



UNIVERSITÀ DI PAVIA

Anno Accademico 2021/2022

PRINCIPI DI BIOINFORMATICA

Anno immatricolazione	2019/2020
Anno offerta	2021/2022
Normativa	DM270
SSD	BIO/11 (BIOLOGIA MOLECOLARE)
Dipartimento	DIPARTIMENTO DI BIOLOGIA E BIOTECNOLOGIE "LAZZARO SPALLANZANI"
Corso di studio	SCIENZE BIOLOGICHE
Curriculum	PERCORSO COMUNE
Anno di corso	3°
Periodo didattico	Secondo Semestre (01/03/2022 - 14/06/2022)
Crediti	6
Ore	48 ore di attività frontale
Lingua insegnamento	ITALIANO
Tipo esame	ORALE
Docente	LESCAI FRANCESCO (titolare) - 6 CFU
Prerequisiti	Lo studente dovrà possedere i concetti di base di biologia molecolare e genetica (funzione e struttura di un gene, trascritti, DNA, RNA, trascrizione, traduzione). Conoscenze di biochimica e biologia cellulare non sono essenziali ma sono consigliate.
Obiettivi formativi	<p>Al termine del corso lo studente sarà in grado di:</p> <ul style="list-style-type: none">- individuare la fonte più appropriata per recuperare informazioni su organismi biologici e loro funzioni- applicare diversi strumenti bioinformatici e database online per svolgere ricerche e analisi- valutare e confrontare l'insieme delle informazioni raccolte per raggiungere una conclusione sulle funzionalità biologiche o scelte sperimentali da effettuare- risolvere un quesito biologico e comunicare i risultati delle analisi

	bioinformatiche in modo coerente e integrato
Programma e contenuti	<p>Il corso affronterà strumenti di largo utilizzo, che saranno utili agli studenti in qualunque percorso anche molecolare volessero intraprendere in futuro.</p> <p>In particolare si affronteranno i seguenti argomenti:</p> <ul style="list-style-type: none"> - genome browsers e database biologici - annotazione dei genomi - predizione dell'effetto biologico di mutazioni - recupero e utilizzo di genomi da database pubblici - generazione e analisi di dati da next generation sequencing - recupero e utilizzo di dati NGS da database pubblici - allineamenti e filogenetica - BLAST e ricerche di similarità di sequenza - proteine e analisi di struttura - atlanti di espressione - rilevanza clinica di mutazioni e mutazioni rare - elementi di biopython per velocizzare le ricerche bioinformatiche
Metodi didattici	<p>Il corso farà un uso significativo di strumenti di “blended learning”, in cui il semplice trasferimento di informazioni avviene solo in parte durante le lezioni frontali.</p> <p>Ci si attenderà che lo studente utilizzi la piattaforma Kiro sia per letture e approfondimenti, che per autovalutazioni.</p> <p>Le lezioni in classe saranno prevalentemente dedicate a dimostrazioni pratiche, discussioni e problem solving, attraverso una didattica interattiva: demo, lavoro di gruppo, uso di quiz e feedback in tempo reale.</p>
Testi di riferimento	<p>Si utilizzeranno prevalentemente materiali a disposizione liberamente, video e tutorials.</p> <p>L'adozione di un testo sarà discussa con gli studenti.</p>
Modalità verifica apprendimento	<p>L'esame si svolgerà in una unica sessione, in cui allo studente:</p> <ul style="list-style-type: none"> - sarà assegnato un problema biologico (natura, funzionalità, caratteristiche di un gene, proteina o genoma) - sarà chiesto di recuperare le informazioni necessarie a risolvere/rispondere al problema usando gli strumenti conosciuti - si chiederà di esporre le scelte fatte per la ricerca delle informazioni, e le conclusioni tratte dai risultati per rispondere al problema iniziale.
Altre informazioni	<p>Il docente è a disposizione degli studenti sia tramite e-mail e negli orari di ricevimento da concordare, sia tramite strumenti collaborativi: un canale dedicato verrà predisposto su Slack per discussioni e conversazioni.</p>
Obiettivi Agenda 2030 per lo sviluppo sostenibile	<p>\$Ibl legenda sviluppo sostenibile</p>