof Silvia Campello

Programma

Cellula eucariotica e procariotica. Principali tecniche di microscopia, tra cui 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, funzioni generali), 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. Apoptosi e Autofagia, cenni.

Tessuto epiteliale: struttura e funzione di epiteli di rivestimento e principali epiteli ghiandolari. Tessuti connettivi: classificazione struttura e funzione. Tessuto cartilagineo: pericondrio, accrescimento, tipi di cartilagine. Tessuto osseo: classificazione e descrizione, 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: fibre muscolari striate, sincizio, meccanismo di contrazione dell'unità funzionale (sarcomero), fibrocellule lisce, fibrocellule del miocardio. Tessuto nervoso: cenni di anatomia, struttura dei neuroni e meccanismo di trasmissione impulso.

Differenziamento e morfogenesi in Vertebrati; Principali tecniche istologiche e biomolecolari, tra cui 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; Vitellogenesesi; Il ciclo mestruale; La fecondazione in echinodermi e vertebrati; Segmentazione embrionale (echinodermi, anfibi, uccelli, mammiferi); Specificità regionale dell'induzione; La gastrulazione (echinodermi, anfibi, 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
Principi di Biologia Cellulare, Plopper G, Zanichelli

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 di Benjamin A.Pierce (seconda edizione italiana condotta sulla quinta edizione americana)
ZANICHELLI

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 Carlo Gaibisso

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 fisiopatologico. 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. Edito da 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

- Statistica medica, Martin Bland, Ed. Apogeo

L'elenco delle Attività A Scelta (AAS) è disponibile all'indirizzo:

<http://www.scienze.uniroma2.it/?cat=208&catParent=10>