



GUIDA DIDATTICA del CORSO di LAUREA MAGISTRALE in BIOINFORMATICA

Anno accademico 2022/23

L'orizzonte culturale

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 (nelle classi di Fisica, Matematica, Informatica e Ingegneria Informatica). 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 complessivo sarà dedicato all'elaborazione di un progetto di ricerca individuale che sarà portato avanti presso uno dei gruppi di ricerca del Dipartimento o presso gruppi di ricerca esterni secondo quanto previsto dal Regolamento. Gli studenti della LM in Bioinformatica fruiscono di un'aula informatizzata, che è utilizzata per le lezioni e, nel tempo restante, è lasciata a disposizione degli studenti per studiare e lavorare ai progetti dei corsi.

Il corso di studi in breve

Il *curriculum* Informatico, per studenti provenienti da corsi di LT nelle classi di Biologia 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 nelle classi di Informatica, Ingegneria Informatica, Fisica e Matematica, comprende corsi di base in biologia, chimica, biochimica, genetica, biologia cellulare e 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, genomica dei microrganismi, medicina personalizzata.

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

Requisiti di 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.
2. 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 Coordinatore stesso.

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.

Modalità di accesso

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

Possibilità di *part-time*

È 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.

Il regolamento per il *part-time* è disponibile all'indirizzo <http://delphi.uniroma2.it> utilizzando il *link* "iscrizione come studente a tempo parziale" insieme alle tabelle e alle procedure previste per questo tipo di iscrizione.

Date per le immatricolazioni al corso di laurea magistrale in Bioinformatica

Termine immatricolazione: come indicato sul bando di ammissione al corso di laurea

Scadenza immatricolazioni: come indicato sul bando di ammissione al corso di laurea

<u>Inizio delle lezioni:</u>	I° semestre	3 ottobre 2022 - 23 dicembre 2022
	II° semestre	6 marzo 2023 - 26 maggio 2023

Trasferimenti

Il trasferimento da altri atenei può essere accolto in base alle possibilità logistiche e allo studente potranno essere riconosciuti i crediti conseguiti nella carriera pregressa. Gli studenti dovranno presentare domanda preliminare entro i termini indicati sul bando di ammissione.

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 molecolare, dinamica molecolare, docking molecolare, 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 in conformità a esperienze analoghe che hanno successo in Gran Bretagna, Germania, Stati Uniti, Australia, Israele e altri paesi, sfruttando le competenze dei numerosi e autorevoli gruppi di ricerca presenti nella Macroarea di Scienze.

Risultati di apprendimento attesi, espressi tramite i descrittori di Dublino del titolo di studio

Capacità di applicare conoscenza e comprensione (*applying knowledge and understanding*)

Il laureato magistrale in Bioinformatica: conosce la genomica e la biologia moderna dedicata al settore; possiede buone conoscenze di genetica a livello molecolare e cellulare; possiede buone conoscenze informatiche con particolare riferimento ai linguaggi di programmazione e *scripting*, alle basi di dati, agli algoritmi; possiede una buona formazione biologica di base e delle sue applicazioni, con particolare riguardo all'ambito molecolare, riguardo biomolecole in condizioni normali e alterate, alle loro interazioni reciproche in cellule, tessuti e organismi, alla regolazione dell'espressione genica e agli effetti ambientali; possiede una buona conoscenza dei principali strumenti matematici, statistici, informatici, fisici e chimici; possiede una conoscenza di base approfondita e completa degli strumenti informatici necessari ad elaborare i diversi tipi di dati di interesse biologico (sequenze e strutture nucleotidiche e proteiche, genomi, dati di trascrittomica, proteomica, interattomica e biologia sintetica); possiede un'ottima padronanza dei metodi matematici e statistici applicati alla gestione dei dati sperimentali; possiede le competenze per progettare in maniera autonoma programmi di ricerca nel settore della bioinformatica; possiede un'approfondita conoscenza dello stato dell'arte nei settori di ricerca della bioinformatica e della biologia cellulare e molecolare sa utilizzare e/o sviluppare gli strumenti informatici necessari alla risoluzione dei problemi di interesse biomedico; è in grado di effettuare analisi genomiche, proteomiche, interattomiche e strutturali; possiede capacità di *problem solving*; è in grado di applicare il metodo scientifico e di redigere rapporti tecnico-scientifici sull'attività svolta, sia in Italiano che in Inglese; ha padronanza delle tecniche di programmazione; ha padronanza delle metodiche sperimentali nel settore informatico; ha padronanza delle metodiche nel settore della implementazione e gestione di banche dati di tipo biologico; ha padronanza delle metodiche nel settore della analisi di biosequenze, del *protein modelling*, *molecular dynamics simulation* e *drug design*. Queste competenze sono ottenute tramite insegnamenti e attività di laboratorio e durante lo svolgimento della tesi. La verifica delle conoscenze e della capacità di comprensione è eseguita tramite prove pratiche, scritte e orali e all'esame di laurea.

Autonomia di giudizio (*making judgements*)

I laureati magistrali devono: essere in grado di eseguire autonomamente osservazioni ed esperimenti nel settore della bioinformatica; avere capacità di ragionamento critico e di valutazione dei dati per

razionalizzarli in un modello interpretativo.

Abilità comunicative (communication skills)

I laureati magistrali devono: essere in grado di lavorare in un gruppo interdisciplinare; essere in grado di comunicare in modo chiaro e privo di ambiguità le proprie conoscenze o i risultati della propria ricerca, sia in forma scritta che orale, adeguando il livello della comunicazione agli interlocutori cui è rivolta; saper comunicare efficacemente anche in lingua Inglese. Tali abilità saranno acquisite durante i corsi e durante la preparazione della tesi e con la partecipazione a gruppi di studio e attività seminariali anche in Inglese. La verifica avverrà durante queste attività e nella prova finale.

Capacità di apprendimento (learning skills)

I laureati magistrali devono: saper apprendere in modo autonomo attingendo a testi avanzati in lingua Italiana e Inglese; saper eseguire ricerche bibliografiche anche di livello avanzato, selezionando gli argomenti rilevanti; essere in grado di ottenere e utilizzare dati pubblici di archivio per le proprie ricerche. Queste capacità sono acquisite progressivamente durante gli insegnamenti, nelle esercitazioni bibliografiche e nei tirocini, anche attraverso lo studio di specifici problemi di ricerca, e durante il lavoro di tesi, affrontando nuovi campi di ricerca. Sono anche verificate *in itinere* durante gli esami.

Ambiti occupazionali previsti per i laureati

Molti sbocchi professionali sono disponibili soprattutto nell'ambito di attività di ricerca e 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.

Struttura della didattica

Frequenza

Gli insegnamenti hanno una durata semestrale e/o annuale. La frequenza alle lezioni non è obbligatoria, ma vivamente consigliata, soprattutto per i corsi che prevedono una parte pratica importante.

Tirocini/Stage

L'attività di tirocinio/stage è curriculare nel corso di laurea in Bioinformatica. L'Ateneo ha attivato un servizio di assistenza per i tirocini esterni (<http://www.scienze.uniroma2.it/?cat=19&catParent=16>).

Tirocinio e Prova finale

Il tirocinio consiste nella realizzazione di un progetto di ricerca originale di contenuto bioinformatico, con un relatore interno o esterno, come di seguito specificato. Lo studente acquisisce per il curriculum Informatico 49 CFU, di cui 46 CFU per il Tirocinio Sperimentale e per Ulteriori Attività Formative (art. 10, comma 5, lettera d) e 3 CFU per la Prova Finale, per il curriculum Biomedico 46 CFU, di cui 43 CFU per il Tirocinio Sperimentale e per Ulteriori Attività Formative (art. 10, comma 5, lettera d) e 3 CFU per la Prova Finale. La prova finale consiste nella preparazione e discussione di un'ampia relazione scritta, frutto di una **originale e autonoma** elaborazione dello studente nel settore prescelto e derivante

dalla attività sperimentale in laboratorio su un argomento attuale di ricerca proposto dal relatore. La compilazione della relazione deve attenersi alle regole e allo stile descritti in <http://www.scienze.uniroma2.it/?cat=214&catParent=10>. In caso di relatore esterno (ovvero relatore non appartenente alla Docenza impegnata nei CdS di area biologica), il lavoro di tesi e la stesura della relazione saranno anche seguiti da un relatore interno, cui lo studente dovrà fare riferimento con aggiornamenti regolari. La relazione potrà anche essere redatta in lingua Inglese, comportando un incremento di punteggio nel voto finale di laurea. Si ricorda che è comunque obbligatorio presentare la versione in Italiano della relazione scritta. La discussione avviene in seduta pubblica davanti a una commissione di docenti che esprime la valutazione complessiva in centodecimi, eventualmente anche con la lode. Ai fini del voto finale di laurea saranno incentivati anche quegli studenti che avranno maturato un'esperienza all'estero.

Per informazioni <http://www.scienze.uniroma2.it/?cat=214&catParent=10>.

OFFERTA FORMATIVA
Curriculum "BIOMEDICO"

1° ANNO

I° semestre

[C]	Bio/18	Genetica	6 cfu
[AI]	Bio/10	Biochimica	6 cfu
[C]	Med/01	Statistica Biomedica	6 cfu
[C]	Bio/11	Biologia Molecolare e Bioinformatica	9 cfu
[AI]	Chim/03	Chimica generale	6 cfu
[C]	Bio/06	Fondamenti di Biologia Cellulare e dello Sviluppo	3 cfu

II° semestre

[C]	Bio/11	Biologia Sintetica e Bioimaging	6 cfu
[C]	Bio/11	Bioinformatica	6 cfu
[C]	Bio/11	Bioinformatica Strutturale	6 cfu
[C]	Bio/06	Fondamenti di Biologia Cellulare e dello Sviluppo	3 cfu

2° ANNO

I° semestre

[C]	Bio/19	Genomica e Bioinformatica dei Microrganismi	6 cfu
[AI]	Med/03	Medicina Traslazionale e Personalizzata	3 cfu
		Attività a scelta	8 cfu

2° ANNO

II° semestre

[F]	---	Tirocinio	3 cfu
[E]	---	Prova Finale	43 cfu

* * * * *

Curriculum "INFORMATICO"

1° ANNO

I° semestre

[AI]	Inf/01	Programmazione e Laboratorio di Programmazione	6 cfu
[AC]	Med/07	Applicazioni Web per la Biomedicina	6 cfu
[C]	Med/01	Statistica Biomedica	6 cfu
[C]	Bio/19	Genomica e Bioinformatica dei Microrganismi	6 cfu

II° semestre

[C]	Bio/18	Genomica ed Elementi di Genetica Statistica	6 cfu
[C]	Bio/10	Proteomica Cellulare e Principi di Proteomica	6 cfu
[C]	Bio/11	Biologia Sintetica e <i>Bioimaging</i>	6 cfu
[C]	Bio/11	Bioinformatica	6 cfu
[C]	Bio/11	Bioinformatica Strutturale	6 cfu

2° ANNO

I° semestre

[AI]	Inf/01	Basi di Dati	6 cfu
[AI]	Med/03	Medicina Traslazionale e Personalizzata	3 cfu
		Attività a scelta	8 cfu

II° semestre

[F]	---	Tirocinio	3 cfu
[E]	---	Prova Finale	46 cfu

*Legenda:**[C] Insegnamenti Caratterizzanti**[AI] Insegnamenti Affini e Integrativi**[D] A scelta dello studente**[F] Tirocini formativi e di orientamento**[E] Prova finale*

* * * * *

Corsi a Scelta

Gli insegnamenti di Attività a Scelta (AAS) dello studente sono proposti dal CdLM per ogni Anno Accademico, e pertanto hanno **decorrenza annuale**. Le AAS sono organizzate come lezioni frontali e/o esercitazioni di laboratorio e alcune sono tenute in lingua Inglese. L'elenco delle AAS per l'AA 2020/21, i docenti, i semestri di attivazione e le modalità di certificazione sono presenti al seguente link: <http://www.scienze.uniroma2.it/?cat=208&catParent=10>

Gli studenti del CdLM in Bioinformatica possono sostenere le AAS riservate ai CdLM oppure possono anche utilizzare come AAS tutti gli insegnamenti curriculari di altri CdL e CdLM all'interno

dell'Ateneo di pari livello (previa approvazione da parte della Commissione Didattica preposta). L'acquisizione dei crediti delle attività a scelta è possibile solo al completamento di tutti i CFU richiesti (8 CFU).

* * * * *

Programmi degli insegnamenti

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

APPLICAZIONE WEB PER LA BIOMEDICINA - 6 CFU

Dott. Andrea Cabibbo

- Come funziona il web: clients, servers, routers, DNS, protocolli
 - Concetto di applicazione per il web: interfaccia utente, processamento dati, generazione output.
- Introduzione su come HTML, CSS, Javascript e i linguaggi di scripting entrano in gioco.
- Allestire un server web
 - Introduzione all'hardware
 - Installazione del sistema operativo (Linux Ubuntu)
 - Installazione e configurazione del web server LAMP (Apache, MySQL, PHP)
 - Installazione di un server SSH
 - Interagire con un server sulla rete: il protocollo SSH, terminal sessions, editor nano, trasferimento files
 - Pagine web, struttura: programmazione HTML - HTML 5.0
 - Pagine web, aspetto e stili: CSS
 - Pagine web, funzionalità aggiuntive: Javascript
 - Sviluppo di web forms e invio dei dati ad uno script
 - Ricezione e processamento dati con uno script con PHP
 - Le basi del PHP: variabili, operatori, condizionali, cicli, espressioni regolari
 - Sviluppo di diversi esempi di applicazioni web su argomenti di Biologia Molecolare ed Immunologia
- Modalità di esame: l'esame è esclusivamente orale, le domande d'esame vertono su tutti gli argomenti del corso. Per il PHP viene richiesta la soluzione di un problema pratico di programmazione.

Testi consigliati

Il programma è coperto in maniera pressochè completa dal libro del Dott. Andrea Cabibbo "Web development for Bioinformatics", disponibile online al seguente indirizzo:

http://www.cellbiol.com/bioinformatics_web_development/ **Errore. Riferimento a collegamento ipertestuale non valido.**

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

"HTML5 e CSS3" di Elisabeth Castro et al.

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

* * * * *

BASI DI DATI - 6 CFU

Dott. ssa Loredana Vigliano

7

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.

Modalità di esame: esame scritto base, analisi progetto.

Testi consigliati

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

* * * * *

BIOCHIMICA - 6 CFU

Dott. Giuseppe Filomeni

Aminoacidi. Struttura e funzione delle proteine. Proteine strutturali. Emoglobina, mioglobina e trasporto dell'ossigeno. Specie reattive dell'ossigeno e concetto di stress ossidativo. Gli enzimi. principi di cinetica enzimatica. Carboidrati, glicoproteine e glicolipidi: struttura e funzione. Lipidi. Nucleotidi 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.

Modalità di esame: la valutazione finale prevede la stesura di due elaborati scritti (tesine) su aspetti di biochimica che comprendano, in maniera più ampia possibile, concetti affrontati durante il corso.

Si giudicherà la capacità dello studente di collegare aspetti apparentemente distanti e di fornire una conoscenza globale dei processi biochimici e della loro stretta interconnessione.

A compendio, ci sarà una prova orale attraverso la quale si valuterà la capacità espressiva e la profondità delle conoscenze acquisite.

Testi consigliati

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

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

* * * * *

BIOINFORMATICA - 6 CFU

Dott. Gabriele Ausiello

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. OBIETTIVO: Sviluppo di programmi per l'analisi delle sequenze.

SITOWEB: <http://bioinformatica.uniroma2.it/bioinfo/>.

Modalità di esame: scritto e orale, 2 prove pratiche (esoneri) o 1 prova pratica finale

Ciascuna prova pratica consiste in 2/4 esercizi di programmazione. Gli studenti avranno a disposizione tutto il codice scritto durante il corso o qualsiasi altro materiale abbiano sul proprio computer. Non è possibile collegarsi a internet. Gli studenti scrivono e testano il loro codice che alla fine della prova viene consegnato per e-mail al docente.

Testi consigliati

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

* * * * *

BIOINFORMATICA STRUTTURALE - 6 CFU

Prof. Mattia Falconi

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 metodo AlphaFold2; 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 PyMod3; 6) Il *docking* molecolare proteina-proteina attraverso il programma HEX; 7) Il *docking* molecolare proteina-ligando attraverso il programma AutoDock VINA; 8) Un esempio di *virtual screening* eseguito attraverso il programma AutoDock VINA; 9) Uso del programma di grafica molecolare VMD; 10) Uso del programma di dinamica molecolare classica GROMACS, generazione della traiettoria e strumenti di analisi.

Modalità di esame: esame orale che vede approfonditi almeno 3 argomenti trattati nel corso. Durante l'esame vengono fatte domande trasversali per saggiare la capacità dello studente di collegare le varie metodiche oggetto del corso, oppure vengono proposti scenari di ricerca per capire come lo studente li vorrebbe affrontare sulla base delle conoscenze acquisite.

Testi consigliati

-Dispense del corso fornite dal docente.

-Bioinformatica, dalla Sequenza alla Struttura delle Proteine. S. Pascarella, A. Paiardini. Ed. Zanichelli.

-link del corso: <http://structuralbiology.bio.uniroma2.it/?course=bioinformatica-strutturale>

* * * * *

BIOLOGIA MOLECOLARE E BIOINFORMATICA - 9 CFU

Prof.^{ssa} Manuela Helmer Citterich

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 della 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.

Modalità di esame: per la parte di biologia molecolare, l'esame è orale ed è composto da 3-4 domande su argomenti del programma del corso. Per la parte di bioinformatica, è necessario affrontare una prova pratica (simile ad una esercitazione, ma con dati nuovi) che una prova teorica scritta, costituita da 3 domande a risposta aperta

Testi consigliati

Fondamenti di Bioinformatica, Helmer Citterich *et al.* 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 del docente: <http://bioinformatica.uniroma2.it/~manuela>

* * * * *

BIOLOGIA SINTETICA E BIOIMAGING - 6 CFU

Prof.^{ssa} Daniela Billi

Introduzione alla biologia sintetica. Logic gate e circuiti (switches, oscillators, repressilator, communication, edge detector). Tecnologie abilitanti (BioBricks, Golden gate assembly, Gibson assembly). iGEM- International Genetically Engineered Machine (progetti, *E. chromi*; *Eau d'coli*). Genomi minimi naturali e sintetici. Tappe fondamentali nella costruzione di syn1.0, syn2.0 e syn3.0. Tecniche di bio-imaging in microscopia confocale laser. Applicazioni delle tecniche FRET, FLIP e FRAP nello studio delle interazioni tra proteine e delle dinamiche sub-cellulari. Tecniche di Time Lapse e monitoraggio di circuiti sintetici.

Modalità d'esame: viene effettuato un esame orale che vede approfonditi su 3 argomenti principali trattati nel corso: circuiti, cellule sintetiche, genomi minimi ed una tecnica di bioimaging.

Testi consigliati

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

Articoli recenti su argomenti trattati su "didattica web".

* * * * *

CHIMICA GENERALE - 6 CFUProf. Riccardo Polini

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 cristallina dei solidi. 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 e loro bilanciamento in forma molecolare e in forma ionica. Disproporzioni. 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 dell'anidride carbonica. Temperatura critica dei gas. Cenni di Termodinamica: 1° principio. Entalpia delle reazioni, Legge di Hess. 2° e 3° principio. Spontaneità dei processi ed energia libera di Gibbs. Lo stato liquido. La pressione di vapore. Equazione di Clausius-Clapeyron. Diagrammi di stato (P-T) di acqua e anidride carbonica. Il concetto di "equilibrio dinamico" e sua applicazione alle trasformazioni di fase. 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. Tensione di vapore di soluzioni di soluti non volatili. Abbassamento crioscopico ed ebullioscopico. Modifica del diagramma di stato dell'acqua in presenza di soluti non volatili. Pressione osmotica. Soluzioni isotoniche. Proprietà colligative. La dissociazione elettrolitica. L'equilibrio chimico. 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. Titolazioni di acidi forti o deboli con basi forti. Prodotto di solubilità. Calcoli di pH di soluzioni acquose.

Modalità d'esame: Esame scritto con cinque problemi numerici da risolvere fornendo risultati quantitativi e un esercizio ove disegnare formule di struttura di molecole semplici, indicando la geometria molecolare, l'ibridazione e eventuali formule di risonanza.

Testi consigliati

M. Schiavello, L. Palmisano: FONDAMENTI DI CHIMICA, V edizione, EdiSES.

P. Michelin Lausarot, G.A. Vaglio: STECHIOMETRIA PER LA CHIMICA GENERALE, PICCIN.

PDF on-line (<http://didattica.uniroma2.it/docenti/curriculum/4845-Riccardo-Polini>) degli argomenti trattati come presentazione PowerPoint.

* * * * *

FONDAMENTI DI BIOLOGIA CELLULARE E DELLO SVILUPPO - 6 CFU

Prof^{ssa} Silvia Campello

Differenziamento e morfogenesi in Vertebrati; Principali tecniche istologiche e biomolecolari; Applicazioni dell'Embriologia in Biotecnologie; Ingegnerizzazione di cellule eucariotiche ai fini industriali; Sviluppo di modelli animali per lo studio di geni eucariotici e per l'analisi delle principali malattie genetiche: animali "transgenici" e "knockout"; Le basi cellulari della morfogenesi; La costituzione degli assi corporei; Induzione, impegno e differenziamento cellulare; Localizzazione citoplasmatica dei determinanti delle cellule germinali; Gametogenesi e Vitellogenesi; La linea germinale; La fecondazione in echinodermi e vertebrati; Proliferazione; Morte cellulare programmata; Segmentazione embrionale (echinodermi, anfibi, uccelli, mammiferi); La gastrulazione (echinodermi, anfibi, Drosophila, uccelli, mammiferi); Formazione dell'embrione di mammifero; Placenta e annessi embrionali; I meccanismi della neurulazione; Derivati ectodermici, mesodermici ed entodermici ed organogenesi.

Modalità d'esame: La valutazione si articola in una prova in itinere, per quanto riguarda la parte di programma relativa alla Citologia, una parte pratica di utilizzo del microscopio ottico ed ossevizazione e riconoscimento di un preparato istologico, ed un colloquio sul programma svolto in entrambi i moduli del corso. Lo studente deve dimostrare padronanza nell'utilizzo del microscopio, saper descrivere morfologicamente e funzionalmente la cellula, i tessuti, ed i processi di sviluppo degli organismi multicellulari, è inoltre richiesta una buona conoscenza delle differenti tematiche trattate in entrambi i moduli del corso.

Testi consigliati

Scott F. Gilbert "Biologia dello Sviluppo" Zanichelli.

C. Houillon "Embriologia dei Vertebrati" Casa Editrice Ambrosiana

Power point di tutte le lezioni del corso.

* * * * *

GENETICA - 6 CFUDott.^{ssa} Stefania Gonfloni

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 nei 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.

Modalità d'Esame: l'esame di Genetica si svolge con una prova scritta ed una orale. La prova scritta può essere sostituita da 4 test in itinere che vengono distribuiti durante le lezioni del primo semestre.

Testi consigliati

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

* * * * *

GENOMICA E BIOINFORMATICA DEI MICRORGANISMI - 6 CFUDott. Marco Maria D'Andrea

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.

Modalità d'esame: la valutazione dello studente prevede un test scritto a risposta multipla.

Testi consigliati

Dispense del corso fornite dal docente.

* * * * *

GENOMICA ED ELEMENTI DI GENETICA STATISTICA - 6 CFUProf.^{ssa} Francesca Sacco

Fondamenti - Struttura degli acidi nucleici, espressione genica, meccanismi di regolazione traduzionale e post-traduzionale. approcci sistemici e riduzionistici. Tecniche high-throughput. La proteomica e la genomica. Analisi statistica di big dataset.

Modalità d'esame: domande su argomenti del programma.

Testi consigliati

Dispense del corso fornite dal docente e articoli scientifici suggeriti.

* * * * *

MEDICINA TRASLAZIONALE E PERSONALIZZATA - 3 CFU

Prof.ssa Michela Biancolella

Origini della medicina personalizzata. Dalle malattie monogeniche alle malattie complesse. La variabilità genetica e la suscettibilità alle malattie. Correlazione genotipo/fenotipo e caratterizzazione di marcatori genomici. Farmacogenetica e farmacogenomica • tecnologie avanzate nella pratica clinica. Test genetici. Trattamenti terapeutici personalizzati.

Modalità di esame: La verifica dell' apprendimento sarà fatta con un esame finale orale in cui lo studente presenterà un seminario nell'ambito delle applicazioni della medicina personalizzata nelle malattie complesse e/o monogeniche, a cui seguiranno domande di approfondimento sull' argomento presentato e sulle tematiche trattate durante le lezioni frontali.

Testi consigliati

Powerpoint delle lezioni, dispense, articoli scientifici e reviews degli argomenti trattati.

* * * * *

PROGRAMMAZIONE E LABORATORIO DI PROGRAMMAZIONE - 6 CFU

Dott. Daniele Pasquini

Il corso consiste di lezioni teorico/pratiche da 2 ore che forniscono le basi sui seguenti argomenti: significato di informatica e dello scrivere programmi, diagrammi di flusso, un primo programma, compilatore c e opzioni, il modello di memoria di C, le differenze con Python, variabili e costanti, ingresso e uscita di interi, gli operatori, le funzioni, le strutture di controllo, i vettori, l'allocazione dinamica della memoria, le stringhe, le matrici, i tipi strutturati, i tipi di dato astratto, stack e liste, liste di variabili strutturate, i dizionari, le tuple, le classi e gli oggetti.

Modalità d'esame: Gli studenti verranno valutati tramite esame scritto composto da esercizi relativi al linguaggio C (peso 50%, ogni esercizio prevede un punteggio la cui somma è 31) e da un esame orale (peso 50%) che prevede l'esposizione di un progetto di analisi dati in Python. Gli studenti possono sostituire l'esame scritto con le prove intermedie composte da esercizi sugli argomenti affrontati nelle lezioni precedenti (ogni esercizio prevede un punteggio la cui somma è 31).

Testi consigliati

D. Mandrioli, S. Ceri, L. Sbattella, P. Cremonesi, G. Cugola, Informatica: Arte e Mestiere 4ed, McGraw-Hill, 2014. A. Bellini & A. Guidi: Linguaggio C: Guida alla programmazione. McGraw-Hill

Pensare in Python - Allen Downey (libro open source)

Dispense del corso fornite dal docente.

* * * * *

PROTEOMICA CELLULARE E PRINCIPI DI PROTEOMICA - 6 CFU

Prof. Andrea Battistoni / Dott. Fabio Ciccarone

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, immunostochimica, 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.

Modalità d'esame: verifica dell'apprendimento attraverso un esame finale orale su argomenti trattati nelle lezioni frontali e attraverso la valutazione del seminario presentato da ciascuno studente durante il corso e dalla capacità dimostrata di discutere quanto mostrato e di rispondere a domande nel merito.

Testi consigliati

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

* * * * *

STATISTICA BIOMEDICA - 6 CFU

Prof^{ssa} Alessandra Nardi

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 (nucleotidi, proteine). Il software statistico R.

Modalità d'esame: nella prova finale, che prevede risposta scritta per esteso ad una serie di domande ed esercizi, lo studente dovrà dimostrare di avere acquisito le competenze di base circa l'uso dei modelli statistico probabilistici trattati nel corso. Sono previste prove in itinere.

Testi consigliati

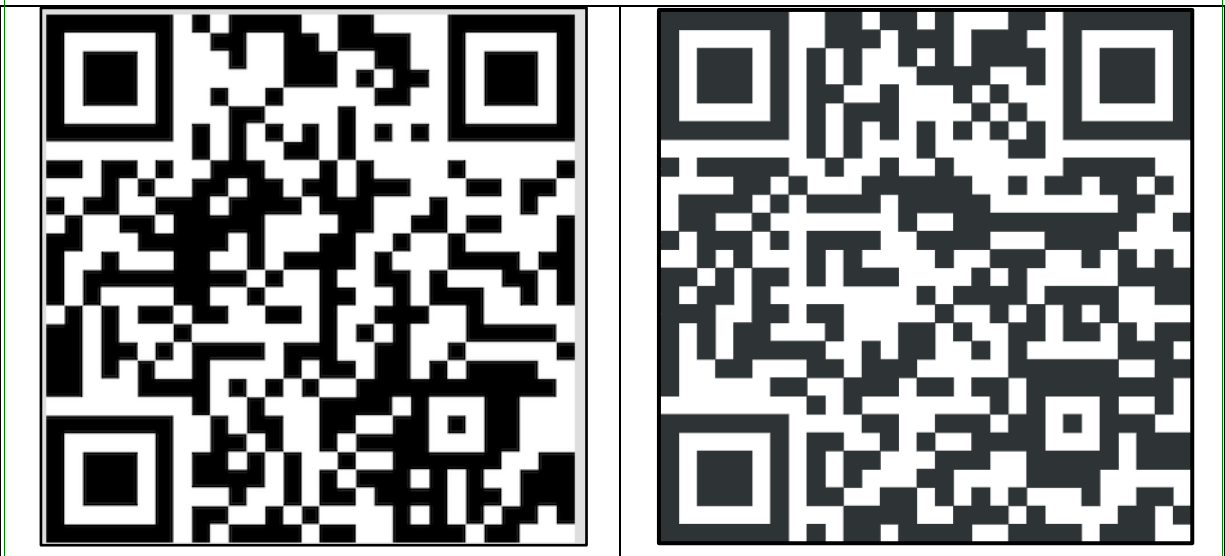
Statistical Methods in Bioinformatics 2nd ed., Ewens & Grant, Springer 2005

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

* * * * *



Tutte le informazioni relative ad ogni insegnamento (programmi, docenti, orari, aule) sono consultabili ai seguenti link:

LM Bioinformatica - link pubblico alla didattica programmata:

<http://uniroma2public.gomp.it/PublicData?mode=course&iso=ita&uid=77bb1518-3c98-4bd4-a5d8-87ab4d2fcd0a>

LM Bioinformatica - link pubblico alla didattica erogata:

<http://uniroma2public.gomp.it/PublicData?mode=classRoom&iso=ita&uid=bae05989-7368-41d3-8f56-cd12d883dba0>