DENOMINAZIONE INSEGNAMENTO / ATTIVITÀ FORMATIVA

BIOLOGIA MOLECOLARE E BIOINFORMATICA

Molecular Biology and Bioinformatics

INFORMAZIONI INSEGNAMENTO / ATTIVITÀ FORMATIVA

A.A.	2026/2027	**CdS**	LM Bioinformatica
Codice	8068426	**Canale**	Unico
CFU	9	**Lingua**	Italiano

DOCENTE RESPONSABILE DELL'INSEGNAMENTO / ATTIVITÀ FORMATIVA

Manuela Helmer Citterich

CODOCENTE

Modulo: Laboratorio\Laboratory

OBIETTIVI FORMATIVI E RISULTATI DI APPRENDIMENTO ATTESI

Italiano	OBIETTIVI FORMATIVI: acquisizione delle conoscenze della biologia molecolare e della bioinformatica di base: struttura degli acidi nucleici, codice genetico, replicazione del DNA ed enzimi coinvolti, trascrizione e sue regolazioni, traduzione e sue regolazioni, processamento dell'RNA e splicing; concetti della bioinformatica, banche dati (sequenze nucleotidiche e proteiche, motivi funzionali, strutture 3D, letteratura scientifica), algoritmi della bioinformatica (ricerca di sequenze simili con metodi esaustivi ed euristici) CONOSCENZA E CAPACITÀ DI COMPRENSIONE: acquisizione di conoscenze di biologia molecolare e bioinformatica di base e comprensione dei problemi e delle tematiche proprie della disciplina CAPACITÀ DI APPLICARE CONOSCENZA E COMPRENSIONE: l'acquisizione della capacità di applicare le conoscenze impartite nel corso delle lezioni frontali verrà sviluppata nel corso di esercitazioni pratiche di laboratorio AUTONOMIA DI GIUDIZIO: sviluppo delle competenze necessarie a definire un'autonomia di giudizio ABILITÀ COMUNICATIVE: sviluppo di capacità di comunicazione delle tematiche proprie della biologia molecolare e della bioinformatica

	CAPACITÀ DI APPRENDIMENTO: sviluppo delle capacità di apprendimento di conoscenze di biologia molecolare e bioinformatica attraverso le lezioni, le esercitazioni pratiche, i libri di testo, i materiali didattici forniti e la letteratura scientifica di argomento bioinformatico.
English	*LEARNING OBJECTIVES: acquisition of basic knowledge in molecular biology and bioinformatics, including: nucleic acid structure, the genetic code, DNA replication and the enzymes involved, transcription and its regulation, translation and its regulation, RNA processing and splicing; bioinformatic concepts, databases of nucleotide and protein sequences, functional motifs, 3D structures, scientific literature and bioinformatics algorithms, with particular reference to the search for similar sequences using exhaustive and heuristic methods.* *KNOWLEDGE AND UNDERSTANDING: acquisition of basic knowledge in molecular biology and bioinformatics, understanding of the main problems and topics of discipline.* *APPLYING KNOWLEDGE AND UNDERSTANDING: development of the ability to apply the knowledge acquired during lectures through practical laboratory/computer-based sessions .* *MAKING JUDGEMENTS: development of the skills needed to achieve independent judgement in the analysis and interpretation of molecular biology and bioinformatics problems.* *COMMUNICATION SKILLS: development of the ability to communicate topics related to molecular biology and bioinformatics using appropriate scientific terminology.* *LEARNING SKILLS: development of the ability to acquire molecular biology and bioinformatics knowledge through lectures, practical sessions, textbooks, teaching materials and the scientific literature in the fields.*

PREREQUISITI

Italiano	Nessuno
English	*None*

PROGRAMMA E CRONOPROGRAMMA

Italiano	Struttura degli acidi nucleici, codice genetico, organizzazione di geni e genomi. Materiali di riferimento: Biologia Molecolare, Amaldi et al., Zanichelli, capitoli/paragrafi corrispondenti (circa 4 ore).

	Struttura dei cromosomi e nucleosomi; replicazione del DNA: forche di replicazione e origini; repliconi in procarioti ed eucarioti. Materiali di riferimento: Biologia Molecolare, Amaldi et al., Zanichelli, capitoli/paragrafi corrispondenti (circa 4 ore). Replicazione discontinua, DNA polimerasi procariotiche ed eucariotiche, controllo della replicazione. Materiali di riferimento: Biologia Molecolare, Amaldi et al., Zanichelli, capitoli/paragrafi corrispondenti (circa 4 ore). Trascrizione e sue regolazioni; RNA polimerasi e promotori procariotici ed eucariotici; regolazione della trascrizione, fattori di trascrizione, terminazione e antiterminazione, attenuazione. Materiali di riferimento: Biologia Molecolare, Amaldi et al., Zanichelli, capitoli/paragrafi corrispondenti (circa 10 ore). Processamento dell'RNA: maturazione dei trascritti in procarioti ed eucarioti, capping e poliadenilazione, meccanismi di splicing, RNA editing, regolazione della stabilità degli RNA messaggeri, controlli di qualità. Materiali di riferimento: Biologia Molecolare, Amaldi et al., Zanichelli, capitoli/paragrafi corrispondenti (circa 6 ore). Traduzione e sue regolazioni: ribosomi, tRNA, amminoacil-tRNA sintetasi, regolazioni generali e specifiche, regolazioni traduzionali, microRNA. Materiali di riferimento: Biologia Molecolare, Amaldi et al., Zanichelli, capitoli/paragrafi corrispondenti (circa 4 ore). Tecniche di base in Biologia Molecolare ed esercitazioni di laboratorio. Materiali di riferimento: Biologia Molecolare, Amaldi et al., Zanichelli, capitoli/paragrafi corrispondenti (circa 8 ore). Banche dati di acidi nucleici, proteine e letteratura scientifica; principali risorse per sequenze nucleotidiche, sequenze proteiche, strutture e pubblicazioni scientifiche. Materiali di riferimento: Fondamenti di Bioinformatica, capitoli/paragrafi corrispondenti; pacchetto slide 1 "Banche dati bioinformatiche" - circa 2 ore. Metodi esaustivi ed euristici di allineamento e ricerca di biosequenze in banche dati; allineamento locale e globale; ricerca di similarità; principali strumenti per la ricerca in banca dati. Materiali di riferimento: Fondamenti di Bioinformatica, capitoli/paragrafi corrispondenti; pacchetto slide 2 "Allineamento di sequenze e ricerca in banca dati" - circa 2 ore. Matrici di sostituzione, allineamenti multipli, profili e Hidden Markov Models; uso di profili e HMM per l'analisi di famiglie di sequenze. Materiali di riferimento: Fondamenti di Bioinformatica, capitoli/paragrafi corrispondenti; pacchetto slide 3 "Matrici, allineamenti multipli, profili e HMM" - circa 3 ore. Motivi funzionali e cenni di trascrittomica; identificazione e interpretazione di motivi funzionali; introduzione ai dati di espressione genica e alle principali risorse per la loro analisi. Materiali di riferimento: Fondamenti di Bioinformatica, capitoli/paragrafi corrispondenti; pacchetto slide 4 "Motivi funzionali e trascrittomica" - circa 2 ore. Browser genomici e annotazione funzionale di geni e genomi; consultazione di risorse genomiche e interpretazione delle annotazioni funzionali. Materiali di riferimento: Fondamenti di Bioinformatica, capitoli/paragrafi corrispondenti; pacchetto slide 5 "Browser genomici e annotazione funzionale" - circa 2 ore. Predizione della struttura secondaria e terziaria delle proteine: modelling per omologia, threading, metodi ab initio e metodi basati su intelligenza artificiale. Materiali di riferimento: Fondamenti di Bioinformatica, capitoli/paragrafi corrispondenti; pacchetto slide 6 "Predizione della struttura delle proteine" - circa 3 ore.

	Metodi per l'inferenza delle interazioni molecolari e funzionali. Materiali di riferimento: Fondamenti di Bioinformatica, capitoli/paragrafi corrispondenti; pacchetto slide 7 "Interazioni molecolari e funzionali" - circa 2 ore. Le esercitazioni pratiche avranno una durata complessiva di 12 ore sui temi della biologia molecolare e 12 ore sui temi della bioinformatica. Riguarderanno gli argomenti trattati nelle lezioni precedenti. Per ciascuna esercitazione saranno forniti dati, istruzioni operative e materiali di supporto. Le esercitazioni sono finalizzate all'applicazione pratica dei metodi descritti nel programma.
English	*Nucleic acid structure, genetic code, organization of genes and genomes. Reference materials: Biologia Molecolare, Amaldi et al., Zanichelli, corresponding chapters/sections (approximately 4 hours).* *Chromosome structure and nucleosomes; DNA replication: replication forks and origins; replicons in prokaryotes and eukaryotes. Reference materials: Biologia Molecolare, Amaldi et al., Zanichelli, corresponding chapters/sections (approximately 4 hours). Discontinuous replication, prokaryotic and eukaryotic DNA polymerases, control of DNA replication. Reference materials: Biologia Molecolare, Amaldi et al., Zanichelli, corresponding chapters/sections (approximately 4 hours).* *Transcription and its regulation; prokaryotic and eukaryotic RNA polymerases and promoters; transcription regulation, transcription factors, termination and antitermination, attenuation. Reference materials: Biologia Molecolare, Amaldi et al., Zanichelli, corresponding chapters/sections (approximately 10 hours).* *RNA processing: maturation of transcripts in prokaryotes and eukaryotes, capping and polyadenylation, splicing mechanisms, RNA editing, regulation of messenger RNA stability, quality control mechanisms. Reference materials: Biologia Molecolare, Amaldi et al., Zanichelli, corresponding chapters/sections (approximately 6 hours).* *Translation and its regulation: ribosomes, tRNAs, aminoacyl-tRNA synthetases, general and specific regulatory mechanisms, translational regulation, microRNAs. Reference materials: Biologia Molecolare, Amaldi et al., Zanichelli, corresponding chapters/sections (approximately 4 hours).* *Basic Molecular Biology techniques and laboratory practicals. Reference materials: Biologia Molecolare, Amaldi et al., Zanichelli, corresponding chapters/sections (approximately 8 hours).* *Nucleic acid, protein and scientific literature databases; main resources for nucleotide sequences, protein sequences, structures and scientific publications. Reference materials: Fondamenti di Bioinformatica, corresponding chapters/sections; slide package 1* *"Bioinformatics databases" - approximately 2 hours.* *Exhaustive and heuristic methods for biosequence alignment and database searches; local and global alignment; similarity searches; main tools for database searching. Reference materials: Fondamenti di Bioinformatica, corresponding chapters/sections; slide package 2* *"Sequence alignment and database searching" - approximately 2 hours.*

	Substitution matrices, multiple sequence alignments, profiles and Hidden Markov Models; use of profiles and HMMs for the analysis of sequence families. Reference materials: Fondamenti di Bioinformatica, corresponding chapters/sections; slide package 3 "Substitution matrices, multiple alignments, profiles and HMMs" - approximately 3 hours. *Functional motifs and introduction to transcriptomics; identification and interpretation of functional motifs; introduction to gene expression data and to the main resources for their analysis. Reference materials: Fondamenti di Bioinformatica, corresponding chapters/sections; slide package 4 "Functional motifs and transcriptomics" - approximately 2 hours.* *Genome browsers and functional annotation of genes and genomes; use of genomic resources and interpretation of functional annotations. Reference materials: Fondamenti di Bioinformatica, corresponding chapters/sections; slide package 5 "Genome browsers and functional annotation" - approximately 2 hours.* *Prediction of protein secondary and tertiary structure: homology modelling, threading, ab initio methods and artificial intelligence-based methods. Reference materials: Fondamenti di Bioinformatica, corresponding chapters/sections; slide package 6 "Protein structure prediction" — approximately 3 hours.* *Methods for the inference of molecular and functional interactions. Reference materials: Fondamenti di Bioinformatica, corresponding chapters/sections; slide package 7 "Molecular and functional interactions" - approximately 2 hours.* *Practical sessions will last 12 hours on the themes of molecular biology and 12 hours on bioinformatic topics. Practicals will cover the topics addressed in the previous lectures. For each practical session, data, instructions and supporting materials will be provided. The practical sessions are aimed at the application of the methods described in the programme.*

TESTI ADOTTATI E BIBLIOGRAFIA DI RIFERIMENTO

Italiano	Amaldi et al., Biologia Molecolare, Zanichelli. Eventuali slide, protocolli e materiali integrativi forniti su Teams. Per ciascun argomento del programma, i capitoli/paragrafi pertinenti del testo e/o i materiali integrativi corrispondenti sono indicati nella sezione Programma. Helmer Citterich M. et al., Fondamenti di Bioinformatica, Zanichelli. Pacchetti di slide forniti durante il corso. Per ciascun argomento del programma, i capitoli/paragrafi pertinenti del testo e/o il pacchetto di slide corrispondente sono indicati nella sezione Programma.
English	*Amaldi et al., Biologia Molecolare, Zanichelli. Additional slides, protocols and supplementary materials provided on Teams, where applicable. For each topic of the programme, the relevant chapters/sections of the textbook and/or the corresponding supplementary materials are indicated in the Programme section.*

	Helmer Citterich M. et al., Fondamenti di Bioinformatica, Zanichelli. Slide packages provided during the course. For each topic of the programme, the relevant chapters/sections of the textbook and/or the corresponding slide package are indicated in the Programme section.

DESCRIZIONE DELLE MODALITÀ DI SVOLGIMENTO E METODI DIDATTICI ADOTTATI

☒ In presenza ☐ A distanza

Italiano	Il corso comprende lezioni frontali in presenza ed esercitazioni pratiche di laboratorio sugli argomenti trattati a lezione. Le esercitazioni hanno lo scopo di favorire la comprensione delle tecniche di base della biologia molecolare e della bioinformatica, tramite l'applicazione dei concetti teorici a esperienze sperimentali e problemi concreti.
English	*The course consists of in-person lectures and laboratory and computer-based practical sessions on the topics covered in class. The practical sessions are designed to support the understanding and application of molecular biology and bioinformatics methods to concrete data and problems.*

MODALITÀ DI FREQUENZA

☐ frequenza obbligatoria ☒ frequenza facoltativa

DESCRIZIONE DELLE MODALITÀ DI FREQUENZA

Italiano	La frequenza è facoltativa. Le lezioni si svolgono in presenza. Le esercitazioni pratiche in laboratorio e al computer sono fortemente consigliate perché favoriscono l'applicazione dei concetti trattati a lezione, ma la mancata frequenza non comporta penalizzazioni nella valutazione. Studentesse e studenti frequentanti e non frequentanti sono valutati con le stesse modalità e sugli stessi contenuti. I materiali didattici messi a disposizione, inclusi i pacchetti di slide e le indicazioni bibliografiche, consentono anche a chi non frequenta di preparare l'esame sull'intero programma.
English	*Attendance is optional. Lectures are delivered in person. Experimental and computer-based practical sessions are strongly recommended because they support the application of the concepts covered in class, but non-attendance does not result in any penalty in the assessment.* *Attending and non-attending students are assessed in the same way and on the same contents. The teaching materials provided, including slide packages and bibliographic references, allow non-attending students to prepare for the exam on the entire programme.*

MODALITÀ DI VALUTAZIONE

☒ Prova scritta ☒ Prova orale ☐ Prova di laboratorio ☐ Prova pratica

☐ Valutazione in itinere ☐ Valutazione di progetto ☐ Valutazione di tirocinio

COMPOSIZIONE DELLA COMMISSIONE VALUTATRICE

Gerardo Pepe, Silvia Galardi, Mattia Falconi, Daniele Peluso, Gabriele Ausiello, Fabrizio Ferrè

DESCRIZIONE DELLE MODALITÀ E DEI CRITERI DI VERIFICA DELL'APPRENDIMENTO

Italiano	L'esame prevede una prova scritta a scelta multipla, che consente l'accesso alla prova orale, e una prova orale. La prova scritta comprende 8 domande a scelta multipla e ha una durata indicativa di 15 minuti. Per l'accesso all'orale è richiesta la selezione di almeno 5 risposte corrette. La prova orale ha una durata media indicativa di 15 minuti ed è composta da tre domande su argomenti del programma del corso; una delle domande riguarda esperimenti o tecniche sperimentali. La prova orale è finalizzata a verificare la conoscenza e la comprensione degli argomenti di biologia molecolare e bioinformatica, la capacità di collegare processi molecolari e metodi bioinformatici, la capacità di interpretare esperimenti, dati e tecniche, nonché l'uso appropriato del linguaggio scientifico. Non sono previste prove in itinere, esoneri parziali, valutazioni di progetto o valutazioni di tirocinio. Le attività didattiche integrative, se presenti, hanno funzione di supporto all'apprendimento e non danno luogo a una valutazione separata. I criteri di valutazione sono gli stessi per studentesse e studenti frequentanti e non frequentanti. Tutte le studentesse e tutti gli studenti sono valutati sui contenuti del programma e sui materiali didattici indicati nella scheda dell'insegnamento. I risultati delle valutazioni, discussi con i membri della commissione d'esame, vengono pubblicati su Teams nella classe di riferimento e successivamente verbalizzati su Delphi. Possibile graduazione del voto in trentesimi per l'esame orale: 18–21: la studentessa o lo studente ha acquisito i concetti di base della disciplina, dimostra una conoscenza sufficiente degli argomenti e utilizza un linguaggio generalmente corretto e appropriato. 22–25: la studentessa o lo studente ha acquisito in modo adeguato i concetti della disciplina, è in grado di effettuare collegamenti tra i diversi argomenti e presenta una trattazione lineare, con linguaggio appropriato e corretto. 26–29: la studentessa o lo studente possiede conoscenze complete e ben strutturate, è in grado di applicare e rielaborare in modo autonomo le conoscenze acquisite, mostra buone capacità logico-analitiche e utilizza un linguaggio fluido e appropriato. 30 e 30 e lode: la studentessa o lo studente possiede conoscenze complete e approfondite, sa applicarle a casi e problemi complessi ed estenderle a situazioni nuove, mostra autonomia di giudizio, riferimenti scientifici aggiornati e piena padronanza del linguaggio tecnico. 18-21: Lo studente dimostra una conoscenza superficiale dei concetti fondamentali trattati nel corso. Riesce a rispondere solo a domande basilari riguardanti le banche dati biologiche, gli allineamenti di sequenze e le matrici di sostituzione. Non è in grado di applicare le conoscenze a problemi pratici né di interpretare i risultati in modo autonomo. 22-24: Lo studente ha una conoscenza discreta dei concetti fondamentali del corso. Sa rispondere a domande specifiche su banche dati, allineamenti, matrici di sostituzione, allineamenti multipli e ricerca di motivi funzionali. Riesce ad applicare le conoscenze in modo

	basilare, ad esempio, effettuando ricerche nei database o eseguendo allineamenti semplici, ma mostra difficoltà nell'interpretazione dei risultati più complessi. 25-27: Lo studente dimostra una buona conoscenza dei concetti fondamentali del corso, inclusi quelli relativi al confronto e classificazione di strutture proteiche e alla predizione della struttura terziaria. Sa utilizzare strumenti bioinformatici di base per l'analisi di sequenze e strutture, interpretare i risultati e applicare le conoscenze a problemi pratici. Tuttavia, potrebbe mostrare qualche difficoltà nell'affrontare argomenti più avanzati come il deep learning o la dinamica molecolare. 28-30: Lo studente ha un'ottima conoscenza di tutti gli argomenti trattati nel corso, inclusi quelli più avanzati come il deep learning nella predizione strutturale, il docking molecolare e la dinamica molecolare. Dimostra padronanza nell'utilizzo di strumenti bioinformatici, nell'interpretazione dei risultati e nell'applicazione delle conoscenze a problemi complessi. Riesce a valutare criticamente i risultati ottenuti e a proporre soluzioni innovative. 30 e lode: Lo studente dimostra una conoscenza eccellente di tutti gli argomenti del corso, padroneggiando sia gli aspetti teorici che quelli pratici. Dimostra una profonda comprensione dei metodi bioinformatici, una capacità di analisi critica e una spiccata autonomia di giudizio. Riesce a risolvere problemi complessi in modo originale e innovativo, dimostrando una conoscenza approfondita anche degli argomenti più avanzati. Non idoneo: la studentessa o lo studente presenta importanti carenze e/o inaccuratezze nella conoscenza e comprensione degli argomenti, limitate capacità di analisi e sintesi, limitate capacità critiche e di giudizio, oppure espone gli argomenti in modo non coerente e con linguaggio inappropriato.
English	*The exam includes a multiple-choice written test, which grants access to the oral examination, and an oral examination.* *The written test consists of 8 multiple-choice questions and lasts approximately 15 minutes. To be admitted to the oral examination, students must answer at least 5 questions correctly.* *The oral examination lasts on average approximately 15 minutes and consists of three questions on topics included in the course programme; one question concerns experiments or experimental techniques. The oral examination is aimed at assessing knowledge and understanding of molecular biology and bioinformatics topics, the ability to connect different molecular processes and bioinformatics methods, the ability to interpret experiments, data and techniques, and the appropriate use of scientific terminology.* *No mid-term tests, partial exemptions, project assessments or internship assessments are planned. Supplementary teaching activities, where present, are intended to support learning and are not assessed separately.* *The assessment criteria are the same for attending and non-attending students. All students are assessed on the contents of the programme and on the teaching materials listed in the course description.* *The assessment results, discussed by the examination board, are published on Teams in the relevant class and then recorded in Delphi.* *Possible grading criteria for the oral examination:* *18–21: the student has acquired the basic concepts of the discipline, demonstrates sufficient knowledge of the topics and uses generally correct and appropriate language.*

	22–25: the student has adequately acquired the concepts of the discipline, is able to make connections between the different topics and presents them in a clear and structured way, using appropriate and correct language. *26–29: the student has complete and well-structured knowledge, is able to apply and independently re-elaborate the acquired knowledge, shows good logical and analytical skills and uses fluent and appropriate language.* *30 and 30 cum laude: the student has complete and in-depth knowledge, is able to apply it to complex cases and problems and extend it to new situations, shows independent judgement, up-to-date scientific references and full command of the technical language.* *Failed: the student shows significant deficiencies and/or inaccuracies in knowledge and understanding of the topics, limited analytical and synthesis skills, limited critical and judgement skills, or presents the topics in an inconsistent manner and with inappropriate language.*