UNIVERSITÀ DI PISA

BIOINFORMATICA

FLAVIA MASCAGNI

Anno accademico	2022/23
CdS	BIOTECNOLOGIE VEGETALI E MICROBICHE
Codice	303GG
CFU	6

Moduli	Settore/i	Tipo	Ore	Docente/i
BIOINFORMATICA	AGR/07	LEZIONI	64	FLAVIA MASCAGNI

Obiettivi di apprendimento

Conoscenze
Lo studente che completa con successo il corso sarà in grado di dimostrare una solida conoscenza dei principi fondamentali di bioinformatica e dei programmi utili al fine di manipolare, analizzare e immagazzinare dati di sequenze di ultima generazione. Queste competenze gli permetteranno di affrontare le principali problematiche nel campo della genomica strutturale e funzionale, in relazione alla struttura, contenuto, funzione ed evoluzione del genoma e all'analisi del trascrittoma mediante tecnologie di sequenziamento di ultima generazione.

Modalità di verifica delle conoscenze
Per l'accertamento delle conoscenze saranno svolti incontri tra il docente e gli studenti che si svolgeranno con lezioni di accertamento finalizzate alla valutazione delle conoscenze acquisite.

Capacità
Durante la prova di verifica lo studente deve essere in grado di dimostrare la sua conoscenza del programma del corso ed essere in grado di argomentare i quesiti proposti con proprietà di termini e di linguaggio.

Modalità di verifica delle capacità
Verifiche periodiche mediante test a scelta multipla

Comportamenti
Alla fine del corso lo studente potrà sviluppare sensibilità alle problematiche riguardanti la bioinformatica e l'analisi di sequenze. In particolare

- la capacità di utilizzare gli strumenti bioinformatici proposti
- conoscenza base di R

Modalità di verifica dei comportamenti
La verifica dei comportamenti sarà effettuata attraverso periodiche valutazioni dell'apprendimento mediante discussioni in classe, ma anche durante le esercitazioni di bioinformatica

Prerequisiti (conoscenze iniziali)
Per affrontare l'insegnamento di bioinformatica sono necessarie conoscenze iniziali di genetica e biologia.

Indicazioni metodologiche

- le lezioni frontali si svolgono con l'ausilio di diapositive
- l'interazione tra docente e studenti avviene anche mediante ricevimenti e posta elettronica

UNIVERSITÀ DI PISA

Programma (contenuti dell'insegnamento)

Introduzione alla bioinformatica.
Ricerca di similarità tra sequenze
Comparazione di sequenze: metodi basati sull'utilizzo di soluzioni euristiche (Fasta, Blast).
Mappatura di short reads e relativi algoritmi.
Assemblaggio di genomi:
- Assemblatori greedy graph based, OLC e basati sull'impiego di grafi di de Brujin.
- Valutazione della qualità degli assemblaggi: analisi della coverage, identificazione di microeterogeneità e breakpoints.
- Orientamento ed ordinamento di contig su un genoma di riferimento:
Identificazione di geni in genomi procarioti: strategie, algoritmi.
Identificazione di geni in genomi eucarioti mediante l'impiego di Hidden markow models.
Trascrittomica. Mappaggio di RNA-Seq, ricostruzione del trascrittoma, analisi dell'espressione differenziale
Identificazione in silico di varianti strutturali: SNP, inserzioni, delezioni, duplicazioni ed inversioni
Annotazione degli gli elementi ripetuti (con library, con caratteristiche strutturali, ab intio.)

Bibliografia e materiale didattico

-Jonathan Pevsner “Bioinformatics and Functional Genomics”, 2nd Edition ISBN: 978-0-470-08585-1 ©2009, Wiley-Blackwell
- Fondamenti di bioinformatica di Manuela Helmer Citteric, Fabrizio Ferrè, Giulio Pavesi, Zanichelli, 2018
- slide messe a disposizione da parte della docente

Indicazioni per non frequentanti

Gli studenti non frequentanti possono seguire lo svolgimento delle lezioni utilizzando il materiale didattico messo a disposizione dal docente e seguendo il registro delle lezioni del docente. La frequenza delle esercitazioni di bioinformatica è fortemente consigliata

Modalità d'esame

Esame finale scritto/orale

Ultimo aggiornamento 25/01/2023 16:21