

CORSO DI LAUREA MAGISTRALE IN
Biotecnologie Molecolari per la Medicina Personalizzata (BioMolMP)
A.A. 2022/2023

- **Informazioni Insegnamento**

Corso Integrato: Scienze Omiche II

12 CFU, I anno, II semestre

Moduli del C.I.: (i) Biochimica, SSD BIO-10, Prof. Domenica Scumaci, 6 CFU; (ii) Chimica Analitica, SSD CHIM/01, Prof. Marco Gaspari, 6 CFU.

Informazioni Docenti

Prof.ssa **Domenica Scumaci** Professore associato del settore scientifico-disciplinare BIO/10, Biochimica, presso il Dipartimento di Medicina Sperimentale e Clinica, Università degli Studi "Magna Græcia" di Catanzaro.

Tel. 0961/3694224

Email: scumaci@unicz.it,

Orario di ricevimento: 15.00-18:00. Mercoledì, campus Germaneto, livello 3, studio 3, corpo G, appuntamento via e-mail.

Prof. **Marco Gaspari** Professore ordinario del settore scientifico-disciplinare CHIM/01, Chimica Analitica, presso il Dipartimento di Medicina Sperimentale e Clinica, Università degli Studi "Magna Græcia" di Catanzaro.

Tel. 0961/3694337

Email: gaspari@unicz.it,

Orario di ricevimento: tutti i giorni previo appuntamento via e-mail.

- **Descrizione del Corso**

Il corso sarà incentrato sulle scienze "omiche", cioè quelle discipline che forniscono informazioni utili alla descrizione di sistemi biologici grazie alla generazione di un numero elevato di dati sulle biomolecole presenti nel sistema stesso. In particolare, verranno approfondite metodologie biochimiche utili per lo studio del proteoma e del metaboloma. Lo studente sarà in grado di valutare in maniera autonoma i processi biochimici alla base degli stati fisiologici e patologici e di indicare le principali metodologie biochimiche rivolte all'analisi del proteoma e del metaboloma in funzione del proprio ambito di ricerca.

Obiettivi del Corso e Risultati di apprendimento attesi



Il corso si prefigge di fornire le principali basi teoriche per affrontare un'analisi proteomica, attraverso un percorso che inizia fornendo conoscenze circa le caratteristiche chimico-fisiche del campione proteico e circa i relativi metodi di frazionamento, per entrare successivamente nel vivo delle metodiche di proteomica, fornendo conoscenza circa i metodi separativi impiegati in proteomica (in gel, gel free), di analisi in spettrometria di massa dei peptidi e infine di identificazione delle proteine. Il percorso vuole fornire abilità teorico-strategiche di proteomica, distinte in conoscenza del materiale proteico e del campione in analisi, padronanza dei metodi per estrarre proteine dal campione, abilità decisionali nella scelta del metodo separativo; abilità di base di analisi in spettrometria di massa; abilità di ricerca sulle banche dati in silico per l'identificazione delle proteine, abilità di validazione del risultato; abilità di definizione di una strategia quantitativa di analisi proteomica.

Il percorso formativo ha l'obiettivo di fornire tutte quelle conoscenze necessarie a maturare l'abilità di applicare l'indagine proteomica a problematiche di tipo Biomedico tra le quali lo studio del proteoma plasmatico per la ricerca di biomarcatori, il profiling di modifiche post-traduzionali in relazione ad eventi fisiopatologici, lo sviluppo di strategie omiche per lo studio della riprogrammazione metabolica nei tumori, lo sviluppo di strategie omiche per lo studio del codice istonico in relazione alla trasformazione neoplastica. Il corso prevede anche una sezione di Proteomica di laboratorio in silico improntato a sviluppare abilità sperimentali di proteomica. Il laboratorio è un momento formativo pratico. Ha la finalità di avvicinare lo studente alla pratica di laboratorio proteomico, traducendo la teoria in fasi sperimentali. Sono fornite le basi pratiche dell'analisi proteomica, affrontando le fasi di disegno sperimentale, trattamento del campione, metodi separativi in gel, analisi del risultato in silico.

Lo studente sarà in grado di aggiornarsi e ampliare le proprie conoscenze, attingendo in maniera autonoma a testi, articoli scientifici, propri dei settori biochimici, e deve poter acquisire in maniera graduale la capacità di seguire seminari specialistici, conferenze, master ecc. nei settori biomedici.

Programmi

Programma del Modulo di Biochimica

- Introduzione alla proteomica, dal genoma al proteoma, complessità dei dati omici
- Struttura e funzione di amminoacidi e proteine:
- Le modifiche post- traduzionali: Strutture, funzione biologica e metodologie per la mappatura



- Metodi per la determinazione della concentrazione proteica, legge di Lambert-Beer , metodo di Bradford, metodo di Lowry, saggio del Biuretto, metodo dell'Acido bicinchonico
- Metodologie biochimiche per lo studio del proteoma, Elettroforesi bidimensionale, Elettroforesi Bidimensionale con l'ausilio di fluorofori, Array proteici,
- Metodi di spettrometria di massa per l'identificazione di specie proteiche da gel
- Il proteoma plasmatico: composizione e complessità e strategie per l'analisi
- Il codice istonico: struttura funzione e strategie omiche per la sua caratterizzazione
- La riprogrammazione metabolica nei tumori: basi biochimiche e metodologie per l'analisi di metaboliti ed intermedi del metabolismo
- Metodi e strumenti bioinformatici per l'analisi di dati -omici, software per l'analisi di mappe di gel, software per Gene Ontology, Interrogazione di banche dati.

Programma del Modulo di Chimica Analitica

- Spettrometria di massa: metodi di ionizzazione - impatto elettronico (EI), ionizzazione chimica a pressione atmosferica (APCI), elettrospray (ESI), MALDI, nESI; analizzatori - tempo di volo (TOF), quadrupolo (Q), trappola ionica (IT), orbitrap; spettrometria di massa di peptidi e proteine mediante ionizzazione soft (MALDI, ESI); identificazione di proteine mediante spettrometria di massa; spettrometria di massa in tandem (MS/MS) e sequenziamento di peptidi.
- Cromatografia: meccanismi di separazione cromatografica, efficienza, nuove frontiere della cromatografia (chip, nanoLC), nanoESI.
- Proteomica shotgun: analisi DDA e DIA, analisi quantitativa in label-free, SILAC, isobaric tagging, SRM/PRM. Applicazioni in ambito di ricerca di biomarcatori.
- Metabolomica: cenni alle principali metodiche basate su spettrometria di massa e ai software per analisi dei dati; applicazioni.
- Analisi dei dati proteomici: t-test corretto per ipotesi multiple, PCA, strategie target/decoy per la stima di FDR.
- Analisi LC-MS in modalità SRM/PRM: bioanalisi mediante cromatografia liquida e spettrometria di massa; applicazioni cliniche (dosaggio tiroglobulina, screening neonatale).

Stima dell'impegno orario richiesto per lo studio individuale del programma (*stimare per ogni argomento del programma le ore necessarie per lo studio individuale (quello a domicilio) e calcolare la somma.*)

Il tempo stimato è di 300 ore, di cui 96 di attività frontali e 204 di studio individuale.



Metodi Insegnamento utilizzati

Lezioni frontali, discussione di articoli scientifici, analisi di dati prodotti in laboratorio.

Risorse per l'apprendimento

Libri di testo

- NELSON, COX - I PRINCIPI DI BIOCHIMICA DI LEHNINGER, Ed. Zanichelli
CAMPBELL. BIOCHIMICA EDISES ALLISON
- MAURO MACCARRONE – Metodologie Biochimiche e biomolecolare. Ed. Zanichelli
- FONDAMENTI DI BIOLOGIA MOLECOLARE. Zanichelli Wilson k, Walker, J.
METODOLOGIE BIOCHIMICHE.
- Le bioscienze biotecnologie in laboratorio. Raffaello Cortina Editore
- Bonaccorsi di Patti, Contestabile, Di Salvo. METODOLOGIE BIOCHIMICHE.
Ambrosiana
- T. Alberio, M. Fasano, P. Roncada, PROTEOMICA, EdISES,

Altro materiale didattico

Diapositive scaricabili da e-learning
Articoli forniti a lezione

Attività di supporto

Non prevista.

Modalità di frequenza

La frequenza non è obbligatoria.

Modalità di accertamento

Le modalità generali sono indicate nel regolamento didattico di Ateneo all'art.22
consultabile al link

[http://www.unicz.it/pdf/regolamento didattico ateneo dr681.pdf](http://www.unicz.it/pdf/regolamento%20didattico%20ateneo%20dr681.pdf)



L'esame finale sarà svolto in forma orale.

I criteri sulla base dei quali sarà giudicato lo studente sono:

Gli studenti verranno valutati secondo la seguente griglia.

	Conoscenza e comprensione argomento	Capacità di analisi e sintesi	Utilizzo di referenze
Non idoneo	Importanti carenze. Significative inaccurattezze	Irrilevanti. Frequenti generalizzazioni. Incapacità di sintesi	Completamente inappropriato
18-20	A livello soglia. Imperfezioni evidenti	Capacità appena sufficienti	Appena appropriato
21-23	Conoscenza routinaria	E' in grado di analisi e sintesi corrette. Argomenta in modo logico e coerente	Utilizza le referenze standard
24-26	Conoscenza buona	Ha capacità di a. e s. buone gli argomenti sono espressi coerentemente	Utilizza le referenze standard
27-29	Conoscenza più che buona	Ha notevoli capacità di a. e s.	Ha approfondito gli argomenti
30-30L	Conoscenza ottima	Ha notevoli capacità di a. e s.	Importanti approfondimenti

