

<b>BIOINFORMATICA</b>			
<b>NUMERO DI CREDITI (CFU):</b> 6			
<b>SETTORE SCIENTIFICO-DISCIPLINARE:</b> CHIM/03			
<b>TIPOLOGIA DELL'INSEGNAMENTO:</b> a scelta			
<b>DOCENTE:</b> Prof. Romina OLIVA			
<b>FINALITÀ DEL CORSO:</b> Nell'era genomica l'archiviazione, il recupero e l'analisi di dati biologici rappresentano un problema complesso ma di estremo interesse, per la cui soluzione ci si avvale sempre più di strumenti informatici. Il corso si propone di introdurre alla conoscenza e all'uso delle principali banche dati biologiche e agli strumenti informatici su cui si basano analisi e predizioni.			
<b>ARTICOLAZIONE DIDATTICA:</b>			
lezioni: 48 h	esercitazioni:	laboratorio:	seminari:
<b>PROGRAMMA DEL CORSO:</b> <i>Elementi di biochimica.</i> Le macromolecole biologiche: acidi nucleici e proteine. <i>Le banche dati.</i> Le banche dati biologiche primarie, derivate e integrate. Il formato FASTA. Uso delle banche dati integrate SRS-EBI ed Entrez-NCBI. <i>Ricerca di geni in banche dati.</i> Annotazione di genomi procariotici ed eucariotici. Metodi statistici per la ricerca/annotazione di geni: matrici di punteggio sito-specifiche. Sensibilità e specificità dei metodi. La banca dati ENSEMBL. <i>Allineamento di sequenze.</i> Matrici di punteggio PAM e BLOSUM, penalizzazione di inserzioni e delezioni. Esempi di algoritmi di allineamento esatti. Costruzione di matrici cumulative. <i>Allineamenti multipli.</i> L'informazione strutturale contenuta negli allineamenti multipli. Allineamenti basati su alberi filogenetici. Uso del programma ClustalW Profili di sequenza. Fondamenti dei modelli di Markov nascosti (HMM). Uso del programma HMMer. <i>L'evoluzione delle proteine.</i> L'informazione come misura dell'ordine di un sistema. L'informazione evolutiva. Ricerca in banche dati per similarità. Significatività dell'allineamento. Riconoscimento di omologia. Uso dei programmi FASTA, BLAST e PSIBLAST. <i>Visualizzazione e analisi di strutture 3D.</i> Le strutture proteiche. Il formato PDB. Uso della banca dati wwPDB. Accenno alle tecniche sperimentali di risoluzione strutturale: cristallografia a raggi X e Risonanza Magnetica Nucleare (NMR). Uso di programmi di visualizzazione molecolare (SwissPdbViewer/ PyMol). <i>Predizione della struttura secondaria di una proteina.</i> I parametri di preferenza. Il metodo di Chou & Fasman. Impiego delle reti neurali. Livelli di affidabilità. Uso dei programmi di predizione PHDsec e PSIPRED. Accenni ai metaserver. Le banche dati derivate DSSP, PROSITE, Pfam. <i>Predizione della struttura tridimensionale di una proteina: Modelling comparativo.</i> Relazione quantitativa per la conservazione della struttura primaria e terziaria in proteine omologhe. Il core proteico e le regioni strutturalmente divergenti (SDR). Passaggi per la costruzione di un modello comparativo. Librerie di rotameri. Modelling dei loops. Uso di programmi di modelling comparativo. <i>Calcoli energetici.</i> Campi di forza per il calcolo dell'energia. Accenni ai metodi di minimizzazione energetica. <i>Predizione della struttura tridimensionale di una proteina: Riconoscimento di fold.</i> Metodi basati su profili. Metodi di threading. Metodi di mapping. Uso del programma mGenTHREADER. <i>Espressione genica.</i> La tecnica Microarray. Confronto e normalizzazione dei dati. Analisi dei dati: esempi di algoritmi di clusterizzazione a confronto.			
<b>PRE-REQUISITI:</b> elementi di statistica.			
<b>MODALITÀ DI ACCERTAMENTO DEL PROFITTO:</b> esame orale.			
<b>TESTI DI RIFERIMENTO:</b> ANNA TRAMONTANO: "Bioinformatica", Zanichelli. GIORGIO VALLE ET AL.: "Introduzione alla bioinformatica", Zanichelli.			