



UNIVERSITÀ
degli STUDI
di CATANIA

DIPARTIMENTO DI SCIENZE BIOMEDICHE E
BIOTECNOLOGICHE
Corso di laurea magistrale in Biotecnologie mediche
Anno accademico 2020/2021 - 1° anno

SCIENZE OMICHE IN MICROBIOLOGIA

BIO/19 - 6 CFU - 2° semestre

Docente titolare dell'insegnamento

VIVIANA CAFISO

Email: v.cafiso@unict.it

Edificio / Indirizzo: via Santa Sofia 97

Telefono: 095 4781245

Orario ricevimento: venerdì 11:00 -12:00

OBIETTIVI FORMATIVI

Fornire gli elementi di base per l'analisi di dati omici ottenuti mediante sequenziamento High-throughput e proteomica in ambito microbiologico.

MODALITÀ DI SVOLGIMENTO DELL'INSEGNAMENTO

Lezioni Frontali, Seminari, Laboratorio

PREREQUISITI RICHIESTI

Conoscenze di Microbiologia

FREQUENZA LEZIONI

Obbligatoria

CONTENUTI DEL CORSO

Analisi di dati derivanti da sequenziamento High-throughput e proteomici in ambito microbiologico.

TESTI DI RIFERIMENTO

Articoli Scientifici

ALTRO MATERIALE DIDATTICO

Il materiale didattico viene fornito dal docente ma non pubblicato

PROGRAMMAZIONE DEL CORSO

Argomenti	Riferimenti testi
1 Genomica Batterica: Metodi di sequenziamento NGS, formati di file. De-multiplexing, Sequence quality control (FastQC), Read trimming. Strategie e software per read mapping, de novo assembly, samtools, Re-sequencing e variant calling da file bam. Strategie e software per gene prediction and Genome annotation di genomi batterici.	Materiale fornito dal docente
2 Genomica Batterica: Strumenti web per l'analisi dei genomi batterici, identificazione, studio del viruloma del resistoma in termini di "acquired" genes e SNPs. Ricerca e validazione di specifici SNPs mediante High Resolution Melting. In silico determinazione di MLST, genomic epidemiology ed analisi filogenetiche mediante analisi di whole genome SNPs e core SNPs.	Materiale fornito dal docente
3 Analisi di RNAomi e trascrittomi batterici da RNA-seq data, read trimming, de novo transcript assembly, reference genome transcripts assembly, normalizzazione di dati ottenuti da esperimenti diversi, analisi di geni differenzialmente espressi e small non coding RNA, determinazione di operoni mediante tools dedicati ai trascrittomi batterici. Tools per analisi di Enrichment. Analisi statistica dei dati ottenuti mediante EdgeR o software opportuni. Analisi di validazione dei dati mediante real time qPCR. Visu	Materiale fornito dal docente
4 Gene Ontology: KEGG database, Go-consortium tools, analisi di "functional protein association networks" mediante STRING Consortium Tool.	Materiale fornito dal docente
5 Microbiomi: Analisi di Targeted Amplicon-Based Next Generation Sequencing delle 16S rDNA and ITS per lo studio dei Microbiomi batterici mediante la generazione di OTU, analisi descrittiva (alpha-diversity and beta-diversity) ed analisi statistica dei microbiomi (QIIME).	Materiale fornito dal docente
6 Proteoma batterico: spaziale, temporale ed ambientale. Strumenti per lo studio del proteoma (Elettroforesi bidimensionale (2-DE): IEF Separazione per pI (punto isoelettrico), SDS-PAGE (separazione per massa molecolare), Analisi di immagine (scanner), Spettrometria di massa (MALDI-TOF; ESI), Rapporti carica/massa, database Proteici: EMBL, GenBank, SWISS-PROT.	Materiale fornito dal docente
7 Metagenomica e Metatrascrittomica: Cenni su analisi di base.	Materiale fornito dal docente

VERIFICA DELL'APPRENDIMENTO

MODALITÀ DI VERIFICA DELL'APPRENDIMENTO

ESAME ORALE

ESEMPI DI DOMANDE E/O ESERCIZI FREQUENTI

Metodi di studio dei genomi e trascrittomi batterici
