

**CORSO DI STUDIO** *Biotechnologie industriali per lo sviluppo sostenibile*

**ANNO ACCADEMICO** (2022-2023)

**DENOMINAZIONE DELL'INSEGNAMENTO** **Tecnologie Omiche e controllo di qualità**

(6CFU)

| <b>Principali informazioni sull'insegnamento</b> |                                  |
|--|----------------------------------|
| Anno di corso                                    |                                  |
| Periodo di erogazione                            | <i>Il semestre</i>               |
| Crediti formativi universitari (CFU/ETCS):       | 6                                |
| SSD  | <i>Biochimica clinica BIO/12</i> |
| Lingua di erogazione                             | <i>italiano</i>                  |
| Modalità di frequenza                            | <i>obbligatoria</i>              |

| <b>Docente</b> |   |
|----------------|---|
| Nome e cognome | <i>Alessandra Castegna</i>                    |
| Indirizzo mail | <i>alessandra.castegna@uniba.it</i>           |
| Telefono       | <i>080 5442775</i>                            |
| Sede           | <i>Palazzo Farmacia CAMPUS, secondo piano</i> |
| Sede virtuale  |   |
| Ricevimento    | <i>Giovedì 13.30-15.30</i>                    |

| <b>Organizzazione della didattica</b> |                    |  |                    |
|---------------------------------------|--------------------|--|--------------------|
| <b>Ore</b>                            |                    |  |                    |
| Totali                                | Didattica frontale | Pratica (laboratorio, campo, esercitazione, altro) | Studio individuale |
| <i>150</i>                            | <i>40</i>          | <i>12</i>  | <i>98</i>          |
| <b>CFU/ETCS</b>                       |                    |  |                    |
| <i>6</i>                              | <i>5</i>           | <i>1</i>   |                    |

|                            |   |
|----------------------------|---|
| <b>Obiettivi formativi</b> | <p>Mediante l'utilizzo di diverse fonti bibliografiche (testi scientifici, letteratura scientifica, attualità), lo studente sarà stimolato ad acquisire strumenti essenziali per la propria professione, con particolare riferimento ai seguenti obiettivi specifici:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Conoscere le principali tecnologie, le strumentazioni, il knowhow e flussi di lavoro nella analisi proteomica e metabolomica</li> <li>• Conoscere i principali strumenti di analisi dei dati omici</li> <li>• Conoscere gli strumenti del controllo di qualità dei risultati anche in relazione alle esigenze della diagnostica umana</li> </ul> |
|----------------------------|---|

|                     |   |
|---------------------|---|
| <b>Prerequisiti</b> | Non vi sono prerequisiti specifici differenti da quelli richiesti per l'accesso al corso di laurea. |
|---------------------|---|

|   |   |
|---|---|
| <p><b>Metodi didattici</b></p>                    | <p>La didattica consiste in:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- lezioni frontali per l'esposizione dei principi analitici, delle strategie, degli algoritmi e strumenti bioinformatici necessari per condurre uno studio con approccio OMICO;</li> <li>- esercitazioni in laboratorio</li> </ul>  |
| <p><b>Risultati di apprendimento previsti</b></p> | <p><b>DD1 Conoscenza e capacità di comprensione</b></p> <p><i>Al termine dell'insegnamento lo studente</i> avrà sviluppato conoscenza e comprensione:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- delle tecniche analitiche e strumentali per identificare, caratterizzare e quantificare il proteoma e il metaboloma, e degli approcci per l'ottenimento di dati proteomici e metabolomici, dei database di riferimento e degli strumenti bioinformatici utilizzati per la loro analisi e interpretazione dei dati proteomici e metabolomici.</li> <li>-degli strumenti del controllo di qualità del dato di laboratorio</li> </ul> <p><b>DD2 Conoscenza e capacità di comprensione applicate</b></p> <p><i>Al termine dell'insegnamento lo studente</i> apprenderà approcci metodologici e le tecniche di proteomica e metabolomica, rimarcando con particolare enfasi gli aspetti più rilevanti ai fini dell'ingresso nel mercato del lavoro e del successo professionale. In dettaglio, sono previsti i seguenti obiettivi:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Acquisire le competenze per applicare le tecnologie della analisi proteomica e metabolomica a qualsiasi contesto scientifico.</li> <li>• Applicare le conoscenze e gli elementi necessari per gestire il controllo di qualità del dato scientifico, nell'ambito della ricerca o in quello professionale del laboratorio diagnostico.</li> <li>• Applicare le conoscenze e gli elementi necessari per implementare un sistema di gestione della qualità nel laboratorio</li> </ul> <p><b>DD3-5 Competenze trasversali</b></p> <p><i>Al termine dell'insegnamento lo studente sarà in grado:</i></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Dimostrare capacità di valutazione della tipologia esperimento di proteomica e metabolomica da applicare in base alla esigenza diagnostica e alla tipologia di campione analitico.</li> <li>• Dimostrare capacità di giudizio nelle strategie controllo di qualità</li> <li>• Riconoscere e descrivere principi e limiti dei processi diagnostici, con particolare riferimento alla sensibilità e alla specificità diagnostica.</li> <li>• Dimostrare capacità di comunicare nell'ambito delle strategie alla base del controllo di qualità di processo.</li> </ul> |

|  |  |
|--|--|
| <b>Contenuti di insegnamento (Programma)</b>                                       | <p>Strategie analitiche: preparazione del campione. Introduzione alla spettrometria di massa. Le sorgenti ioniche utilizzate per l'analisi di proteine e peptidi: sorgenti Elettrospray e MALDI. Analizzatori: ToF, quadrupolo, trappola ionica, orbitrap. La spettrometria di massa tandem. Interpretazione di spettri di frammentazione di peptidi.</p> <p>Applicazioni della spettrometria di massa per lo studio strutturale di proteine: assegnazione delle modifiche post-traduzionali. Strategie analitiche per l'identificazione delle proteine: Peptide Mass Fingerprint, Sequence Query e MS/MS Ion Search. Applicazioni della spettrometria di massa per lo studio strutturale di proteine: assegnazione delle modifiche post-traduzionali. Strategie di proteomica quantitativa. Metodi analitici basati su tecniche di marcatura isotopica: SILAC, ICAT, iTRAQ. Approcci di proteomica quantitativa label free.</p> <p>Analisi Metabolomica: preparazione del campione. Applicazioni della spettrometria di massa per l'analisi dei metaboliti. Strategie di quantificazione. Strategie di tracing isotopico.</p> |
| <b>Testi di riferimento</b>  | <i>Non vi sono testi di riferimento</i>  |
| Note ai testi di riferimento   |  |
| <b>Materiali didattici</b>   | Materiale didattico sottoforma di presentazione ppt, disponibile sulla classe Team del corso   |
| <b>Valutazione</b>   |  |
| Modalità di verifica dell'apprendimento  | La verifica dell'apprendimento avverrà attraverso un colloquio orale che verterà sia sulla didattica frontale che sull'esperienza di laboratorio   |
| <b>Criteri di valutazione</b>  | <p>Lo studente deve essere in grado di :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- padroneggiare i principali approcci di analisi proteomica e metabolomica;</li> <li>- produrre ipotesi cliniche sulla base dell'interpretazione dei risultati e comunicarle efficacemente;</li> <li>- dimostrare di poter condurre autonomamente esperimenti sulla base di specifiche richieste.</li> </ul>   |
| <b>Criteri di misurazione dell'apprendimento e di attribuzione del voto finale</b> | Il voto finale è attribuito in trentesimi. L'esame si intende superato quando il voto è maggiore o uguale a 18   |
| <b>Altro</b>   |  |

## COURSE OF STUDY Industrial Biotechnologies for the sustainable development

ACADEMIC year 2022/23

ACADEMIC SUBJECT

OMIC Technologies and quality control

| General information                          |           |
|--|-----------|
| Year of the course                           | 2022/2023 |
| Academic calendar (starting and ending date) |           |
| Credits (CFU/ETCS):                          | 6 CFU     |
| SSD  | BIO/12    |
| Language                                     | Italian   |
| Mode of attendance                           | In class  |

| Professor/ Lecturer  |  |
|--|--|
| Name and Surname   | Alessandra Castegna                          |
| E-mail   | alessandra.castegna@uniba.it                 |
| Telephone  | 080 5442322                                  |
| Department and address   | Biosciences, Biotechnologies and Environment |
| Virtual room   | Teams  |
| Office Hours (and modalities: e.g., by appointment, on line, etc.) | Thursday, 1.30-2.30 PM and by appointment    |

| Work schedule |          |   |  |
|---------------|----------|---|--|
| Hours         |          |   |  |
| Total         | Lectures | Hands-on (laboratory, workshops, working groups, seminars, field trips) | Out-of-class study hours/ Self-study hours |
| 150           | 40       | 12  | 98   |
| CFU/ETCS      |          |   |  |
| 6             | 5        | 1   |  |

| Learning Objectives  |  |
|----------------------|--|
| Course prerequisites | There are no specific prerequisites different from those required for access to the degree course. |

| Teaching strategies                    |   |
|--|---|
| Expected learning outcomes in terms of | <p>Through the use of various bibliographic sources (scientific texts, scientific literature, current affairs), the student will be stimulated to acquire essential tools for their profession, with particular reference to the following specific objectives</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- To know the main technologies, instrumentation, know-how and workflows in proteomic and metabolomic analysis</li> <li>- To know the main tools for analysing omics data</li> <li>- To know the tools for quality control of results also in relation to the needs of human diagnostics</li> </ul> |

|  |  |
|--|--|
| <p><b>Knowledge and understanding on:</b></p>          | <p>By the end of the course, the student will have developed knowledge and understanding</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>-of the analytical and instrumental techniques to identify, characterise and quantify the proteome and metabolome, and of the approaches for obtaining proteomic and metabolomic data, of the reference databases and bioinformatic tools used for their analysis and interpretation</li> <li>-of laboratory data quality control tools</li> </ul>   |
| <p><b>Applying knowledge and understanding on:</b></p> | <p>At the end of the course, the student will learn methodological approaches and techniques in proteomics and metabolomics, with particular emphasis on the most relevant aspects for entry into the labour market and professional success. In particular:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Acquire the skills to apply the technologies of proteomic and metabolomic analysis to any scientific context.</li> <li>- To apply the knowledge and elements necessary to manage the quality control of scientific data, in the research context or in the professional context of the diagnostic laboratory.</li> <li>- Apply the knowledge and elements required to implement a quality management system in the laboratory</li> </ul> |
| <p><b>Soft skills</b></p>                              | <p>Upon completion of the course, the student will be able to:</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- Demonstrate ability to evaluate the type of proteomics and metabolomics experiment to be applied according to the diagnostic need and type of analytical sample.</li> <li>- Demonstrate judgement in quality control strategies</li> <li>- Recognise and describe principles and limitations of diagnostic processes, with particular reference to diagnostic sensitivity and specificity.</li> <li>- Demonstrate ability to communicate within the strategies underlying process quality control.</li> </ul>  |

| <b>Syllabus</b>                    |  |
|------------------------------------|--|
| <b>Content knowledge</b>           | <p>Analytical strategies: sample preparation. Introduction to mass spectrometry. Ion sources used for the analysis of proteins and peptides: Electrospray and MALDI sources. Analysers: ToF, quadrupole, ion trap, orbitrap. Tandem mass spectrometry. Interpretation of peptide fragmentation spectra.</p> <p>Applications of mass spectrometry for the structural study of proteins: assignment of post-translational modifications. Analytical strategies for protein identification: Peptide Mass Fingerprint, Sequence Query and MS/MS Ion Search. Applications of mass spectrometry for the structural study of proteins: assignment of post-translational modifications. Quantitative proteomics strategies. Analytical methods based on isotope marking techniques: SILAC, ICAT, iTRAQ. Label-free quantitative proteomics approaches.</p> <p>Metabolomic analysis: sample preparation. Applications of mass spectrometry for metabolite analysis. Quantification strategies. Isotopic tracing strategies.</p> <p>Strategies of quality control of lab and patient data. Quality control and OMIC data</p> |
| <b>Texts and readings</b>          | //   |
| <b>Notes, additional materials</b> |  |
| <b>Repository</b>                  | Teaching material in the form of a ppt presentation is available on the Team class of the course   |

| <b>Assessment</b>                      |  |
|--|--|
| <b>Assessment methods</b>              | The verification of learning takes place through an oral interview   |
| <b>Assessment criteria</b>             | <p>The student must be able to :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- master the main proteomic and metabolomic analysis approaches</li> <li>- produce clinical hypotheses on the basis of the interpretation of results and communicate them effectively;</li> <li>- demonstrate the ability to independently conduct experiments on the basis of specific requirements.</li> </ul> |
| <b>Final exam and grading criteria</b> | The final mark is given out of thirty. The exam is considered passed when the grade is greater than or equal to 18.  |
| <b>Further information</b>             |  |
|  |  |