

CORSO DI STUDIO: CdLM Biotechnologie Innovative per la Salute – Curriculum Molecolare per la Medicina

ANNO ACCADEMICO: 2025-2026

DENOMINAZIONE DELL'INSEGNAMENTO: SCIENZE OMICHE II

Principali informazioni sull'insegnamento	
Anno di corso	<i>Il anno</i>
Periodo di erogazione	<i>I semestre – Marzo 2026 / Giugno 2026</i>
Crediti formativi universitari (CFU/ETCS):	6
SSD	<i>CHIM/01 (ora CHEM-01/A)</i>
Lingua di erogazione	<i>Italiano</i>
Modalità di frequenza	<i>Non obbligatoria</i>

Docente	
Nome e cognome	<i>Marco Gaspari</i>
Indirizzo mail	<i>gaspari@unicz.it</i>
Telefono	<i>0961 369 4337</i>
Sede	<i>Livello 3 Corpo G, Campus di Germaneto</i>
Sede virtuale	
Ricevimento	<i>Giovedì ore 11-13</i>

Organizzazione della didattica			
Ore			
Totali	Didattica frontale	Pratica (laboratorio, campo, esercitazione, altro)	Studio individuale
48	48	0	102
CFU/ETCS			
6	6	0	

Obiettivi formativi	<i>Il corso ha l'obiettivo di presentare le principali tecniche analitiche basate su cromatografia e spettrometria di massa e i metodi di analisi statistica per l'analisi qualitativa e quantitativa di miscele complesse di biomolecole, in particolare di proteine e metaboliti. L'analisi proteomica sarà l'argomento centrale del corso.</i>
Prerequisiti	<i>Conoscenze di chimica generale e di chimica organica</i>



Metodi didattici	<i>Il metodo di insegnamento principale è la didattica frontale. Potranno eventualmente essere previste delle brevi sessioni pratiche in laboratorio per seguire le fasi di preparazione del campione, seguite poi da una discussione in aula dei risultati.</i>
Risultati di apprendimento previsti DD1 Conoscenza e capacità di comprensione DD2 Conoscenza e capacità di comprensione applicate DD3-5 Competenze trasversali	<i>Lo studente acquisirà principi di cromatografia e di spettrometria di massa, ed imparerà come queste tecniche analitiche possono essere utilizzate per l'analisi di proteine e metaboliti in campioni biologici.</i> <i>Lo studente sarà in grado di seguire protocolli sperimentali di analisi proteomica o metabolomica descritti nella letteratura scientifica, e di ampliare le proprie conoscenze attingendo in maniera autonoma a testi ed articoli scientifici.</i> <i>Acquisirà inoltre capacità critiche e di giudizio in relazione alla valutazione del dato analitico da un punto di vista statistico (t-test, PCA, HC).</i> <i>Migliorerà le proprie capacità comunicative attraverso la presentazione e la successiva discussione, anche di gruppo, di articoli scientifici attinenti al programma del corso.</i>



Contenuti di insegnamento (Programma)	- Spettrometria di massa: cenni ai metodi di ionizzazione; analizzatori - Spettrometria di massa di peptidi e proteine; 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 tireoglobulina, screening neonatale).
Testi di riferimento	L'unico testo di riferimento in italiano, che contiene gran parte degli argomenti di base del corso, è: Alberio, M. Fasano, P. Roncada, <i>PROTEOMICA</i>, Edises. Il materiale didattico principale per il corso è costituito da articoli scientifici e review. In particolare: "Comprehensive overview of bottom-up proteomics using mass spectrometry", ACS Meas. Sci. Au, 2024.
Note ai testi di riferimento	
Materiali didattici	Le diapositive del corso ed una selezione di articoli scientifici sono disponibili su e-learning di Ateneo

Valutazione	
Modalità di verifica dell'apprendimento	Per raggiungere la sufficienza (18-21) lo studente dovrà conoscere i principi di base della spettrometria di massa e della cromatografia; dovrà inoltre dimostrare di aver compreso l'utilità degli strumenti statistici appresi a lezione. In particolare, dovrà: 1) Conoscere gli amminoacidi e la reattività delle catene laterali, soprattutto in relazione ai metodi di analisi proteomica quantitativa (es. quali gruppi possono essere derivatizzati) 2) Sapere cosa misura lo spettrometro di massa 3) Conoscere il significato di acronimi o termini quali: EI, MALDI, ESI, TOF, quadrupolo, orbitrap, MS/MS. 4) Conoscere le basi della identificazione di peptidi mediante MS/MS 5) Conoscere come si effettua una separazione cromatografica e quali sono i principali meccanismi di separazione cromatografica. 6) Conoscere il significato dei termini quali: media, mediana, CV, t-test, PCA. Sarà inoltre verificata, attraverso la discussione di un articolo o attraverso domande teoriche, la capacità dello studente di comprendere pienamente tutte le fasi di workflow completi di analisi proteomica quantitativa (22-25). Una volta verificate tali competenze, l'esame verterà su argomenti più specifici discussi a lezione (es. proteomica targeted, analisi di modifiche post-traduzionali, screening neonatale, differenze tra analisi proteomica e metabolomica) (26-27). Lo studente sarà incoraggiato ad applicare i concetti appresi durante il corso a problematiche completamente nuove (28-30)
Criteri di misurazione	L'esame è esclusivamente orale. Lo studente sarà valutato sulla base del livello



dell'apprendimento e di attribuzione del voto finale	<i>di conoscenza degli argomenti del programma e sulla capacità di utilizzare tali conoscenze in situazioni nuove. Questo secondo aspetto peserà maggiormente nelle valutazioni al di sopra del 26.</i>
---	---

