

## SYLLABUS DEL CORSO

### Biologia Computazionale

2021-1-F0601Q095

---

#### Obiettivi

Il corso di biologia computazionale si propone di fornire le conoscenze teoriche di base e gli strumenti pratici per utilizzare le risorse bioinformatiche disponibili in rete, per il reperimento e l'analisi di dati biologici, ed in particolare per la predizione di struttura e funzione delle proteine.

Conoscenze e capacità di comprensione. Acquisire conoscenze di base (teoriche e pratiche) sulle risorse bioinformatiche, quali portali, database e software per il reperimento e l'analisi di dati biologici.

Capacità di applicare conoscenze e comprensione. Essere in grado di utilizzare correttamente tool computazionali per analizzare i dati biologici, raccogliere ed elaborare i risultati ottenuti, riconoscerne gli aspetti salienti.

Autonomia di giudizio. Essere in grado di riconoscere i contesti in cui è opportuno applicare i metodi computazionali appresi. Essere in grado di interpretare in modo corretto e critico i risultati di un'analisi computazionale.

Abilità comunicative. Essere in grado di descrivere i risultati di un'analisi computazionale con un linguaggio scientifico appropriato.

Capacità di apprendimento. Essere in grado di applicare analisi computazionali su un problema biologico non affrontato durante le esercitazioni nel laboratorio informatico utilizzando le risorse bioinformatiche apprese

#### Contenuti sintetici

Verranno illustrati i principi su cui si basano i principali algoritmi per la predizione di struttura e funzione delle proteine sulla base della sequenza aminoacidica e le modalità di ricerca di informazioni in banche dati dedicate.

## **Programma esteso**

Banche dati di sequenze  
Algoritmi globali ed euristici per allineamenti di sequenze  
Allineamenti multipli di sequenze  
Banche dati di strutture  
Allineamenti strutturali  
Evoluzione molecolare  
Principi e problematiche di predizione strutturale e funzionale  
Predizione di ordine e disordine strutturale  
Predizione di struttura secondaria  
Modelli strutturali per omologia  
Riconoscimento di fold  
Predizione di nuovi fold con il metodo Rosetta

## **Prerequisiti**

Basi di biologia molecolare, biochimica delle proteine, ed evoluzione molecolare

## **Modalità didattica**

Lezioni frontali ed esercitazioni nel laboratorio di informatica

## **Materiale didattico**

Le diapositive mostrate a lezione saranno disponibili sulla piattaforma e-learning.

Verranno indicati lavori scientifici per ciascun argomento, che dovranno essere utilizzati per la preparazione all'esame.

Testi suggeriti:

- Orengo et al. "Bioinformatics: Genes, Proteins and Computers" Bios Scientific Publishers Limited, 2002
- Durbin et al. "Biological sequence analysis" Cambridge University Press, 1998
- Tramontano "Bioinformatica" Zanichelli, 2002

## **Periodo di erogazione dell'insegnamento**

Secondo semestre

## **Modalità di verifica del profitto e valutazione**

Presentazione, sotto forma di seminario scientifico, del progetto sviluppato durante le esercitazioni. Assegnata una sequenza nucleotidica, si chiede di individuare e caratterizzare dal punto di vista funzionale e strutturale la proteina da essa codificata. L'esposizione è seguita da discussione con domande anche sugli aspetti teorici. Verranno valutate le nozioni di base acquisite, la capacità di esposizione, la comprensione della materia, la padronanza di tecniche e metodi, la capacità critica nella interpretazione dei risultati, la capacità di collegare le diverse tematiche trattate e la capacità di affrontare un progetto di predizione strutturale e funzionale di proteine.

## **Orario di ricevimento**

Su appuntamento previa email al docente

---