UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI PALERMO

DIPARTIMENTO	Scienze e Tecnologie Biologiche, Chimiche e Farmaceutiche		
ANNO ACCADEMICO OFFERTA	2019/2020		
ANNO ACCADEMICO EROGAZIONE	2019/2020		
CORSO DILAUREA MAGISTRALE	BIODIVERSITA' E BIOLOGIA AMBIENTALE		
INSEGNAMENTO	GENETICA E GENOMICA C.I.		
CODICE INSEGNAMENTO	18619		
MODULI	Si		
NUMERO DI MODULI	2		
SETTORI SCIENTIFICO-DISCIPLINARI	BIO/18, BIO/03		
DOCENTE RESPONSABILE	FEO SALVATORE	Professore Ordinario	Univ. di PALERMO
ALTRI DOCENTI	FEO SALVATORE PALLA FRANCO	Professore Ordinario Professore Associato	Univ. di PALERMO Univ. di PALERMO
CFU	9		
PROPEDEUTICITA'			
MUTUAZIONI			
ANNO DI CORSO	1		
PERIODO DELLE LEZIONI	2° semestre		
MODALITA' DI FREQUENZA	Facoltativa		
TIPO DI VALUTAZIONE	Voto in trentesimi		
ORARIO DI RICEVIMENTO DEGLI STUDENTI	**FEO SALVATORE** Lunedì 12:00 14:00 Via Real Mastranza, Caltanissetta Martedì 10:00 12:00 Viale delle Scienze Dip. STEBICEF, Palermo Mercoledì 12:00 14:00 Via Real Mastranza, Caltanissetta Giovedì 10:00 12:00 Viale delle Scienze Dip. STEBICEF, Palermo **PALLA FRANCO** Lunedì 15:00 17:00 Studio del docente, Dipartimento STEBICEF - Sez Botanica ed Ecologia vegetale, via Archirafi 38 - I piano, 90123 Palermo Mercoledì 15:00 17:00 Studio del docente, Dipartimento STEBICEF - Sez Botanica ed Ecologia vegetale, via Archirafi 38 - I piano, 90123 Palermo Venerdì 14:00 16:00 Studio del docente, Dipartimento STEBICEF - Sez Botanica ed Ecologia vegetale, via Archirafi 38 - I piano, 90123 Palermo		

DOCENTE: Prof. SALVATORE FEO

PREREQUISITI	Lo studente che accede a questo insegnamento deve possedere una buona conoscenza di genetica di base e biologia molecolare unitamente ad una buona comprensione dei principali processi cellulari che avvengono nelle cellule procariote ed eucariote
RISULTATI DI APPRENDIMENTO ATTESI	Conoscenza e capacita' di comprensione: Comprensione degli eventi molecolari alla base dell'evoluzione degli acidi nucleici e delle proteine; accesso ai loro metodi di studio attraverso le banche dati. Capacita' di comprendere come usare Famiglie di Geni, RNA e Proteine come modelli per lo studio dell'evoluzione e della biodiversita. Capacita' di applicare conoscenza e comprensione: Il corso si propone di rendere lo studente capace di assimilare e rielaborare in modo critico le conoscenze acquisite, finalizzate a comprenderne la logica molecolare. Autonomia di giudizio: Gli studenti sono guidati ad apprendere in maniera critica e responsabile tutto cio' che viene spiegato loro in aula e ad arricchire le proprie capacita' di giudizio attraverso la lettura e la discussione di pubblicazioni su riviste altamente qualificate su problemi scientifici di larga diffusione mediatica per potere meglio elaborare e maturare lo sviluppo della disciplina e affrontare problemi scientifici. Abilita' comunicative: Il corso si prefigge di sviluppare la capacita' dello studente di esporre in modo chiaro e rigoroso, le conoscenze acquisite. Al termine del corso lo studente deve essere in grado di enunciare in modo corretto e con lessico adeguato definizioni, problemi e meccanismi riguardanti i contenuti del corso stesso. Capacita' d'apprendimento: La capacita' di apprendimento sara' monitorata durante tutto lo svolgimento del corso attraverso la discussione partecipata in aula e le prove in itinere. Il corso si prefigge di sviluppare capacita' di apprendimento per intraprendere studi di livello superiore e acquisire strumenti e strategie per l'ampliamento delle proprie conoscenze nell'ambito delle discipline biologiche utili per promuovere e sviluppare attivita' di ricerca.
VALUTAZIONE DELL'APPRENDIMENTO	Le prove che concorrono alla valutazione dello studente sono: una prove scritta semi-strutturate (da svolgersi a meta' corso "prova in itinere") e una presentazione orale in power point da effettuare in aula alla fine del corso su un argomento concordato con il docente. Il voto finale in trentesimi sara' dato dall'insieme delle valutazioni ottenute nella prova scritta e nella presentazione orale. Le verifiche descritte sopra mirano a valutare se lo studente abbia acquisito conoscenza e comprensione degli argomenti, abbia acquisito competenza interpretativa e autonomia di giudizio e sia in possesso di un'adeguata capacita' analitica ed espositiva. L'esame e' superato con la votazione di 18, che corrisponde al possesso delle minime conoscenze dei contenuti dell'insegnamento limitate agli argomenti principali. Votazioni progressivamente superiori verranno assegnate sulla base della preparazione e abilita' mostrate dallo studente nello svolgimento delle suddette prove.
ORGANIZZAZIONE DELLA DIDATTICA	Lezioni frontali, esercitazioni in aula,

MODULO
APPLICAZIONI MOLECOLARI E OGM

Prof. FRANCO PALLA

TESTI CONSIGLIATI

Browwn T.A. 2016. Biotecnologie molecolari-II edizione. Zanichelli
Dale J. W. et al 2013. Dai Geni ai Genomi, III edizione. EdiSES
Lesk A.M. 2009. Introduzione alla genomica. Zanichelli
Watson J.D. et al 2009. Biologia Molecolare del gene, VI edizione. Zanichelli
Dispense (cartacee e multimediali) e pubblicazioni scientifiche fornite dal docente.

TIPO DI ATTIVITA'	C
AMBITO	20879-Attività formative affini o integrative
NUMERO DI ORE RISERVATE ALLO STUDIO PERSONALE	47
NUMERO DI ORE RISERVATE ALLE ATTIVITA' DIDATTICHE ASSISTITE	28

OBIETTIVI FORMATIVI DEL MODULO

Obiettivo del corso e' di fornire allo studente opportune conoscenze per comprendere la struttura del DNA genomico (cellulare, mitocondriale, cloroplastico), per identificare e definire le porzioni utili per la identificazione molecolare degli individui, per la realizzazione di dendrogrammi e alberi filogenetici Lezioni teoriche sono svolte valutando e scegliendo i protocolli tecnologici adeguati allo studio del DNA genomico e allo studio delle omologie di sequenze del DNA. Sono esaminate criticamente le possibili applicazioni e l'utilizzo di protocolli metodologici per la realizzazione di organismi geneticamente modificati di origine vegetale. Il loro impatto sull'ambiente e sulla salute dell'uomo e degli animali, considerando anche gli insetti no-target, e' valutato alla luce delle implementazioni nella sicurezza e del crescente numero di eventi OGM disponibili. Durante le esercitazioni sono utilizzati i protocolli tecnologici inerenti le tematiche affrontate durante le lezioni frontali.

PROGRAMMA

ORE	Lezioni
2	Struttura del DNA genomico in sistemi procariotici ed eucariotici.Genoma nucleare, mitocondriale, cloro plastico.
3	Analisi del genoma, loci, marcatori molecolari (ITS, ISSR, CYO, rcbL)
2	Organismi e Microrganismi Geneticamente Modificati (OGM-MOGM). L'ingegneria genetica in piante. Coltura in vitro di cellule vegetali,sSelezione e analisi di piante transgeniche Arabdopsis thaliana
3	Metodologie per la rivelazione di eventi OGM in alimenti per l'uomo (prodotti per l'infanzia, farine di mais e soia) e per gli animali (mangimi semplici e composti).
2	PCR quantitativa fluorescente (protocollo Syber green, Taqman). Sequenziamento del DNA metodo Sanger, Next generation sequencing, Pyrosequencing
2	Sequenziamento del DNA metodo Sanger, Next generation sequencing, Pyrosequencing
2	Effetto delle piante OGM su insetti non-target, effetti sulla biodiversita

ORE	Esercitazioni
4	Preparazione dei tessuti vegetali: foglie, semi, farine, mangimi. Estrazione del DNA genomico da matrici vegetali. Estrazione del DNA genomico da tessuti animali: insetti Estrazione DNA genomico da cellule microbiche.
4	Definizione di specifiche sequenze bersaglio dei genomi nucleare, mitocondriale, cloro plastico Amplificazione in vitro dei marcatori molecolari, specifici per i genomi di cellule eucariotiche (animali, vegetali) e procariotiche. Analisi delle sequenze e dei profili elettroforetici. Stesura di dendrogrammi e alberi filogenetici
4	"Test amplificabilita' del DNA". PCR e PCR multiplex per la rivelazione di eventi transgenici in matrici vegetali-animali.

MODULO
APPLICAZIONI DI GENETICA

Prof. SALVATORE FEO

TESTI CONSIGLIATI	
P. Meneely - Analisi Genetica Avanzata - McGraw-Hill G Gibson, S.V. Muse, Introduzione alla Genomica, Zanichelli G. A. Caldwell et al., Genomica integrata, Ed. Edises Articoli ed altro materiale monografico in lingua inglese verra' fornito dal docente durante il corso.	
TIPO DI ATTIVITA'	B
AMBITO	50507-Discipline del settore biomolecolare
NUMERO DI ORE RISERVATE ALLO STUDIO PERSONALE	98
NUMERO DI ORE RISERVATE ALLE ATTIVITA' DIDATTICHE ASSISTITE	52
OBIETTIVI FORMATIVI DEL MODULO	
Obiettivo del modulo di Applicazioni di genetica e' fornire conoscenze ed informazioni sulla struttura ed organizzazione dei genomi per definire le relazioni filogenetiche tra diversi organismi, la loro storia evolutiva ed i meccanismi molecolari alla base dell'evoluzione.	

PROGRAMMA

ORE	Lezioni
6	Introduzione al corso. Principi dell'analisi genetica. Organismi modello e organizzazione dei loro genomi: Lievito, Drosofila, Caenorhabditis, Arabidopsis, Topo. Utilizzo banche dati genomici: Flybase, Wormbase, TAIR e MGI.
10	Metodologie per l'analisi globale dei genomi e della loro plasticita' (aCGH, ChIP-on-ChIP, exoma, sequenziamento, etc.). La tecnologia dei microarrays: microarray per lo studio degli SNPs, dell'espressione globale (mRNA e miRNA), dei CNV e per le interazioni DNA-proteina. I database di espressione genica e l'analisi statistica dei dati.
8	Genomica comparativa e filogenesi molecolare: alberi filogenetici basati sullla comparazione di sequenze di DNA e proteine. Applicazione della filogenesi molecolare: le origini genetiche dell'uomo moderno; tecniche di sequenziamento del DNA antico, NGS (New generation sequencing) . La metagenomica, gli EGT (Environmetal gene tags).
12	Evoluzione dei genomi eucariotici. Meccanismi di evoluzione del genoma: duplicazione genica , intera duplicazione del genoma, elementi trasponibili, mutazione, pseudogeni, exon mischiare, riduzione del genoma e la perdita di geni, evoluzione del genoma e speciazione. Sistemi di classificazione per i geni, la struttura e la funzione, le famiglie geniche.

ORE	Esercitazioni
12	Computational Systems Biology. Sara' fornita una panoramica e verranno discusse le piu' recenti risorse bioinformatiche disponibili sul web rilevanti per indagini di genomica funzionale. Queste includeranno: i genome browser (EMBL-EBI-Ensembl, NCBI-Genome, UCSC-encode), tools per l'annotazione di geni e proteine (GenCards), data repository di microarray/sequenze (NCBI-GEO, EMBL-EBI-Array Express) e analisi di pathway (DAVID, WEBGESTALT). Verranno, inoltre, fornite istruzioni sull'utilizzo di tools per l'integrazione dei dati per la costruzione di network regolativi e la modellizzazione dei dati.