



# UNIVERSITÀ DI PISA

---

## BIOLOGIA MOLECOLARE AVANZATA

VITTORIA RAFFA

Academic year	2023/24
Course	BIOTECNOLOGIE MOLECOLARI
Code	369EE
Credits	6

Modules	Area	Type	Hours	Teacher(s)
BIOLOGIA MOLECOLARE AVANZATA	BIO/11	LEZIONI	56	VITTORIA RAFFA

### Obiettivi di apprendimento

#### Conoscenze

Al termine del corso lo studente avrà acquisito conoscenze in merito alle metodologie moderne per la conduzione di studi molecolari su larga scala di trascrittomico, epigenomico e proteomico. Lo studente sarà in grado di condurre in modo autonomo un'analisi elementare di trascrittomico

Lo studente approfondirà inoltre le conoscenze circa i meccanismi di regolazione dell'espressione genica negli eucarioti.

Le conoscenze acquisite riguarderanno in particolare:

- epigenetica ed epigenomico
- regolazione dell'espressione genica trascrizionale, co-trascrizionale e post-trascrizionale e metodi di studio
- maturazione dei trascritti e trascrittomico
- interazione proteina-proteina e proteomico

#### Modalità di verifica delle conoscenze

Per l'accertamento delle conoscenze il docente:

- durante la prima lezione chiede agli studenti di presentarsi e si presenta lei stessa; promuove attivamente l'instaurarsi di un dialogo di classe che è propedeutico ad una sincera comunicazione tra studente e docente
- difficilmente sta alla cattedra ma si rivolge agli studenti per facilitare il colloquio e cogliere atteggiamenti che denotano una comprensione parziale di quanto esposto
- chiede periodicamente durante la lezione se il concetto appena esposto risulta chiaro
- pone agli studenti domande sui concetti esposti e valuta le risposte
- fornisce esempi pratici alla classe o pone problemi/questiti chiedendo a volontari di cimentarsi nella soluzione
- pone talora test scritti da compilare in forma anonima per valutare il livello raggiunto dalla classe

#### Capacità

Al termine del corso:

- Acquisizione di nozioni approfondite circa meccanismi di regolazione dell'espressione genica negli eucarioti. Studio delle scienze "omiche", con particolare attenzione alla genomica, trascrittomico, epigenomico, proteomico e interatomico. Conoscenze di tutte le principali tecnologie ed approcci per la conduzione di studi su larga scala. Tale conoscenze potranno essere utilizzate per la comprensione di meccanismi molecolari fisiologici e patologici, con un approccio moderno e attuale.
- lo studente saprà pianificare esperimenti molecolari con un approccio "data driven" piuttosto che "hypothesis driven"
- lo studente sarà in grado di valutare criticamente quale sia la migliore tecnologia per la risoluzione di uno specifico problema "omico"

#### Modalità di verifica delle capacità

Per l'accertamento delle capacità il docente:

- durante la prima lezione chiede agli studenti di presentarsi e si presenta lei stessa; promuove attivamente l'instaurarsi di un dialogo di classe che è propedeutico ad una sincera comunicazione tra studente e docente
- difficilmente sta alla cattedra ma si rivolge agli studenti per facilitare il colloquio e cogliere atteggiamenti che denotano una comprensione parziale di quanto esposto
- chiede periodicamente durante la lezione se il concetto appena esposto risulta chiaro



## UNIVERSITÀ DI PISA

---

- pone agli studenti domande sui concetti esposti e valuta le risposte
- fornisce esempi pratici alla classe o pone problemi/questioni chiedendo ai volontari di cimentarsi nella soluzione
- pone talora test scritti da compilare in forma anonima per valutare il livello raggiunto dalla classe

### Comportamenti

Lo studente sarà in grado di leggere, interpretare e comprendere i dati provenienti da sequenziamenti o esperimenti ad alto rendimento comunemente pubblicati su articoli e altre riviste di divulgazione scientifica

### Modalità di verifica dei comportamenti

Durante le sessioni di laboratorio/esercitazioni saranno svolti esercizi pratici basati su dati disponibili in letteratura o dati sperimentali provenienti dalle attività di ricerca del docente e saranno valutati il grado di accuratezza e precisione delle attività svolte

### Prerequisiti (conoscenze iniziali)

La conoscenza dei concetti di biologia molecolare e di biostatistica rende più fruttuoso l'apprendimento dei concetti esposti durante il corso. **Lo studente è invitato a verificare l'esistenza di eventuali propedeuticità consultando il Regolamento del Corso di studi relativo al proprio anno di immatricolazione. Un esame sostenuto in violazione delle regole di propedeuticità è nullo (Regolamento didattico d'Ateneo, art. 24, comma 3)"**

### Indicazioni metodologiche

modo in cui si svolgono le lezioni: lezioni frontali, con ausilio di lucidi. Talora il docente fa uso di filmati didattici reperiti nel web  
modo in cui si svolgono le esercitazioni in aula/laboratori: si usano i PC del docente e personali degli studenti  
tipo di strumenti di supporto: il docente dedica un certo numero di ore di lezione (generalmente 4-8) per seminari tenuti da docenti altamente specializzati provenienti spesso dall'estero  
tipo di uso del sito di elearning del corso: scaricamento materiali didattici e comunicazioni docente-studenti  
tipo di interazione tra studente e docente: uso di ricevimenti, uso della posta elettronica, uso di skype  
uso parziale o totale di lingue diverse dall'italiano: i seminari e i filmati didattici sono spesso in lingua inglese

### Programma (contenuti dell'insegnamento)

#### REGOLAZIONE DELL'ESPRESSIONE GENICA NEGLI EUKARIOTI

Ruolo topologico e funzionale della cromatina. Meccanismi di controllo epigenetico. Regolazione dell'espressione genica a livello trascrizionale: meccanismi generali. Regolazione dell'espressione genica a livello co-trascrizionale e maturazione dei trascritti primari. Controllo post-trascrizionale. Esportazione nucleare degli mRNA. Stabilità degli mRNA e meccanismi di decadimento dell'mRNA. Controllo di qualità nucleare e citoplasmatica. Sintesi proteica locale e localizzazione intracellulare degli RNA. RNA editing e decadimento dell'mRNA. Ruolo regolatorio dei non-coding. Controllo tradizionale e post-traduzionale.

#### TRASCRIPTOMICA

Tecnologie di analisi di profili di espressione: banche di EST, SAGE, microarray. Metodi di sequenziamento di nuova generazione (Illumina, Roche, SOLID, Ion torrent) e sequenziamento a singola molecola (PacBio, Oxford Nanopore). Esercitazione di trascrittomica (pianificazione esperimenti, estrazione, preparazione libreria, piattaforma galaxy per la gestione dei dati).

Introduzione all'epigenomica e studi su larga scala: ChIP-chip e ChIP-Seq. Rivelazione delle citosine metilate mediante studi su larga scala basati su differenti metodologie (digestione con endonucleasi sensibili a metilazioni, arricchimento per affinità, trattamento con bisolfito).

#### PROTEOMICA e INTERATTOMICA

Introduzione alla proteomica. Spettrometria di massa (ESI e Maldi). Problematiche della proteomica e nuovi approcci per analisi di proteine e proteomi basati su nanotecnologie. Interattomica: analisi di reti di interazioni proteiche e studio dei domini di interazione. Metodi analitici (pull-down, TAP) e metodi sintetici (Phage Display, Doppio Ibrido).

### Bibliografia e materiale didattico

Il materiale didattico è in gran parte costituito da articoli (review) selezionate dal docente. Contenuti di base sono consultabili tramite materiali di testo già in possesso dallo studente (Amaldi, Cox o GeneX o altre edizioni)

### Indicazioni per non frequentanti

Utilizzare i ricevimenti per sopperire ad eventuali lacune

### Modalità d'esame

Sarà richiesto agli studenti di condurre l'analisi di un dataset di trascrittomica e presentarlo all'esame. La prova orale consiste in un colloquio tra il candidato e il docente/i. Durante la prova orale potrà essere richiesto al candidato di risolvere anche i problemi del "ricercatore" ovvero cercare di approcciare col giusto metodo scientifico un problema sperimentale e pianificare l'esperimento. La durata media del colloquio è 30 minuti, il numero delle domande è generalmente 3.

### Altri riferimenti web

-



## UNIVERSITÀ DI PISA

---

### Note

Commissione di esame

Presidente: Vittoria Raffa

Due membri: Chiara Gabellini, Andrea Cerase

Presidente supplente: Chiara Gabellini

Due membri supplenti: Tiziana Julia Nadjeschda Schmidt, Sara De Vincentiis, Alice Usai, Sultana Konstantinidou

*Ultimo aggiornamento 12/09/2023 18:24*