

BIOINFORMATICA

**E' attivo solo il II anno
a.a. 2009-2010**

2° Anno

I Semestre

Basi di Dati	5 CFU
Metodi Informatici per la Biologia	4 CFU
Biologia Computazionale (II parte)	2 CFU
Totale Crediti	11 CFU

II Semestre

Altre attività (corsi a scelta, attività di ricerca, inglese, tirocini, prova finale)	59 CFU
---------------------------------------------------------------------------------------	--------

Per quanto riguarda le attività a scelta, gli studenti potranno selezionare uno qualsiasi degli insegnamenti previsti nell'ambito della Facoltà di Scienze MFN (o dell'Ateneo, previa autorizzazione del CCS). All'inizio dell'AA verrà inoltre pubblicato sul sito della Facoltà un elenco di ulteriori corsi a scelta per ampliare l'offerta didattica e permettere l'approfondimento di specifici settori di interesse per lo studente.

Prova finale

La prova finale consiste nella stesura, presentazione e discussione di una tesi relativa ad una ricerca originale svolta in un laboratorio di ricerca, scelto dallo studente, sotto la guida di un docente della Facoltà di Scienze MM.FF.NN. dell'Università degli Studi di Roma Tor Vergata.

Programmi dei corsi

BASI DI DATI

5 CFU

Prof. L. Vigliano

Il modello relazionale dei dati, progettazione di una base di dati relazionale, linguaggi di interrogazione e di progettazione di basi di dati relazionali, SQL come esempio paradigmatico, strutture fisiche. Alcuni corsi di Informatica potrebbero subire modifiche non sostanziali.

BIOINFORMATICA MOLECOLARE

4 CFU

Prof. M. Helmer-Citterich

Metodi e banche dati per genomica, genomica comparata e genomica funzionale. Metodi avanzati per l'analisi di sequenze e strutture (reti neurali, hidden Markov models). Ontologie. Text mining. Metodi e banche dati per l'analisi e l'inferenza di interazione tra proteine. Analisi di pathways. Cellula virtuale. Elementi di HTML. Esercitazioni pratiche.

TESTO CONSIGLIATO

Introduzione alla Bioinformatica, Valle, Helmer-Citterich et al., Zanichelli

BIOINFORMATICA STRUTTURALE

3 CFU

Prof. M. Falconi

Caratteristiche conformazionali e strutturali di aminoacidi e nucleotidi. Metodi di rappresentazione grafica delle macromolecole. Programmi di grafica molecolare disponibili per la visualizzazione e la manipolazione delle macromolecole. Le banche dati delle strutture proteiche. Metodi per la predizione della struttura secondaria e terziaria di una proteina. Le fasi della modellazione per omologia. Modelli costruiti automaticamente. Metodi di riconoscimento di fold. L'esperimento CASP. Metodi per la ricerca della similarità strutturale. Metodologie per il docking.

BIOLOGIA COMPUTAZIONALE

5 CFU

Dott. G. Chillemi

Parte I: Dinamica molecolare classica di proteine ed acidi nucleici – Definizione di force field, equazione del moto ed algoritmi di integrazione, scelta del time step, condizioni al contorno, cut-off e lista dei vicini, applicazioni di vincoli, trattamento delle interazioni elettrostatiche. Calcolo di grandezze strutturali, energetiche e dinamiche da simulazioni di Dinamica Molecolare. Esempi di simulazioni di complessi acidi nucleici-proteine e di membrane lipidiche. La Dinamica Molecolare su calcolatori paralleli: calcolo delle interazioni di coppia, distribuzione dei dati e loro comunicazione tra i processori, calcolatori a memoria distribuita o condivisa. *Parte II: DNA Microarray* – Struttura dei DNA microarray, progettazione di un esperimento, analisi per il controllo qualità e validazione dell'esperimento, metodi statistici applicati alla normalizzazione dei dati di fluorescenza, fonti di errore sistematico e randomico; metodi statistici applicati all'elaborazione dei dati di espressione genica. I DNA microarray nella classificazione dei tumori: schemi ed algoritmi di classificazione.

BIOLOGIA STRUTTURALE

5 CFU

Prof. A. Desideri

Caratteristiche delle catene laterali degli aminoacidi, loro reattività e frequenza nelle proteine. Le interazioni deboli. Maturazione delle proteine, il processo del “folding”, “unfolding” e “misfolding”. Il problema del folding in vivo e meccanismi di controllo. Definizione dei principali domini strutturali. Sistemi di riconoscimento molecolare: a) Proteina-DNA: principali motivi di interazione con il DNA, b) Anticorpo-antigene: caratteristiche delle proteine del sistema immunitario, c) Riconoscimento enzima-substrato: le superossido dismutasi e le proteasi a serina. Classificazione delle proteine su base strutturale.

ELEMENTI DI ALGORITMI E STRUTTURE DATI

6 CFU

Prof. Gualà

Upper e lower bounds sulla complessità. Analisi complessità del caso peggiore e del caso medio. Strutture dati per la ricerca di un elemento: strutture lineari e ad albero. Ricerca del Massimo: struttura heap. Algoritmi fondamentali di ordinamento: selection sort, insertion sort, merge sort, quick sort, heap sort. Analisi della tecnica “divide et impera”. Lower bounds per l'ordinamento. Definizione di problema di ottimizzazione ed esempi algoritmi fondamentali su grafi: visite di un grafo, ricerca dei cammini minimi, ricerca del minimo albero ricoprente.

FILOGENESI MOLECOLARE

2 CFU

Prof. G. Allegrucci

Caratteri molecolari usati in sistematica. Trattamento dati molecolari. Analisi filogenetica: metodi di clustering (basati su dati di distanza) vs metodi di ricerca (basati su modelli di massima parsimonia). Modelli di evoluzione molecolare basati su metodi di massima verosimiglianza. Metodi per la valutazione dell'albero. Applicazione dei principali programmi per la ricostruzione filogenetica (PAUP, McClade)

GENETICA MOLECOLARE

4 CFU

Prof. L. Castagnoli

Il corso consiste in una serie di lezioni frontali di introduzione alla problematica scientifica e tecnica. In seguito, ogni studente, dovrà utilizzare articoli scientifici in lingua inglese. Le tematiche discusse: I) metodi genetici e biochimici per studiare l'interazione fra proteine; II) genetica dei tumori; III) genetica dei microrganismi; IV) problematiche moderne (terapia genica, organismi geneticamente modificati). Il corso richiede conoscenze di base di genetica, biologia molecolare e biochimica.

LABORATORIO DI PROGRAMMAZIONE DEI CALCOLATORI

6 CFU

Prof. L. Vigliano

Programmazione di algoritmi fondamentali. Tipi di dati astratti. Ricursione.

METODI E MODELLI STATISTICI

5 CFU

Prof. G. Scalia Tomba

Modelli probabilistici e statistici in bioinformatica. Successioni di variabili aleatorie indipendenti, di Markov, ecc. Simulazione stocastica. Metodi di stima basati su simulazione.

METODI INFORMATICI PER LA BIOLOGIA

4 CFU

Dott. A. Via

Web server Apache: installazione e configurazione. Programmazione Python (tipi, operatori, istruzioni, classi, funzioni, moduli, eccezioni). Programmazione Web (CGI, Java-Script, Applet Java). Interfaccia Web di una banca dati. Introduzione al BioPython. La programmazione sarà applicata a casi di interesse biologico e bioinformatico.

TESTI CONSIGLIATI

Mark Lutz & David Ascher, *Learning Python*, Ed. O'Reilly

Mark Lutz, *Programming Python*, Ed. O'Reilly

<http://biopython.org/>

<http://www.python.org/>

PROGRAMMAZIONE DEI CALCOLATORI

4 CFU

Prof. D. Giammarresi

Costrutti fondamentali di programmazione. Sintassi e semantica di un linguaggio di programmazione. Algoritmi e tecniche di problem solving. Strutture di dati fondamentali. Ricorsione. Interazione di base con un computer. Il processo di produzione del software: progettazione, codifica, compilazione, test. Documentazione di programmi.

PROTEINE E METABOLISMO

4 CFU

Proff. M.R. Ciriolo, L. Rossi

Struttura e ruolo metabolico di classi di proteine ed implicazioni patologiche. Proteasi a serina, enzimi lisosomiali, ubiquitina-proteosoma, caspasi, calpaine, metalloproteasi; deidrogenasi, sintesi del NAD e FAD; enzimi coinvolti nell'attivazione dell'ossigeno (ossidasi ed ossigenasi) e nella detossificazione dai suoi derivati reattivi; metabolismo dei metalli di transizione Cu, Zn e Fe e proteine ad essi correlati; sintesi e degradazione dell'eme; sintesi degli ormoni steroidei; alterazioni strutturali amiloidogeniche di proteine e ripercussioni patologiche.

STATISTICA

4 CFU

Prof. G. Scalia Tomba

Incertezza, distribuzioni, modelli probabilistici e statistici per osservazioni. Stimatori, intervalli di confidenza, test di significatività. Metodo della massima verosimiglianza. Confronto tra approccio frequentista e bayesiano. Accenni a metodi computazionali per i problemi di stima.