



UNIVERSITÀ  
DEGLI STUDI DI MILANO-BICOCCA

## SYLLABUS DEL CORSO

### Bioinformatica

2223-1-F0901D043-F0901D087M

---

#### Obiettivi

L'obiettivo principale del modulo è quello di introdurre gli studenti alle principali problematiche relative all'analisi computazionale di sequenze biologiche (DNA, RNA, proteine). Gli studenti acquisiranno le conoscenze ed i concetti di base relativi alle metodologie e alle tecniche computazionali per la raccolta, la gestione e l'analisi di dati in biologia molecolare, come i dati di sequenze generati dalle tecnologie Next Generation Sequencing (NGS), e la padronanza dei principali strumenti computazionali necessari per estrarre informazioni di interesse per la ricerca biomedica dalle principali banche dati di sequenze.

#### Contenuti sintetici

Introduzione alla bioinformatica: motivazioni, problemi e metodologie.

Generazione dei dati: le tecnologie NGS

Organizzazione e gestione dei dati: le principali basi di dati; accesso, interrogazione, inserimento dati

Analisi dei dati: ricostruzione e annotazione di genomi; confronto di sequenze: algoritmi di allineamento globale, locale e multiplo; ricostruzione di filogenie; analisi del trascrittoma.

#### Programma esteso

1. La gestione dei dati nelle scienze della vita
2. L'informatica essenziale

- 2.1. Algoritmi e programmi
- 2.2. Alfabeti, parole, grafi
- 2.3. Basi di dati
- 3. La tecnologia NGS
  - 3.1. Piattaforme NGS di seconda generazione
  - 3.2. Piattaforme NGS di terza generazione
  - 3.3. Il formato dei dati genomici
  - 3.4. Ricostruzione e annotazione di genomi
- 4. Basi di dati di sequenze molecolari
  - 4.1. Basi di dati Genomiche (EMBL – GenBank)
  - 4.2. Basi di dati di sequenze proteiche (SwissProt, PDB)
  - 4.3. I sistemi di interrogazione delle Basi di Dati
- 5. Analisi di sequenze in biologia molecolare
  - 5.1. Algoritmi di String matching esatto
  - 5.2. Allineamento di sequenze
    - 5.2.1. Motivazioni
    - 5.2.2. Matrici a punti
    - 5.2.3. Matrici di sostituzione PAM, BLOSUM
    - 5.2.4. Allineamento globale: Algoritmo di Needleman-Wunsch
    - 5.2.5. Allineamento locale: Algoritmo di Smith-Waterman
    - 5.2.6. Algoritmi euristici: BLAST, Fasta, BWA
    - 5.2.7. Allineamento multiplo; CLUSTALW
- 6. Ricerca di motivi funzionali in sequenze
  - 6.1. Alberi di suffissi
  - 6.2. Algoritmi di pattern discovery
- 7. Analisi del trascrittoma
  - 7.1. Annotazione di geni e trascritti alternativi
  - 7.2. Analisi di dati RNA-seq

8. Evoluzione molecolare: ricostruzione di alberi filogenetici

8.1. Algoritmi di Clustering

8.1.1. k-means

8.1.2. Neighbor joining

8.1.3. UPGMA

8.1.4. Metodi di massima parsimonia

8.1.5. Metodi di massima verosimiglianza

## **Prerequisiti**

Conoscenze di base di informatica e di biologia molecolare

## **Modalità didattica**

Lezioni in presenza (se possibile)

## **Materiale didattico**

M. Helmer Citterich, F. Ferrè, G. Pavesi, C. Romualdi, G. Pesole, Fondamenti di bioinformatica (Zanichelli editore)

Dispense fornite dal docente

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

Primo semestre

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

Non sono previste verifiche intermedie. La verifica finale consiste in una prova orale, che verrà valutata tenendo conto della chiarezza espositiva e della completezza delle risposte a tre/quattro domande relative ai contenuti dell'insegnamento.

## **Orario di ricevimento**

Da definire con lo studente via email

## **Sustainable Development Goals**

ISTRUZIONE DI QUALITÀ | PARITÀ DI GENERE

---