

# CORSO DI LAUREA MAGISTRALE CLASSE LM 6 BIOINFORMATICA

## Finalità

Scopo della laurea magistrale in Bioinformatica è quello di produrre una figura professionale di ricercatore in possesso di competenze integrate di biologia ed informatica di alto profilo culturale e metodologico. Nel piano di studio sono previsti corsi di bioinformatica (bioinformatica, web per la biomedicina, modellistica di macromolecole, genomica computazionale, biologia dei sistemi) affiancati da corsi di biologia superiori (biochimica, genetica, biologia molecolare, citologia ed istologia, biologia dello sviluppo, genomica), da corsi di informatica (programmazione, basi di dati) e dalla statistica biomedica.

## Obiettivi formativi

Ottenere una buona conoscenza di base nei diversi settori della bioinformatica: progettazione, costruzione ed utilizzo di banche dati di interesse biologico; capacità di sviluppare e utilizzare strumenti di manipolazione e analisi di biosequenze e biostrutture; conoscenza di metodologie informatiche di apprendimento automatico (reti neurali, modelli di Markov, algoritmi genetici); capacità di utilizzare strumenti di grafica molecolare, modellazione per omologia, dinamica molecolare; conoscenza approfondita di metodi e strumenti di biologia strutturale; conoscenze di strumenti e modelli statistici di interesse biomedico; abilità di approccio a problemi di genomica e proteomica; conoscenze relative ai networks proteici e alla biologia dei sistemi, uso di linguaggi di programmazione e di *scripting*; conoscenza di base dei sistemi operativi (unix, linux); conoscenza di base di statistica biomedica e di statistica applicata a problemi di interesse bioinformatico.

Conoscenza di una lingua europea, oltre all'italiano, nell'ambito specifico di competenza e per lo scambio d'informazione generali d'interesse scientifico.

## Attività formative

Il corso di laurea magistrale comprende:

- Corsi di informatica di base, con particolare riferimento ad algoritmi e strutture dati, basi di dati, programmazione e laboratori di informatica;
- Corsi di biologia di base e avanzata, per acquisire e consolidare conoscenze in genetica, biologia cellulare e dello sviluppo, biologia molecolare, stress e apoptosi, trasduzione del segnale;
- Corsi avanzati di bioinformatica, bioinformatica strutturale e modellistica, biologia strutturale e progettazione di farmaci;
- Corsi di analisi e modelli statistici applicati a problemi di interesse biomedico;

- Corsi di genomica computazionale, biologia dei sistemi, networks proteici e proteomica.

Circa un terzo dell'impegno orario complessivo sarà dedicato all'elaborazione di un progetto di ricerca individuale che verrà portato avanti in un'aula informatizzata.

### Accesso

L'accesso alla laurea magistrale è previsto da corsi di Laurea in: Scienze Biologiche, Biotecnologie, Medicina, Farmacia, Informatica, Matematica, Ingegneria Informatica, Fisica e Scienze e Tecnologie Chimiche.

### Sbocchi professionali

Molti sbocchi professionali sono disponibili soprattutto nell'ambito di attività di ricerca e accademiche. Offerte di lavoro per bioinformatici giungono da parte di istituti di ricerca sia privati che pubblici. Sbocchi professionali sono anche disponibili presso: centri di calcolo, laboratori operanti nel campo biomedico, biotecnologico, biofarmaceutico, biologico-molecolare, medicina personalizzata, agroalimentare, farmacologico, ambientale e bio-nanotecnologico; enti ospedalieri; industrie agro-alimentari; industrie farmaceutiche; industrie chimiche.

### Requisiti per l'ammissione

1. Per essere ammessi al corso di Laurea Magistrale in Bioinformatica occorre essere in possesso di una laurea di primo livello o diploma universitario di durata triennale o di altro titolo di studio conseguito all'estero riconosciuto idoneo.

Si richiedono inoltre alcune conoscenze di base quali:

fondamenti di biologia dei microrganismi e degli organismi, delle specie vegetali e animali, uomo compreso, a livello morfologico, funzionale, cellulare, molecolare, ed evolutivo; dei meccanismi di riproduzione e di sviluppo, e dell'ereditarietà. Elementi di base di matematica, statistica, informatica, fisica e chimica.

2. Sono previsti specifici criteri di accesso che prevedono, comunque, il possesso di requisiti curriculari e l'adeguatezza della personale preparazione dello studente. I requisiti per l'accesso saranno valutati da una commissione composta dal Presidente del CdL e 2 docenti afferenti al CdL e proposti dal Presidente.

### 3. I requisiti richiesti per l'accesso sono:

(a) Laurea di durata triennale nelle classi di laurea L-12 (DM 509) e L-13 (DM 270) Scienze Biologiche; e L-1 (DM 509) e L-2 (DM 270) Biotecnologie; laurea nelle Classi L-29 (Scienze e Tecnologie Farmaceutiche), L/SNT3 (Professioni sanitarie tecniche) e simili; laurea nelle Classi L-8 (Ingegneria dell'Informazione), L-31 (Scienze e Tecnologie Informatiche), L-35 (Scienze Matematiche), L-27 (Scienze e Tecnologie Chimiche), L-30 (Scienze e Tecnologie Fisiche) e simili da cui si accede direttamente al corso senza debito formativo.

**oppure**

(b) non più di 30 CFU di debito formativo nei settori scientifico disciplinari e CFU corrispondenti, individuati dalla commissione di cui al punto 2, che lo studente deve aver acquisito prima dell'iscrizione. La verifica della adeguatezza della preparazione personale degli studenti di cui al punto (b) verrà attestata attraverso un colloquio davanti alla commissione di cui al punto 2.

Per colmare il debito formativo lo studente dovrà superare una valutazione da parte dei docenti identificati dalla Commissione di cui al punto 2, eventualmente mediante l'iscrizione a corsi singoli.

**Ordinamento degli studi**

I SEMESTRE: 10 ottobre 2011 - 18 gennaio 2012

II SEMESTRE: 12 marzo 2012 - 1 giugno 2012

Corsi obbligatori (totale 62 CFU):

<b>I° e 2° Anno I SEMESTRE</b>	CFU
Applicazione web per la biomedicina (MED/04)	6
Statistica biomedica (MED/01)	6
Basi di dati (INF/01)	6
Genomica (BIO/18)	6
Biochimica e biologia molecolare delle piante (BIO/04)	6
<b>II SEMESTRE</b>	
Corso integrato:	
Biologia e bioinformatica strutturale (BIO/11)	6
Farmaci e trascrittoma (CHIM/08)	2
Proteomica cellulare e principi di proteomica (BIO/10)	6
Signaling, stress e apoptosi (BIO/13)	6
Programmazione e laboratorio programmazione (INF/01)	6
Bioinformatica (BIO/11)	6
<b>I° e 2° Anno I SEMESTRE e II SEMESTRE:</b>	
Attività a scelta	10
<b>2° Anno II SEMESTRE:</b>	
Ulteriori attività formative e di orientamento	3
Prova finale	45

**Prova finale**

La prova finale consiste nella preparazione e discussione di un'ampia relazione scritta, frutto di una originale e autonoma elaborazione dello studente, su un argomento attuale di ricerca in bioinformatica proposto dal relatore. La discussione avviene in seduta pubblica davanti a una commissione di docenti che esprime la valutazione complessiva in centodecimi, eventualmente anche con la lode. Ai fini del voto finale di laurea verranno incentivati gli studenti che avranno maturato un'esperienza all'estero e coloro che avranno redatto la tesi anche in lingua inglese.

<b>Attività a Scelta (almeno 10 cfu)</b>				
<b>Insegnamento</b>	<b>SSD</b>	<b>CFU</b>	<b>Docente</b>	<b>Sem</b>
Genetica di Base	BIO/18	6	Castagnoli	I
Bioinformatica di Base	Bio/11	4	Helmer-Citterich	I
Citologia e Istologia	BIO/06	3	Beninati	I
Biologia dello Sviluppo	BIO/06	3	Cecconi	I

Algoritmi della Bioinformatica	BIO/11	3	da definire	I
Drug design	CHIM/08	3	da definire	I
Biodiversità	BIO/05	2	Sbordoni	I
Genetica dei caratteri quantitativi	BIO/18	2	Novelletto	I
Biologia Molecolare	BIO/11	6	Amaldi	II
Complementi di Biologia dei Sistemi	BIO/18	2	Cesareni	II
Genomica Computazionale	BIO/11	2	da definire	II
Dinamica Molecolare di Biomolecole	BIO/10	1	da definire	II
Complementi di espressione genica	BIO/11	3	Loreni	II
Metodi di Riconoscimento Molecolare	BIO/11	3	Morozzo della Rocca	II
Biochimica	BIO/10	6	Ciriolo	I
Complementi di Programmazione	INF/01	5	da definire	I

le AAS in verde sono quelle consigliate agli informatici. Verranno loro riconosciuti come crediti formativi: Programmazione, Basi di Dati e Applicazioni Web (18 cfu) i restanti cfu saranno considerati AAS

## Programma dei Corsi

Maggiori informazioni (e aggiornamenti in tempo reale) sono disponibili nel website della Laurea Magistrale in Bioinformatica all'indirizzo:

<http://bioinformatica.uniroma2.it/LMBioinformatica/>

### APPLICAZIONI WEB PER LA BIOMEDICINA (MED/04) 6 CFU

Docente: Andrea Cabibbo

#### Programma

Gli studenti acquisiranno le competenze per allestire un sito web e disegnare applicazioni e software accessibili attraverso interfacce online. Networks di computers, intranets. Networks di networks, Internet. Protocolli TCP/IP: pacchetti, indirizzi IP, layer fisico, layer applicazioni. FTP, SFTP, SMTP, DHCP, POP<sub>3</sub>, IMAP<sub>4</sub>, SSH, HTTP. Disegno di una pagina web statica: HTML<sub>4</sub>, CSS. Gestione interfacce: web forms. Gestione di una pagina web dinamica: PHP. Disegno applicativi web: PHP e Python. Common Gateway Interface per le bioscienze: utilizzo avanzato di Python. Sviluppo di un progetto individuale consistente in una applicazione web completa di interfaccia utente, backend cgi e gestione dell'output.

### BASI DI DATI (INF/01) 6 CFU

Docente: Loredana Vigliano

#### Programma breve

Introduzione. Algebra relazionale. Calcolo relazionale. Flusso di progetto e visione dei dati. Modello concettuale dei dati. Disegno logico e fisico DB. Forme normali. Query language e implementazioni su MySQL. Simulazione progetto. Realizzazione progetto.

### **Programma dettagliato**

Introduzione. Illustrazione corso. Cosa è un Database. Cenni storici. Modello relazionale. Algebra relazionale. Calcolo relazionale. Flusso di progetto e visione dei dati. Dai concetti allo schema fisico. Modello concettuale dei dati. Entità, relazioni e cardinalità. Chiavi e attributi. Disegno logico DB. Schema Entità-Relationship. Esempi di schema. Disegno fisico DB. Integrità, congruenza, consistenza e non ridondanza. Forme normali. Le prime 5 forme normali. Dipendenze funzionali. Query language e implementazioni su mySQL. Creazioni tabelle. DML. SQL. Select (Opzioni, confronto, appartenenza, somiglianza; Operatori, gerarchie, ordinamenti; Join, equijoin e nonequijoin). Select nidificate. Union, intersect, minus di select. Operatori aritmetici e funzioni aritmetiche. Funzioni di insieme (con opzioni). Funzioni di stringa. Viste. Creazioni indici e integrità semantica. Sicurezza. Uso concorrente (se c'è tempo). Concetto di transazione. Uso di lock. Simulazione progetto. Realizzazione progetto.

### **BIOCHIMICA E BIOLOGIA MOLECOLARE DELLE PIANTE (BIO/04) 6 CFU**

Docente: Lorenzo Camoni

#### **Programma breve**

Il metabolismo secondario delle piante. Terpeni, composti fenolici, alcaloidi.

I sistemi di difesa delle piante: basi genetiche e biochimiche dell'interazione pianta-patogeno. Organizzazione del genoma degli organismi vegetali. Studio della funzione di un gene. Analisi dell'espressione genica. Il proteoma delle piante. Basi molecolari della trasduzione del segnale degli ormoni delle piante.

#### **Programma dettagliato**

Il metabolismo secondario delle piante. Terpeni, composti fenolici e alcaloidi: vie di biosintesi e ruolo fisiologico. Esempi di molecole di interesse farmacologico. I sistemi di difesa delle piante: basi genetiche dell'interazione pianta-patogeno. La biochimica delle reazioni di difesa. Organizzazione del genoma degli organismi vegetali. Studio della funzione di un gene. Genetica *forward* e genetica *reverse*. Mutagenesi chimica e fisica. Mutagenesi inserzionale. Analisi dell'espressione genica. Analisi *in silico* del trascrittoma. Dai geni alle proteine: il proteoma delle piante. Principali tecniche di analisi. Modificazioni post-traduzionali delle proteine. Meccanismi molecolari alla base della trasduzione di segnali ormonali: meccanismo d'azione dei principali ormoni delle piante.

### **BIOINFORMATICA (BIO/11) 6 CFU**

Docente: Gabriele Ausiello

#### **Programma breve**

Allineamenti di sequenze, Matrici di sostituzione, Algoritmi di allineamento euristici, Alberi filogenetici, Allineamenti multipli, Qualità dei motivi funzionali, Matrici posizionali di peso, Profili, Ricerca di geni, Ricerca dei promotori, Metodi di predizione delle interazioni molecolari, Analisi dei microRNA, Text mining, Ontologie. Esercitazioni pratiche.

#### **Programma dettagliato**

Matrici per gli allineamenti (Rappresentazione di un allineamento con una matrice, Matrice di punti, Ricerca del migliore allineamento su matrice, Regioni di identità, duplicazioni e inserzioni sulle

matrici). Programmazione dinamica (Algoritmo di programmazione dinamica, Programmazione dinamica con gaps, Needleman & Wunsch). Allineamenti locali e globali (Differenza fra allineamenti locale e globale, Significato biologico di locale e globale, Allineamenti locali e globali su di una matrice, Smith & Waterman). Matrici di sostituzione (Frequenze degli aminoacidi e composizione Amminoacidica, Probabilità di sequenze e allineamenti casuale, Misura delle sostituzioni casuali, Misura delle sostituzioni osservate). Costruzione di una matrice di punteggio (Rapporto fra sostituzioni osservate/casuali, Matrice di probabilità e probabilità di un allineamento, Logaritmo del rapporto osservate/casuali e matrice di punteggio). Tipi di matrici di sostituzione (Distanza di una matrice di sostituzione, Matrici BLOSUM, Matrici PAM). Parole di aminoacidi (Composizione in parole di una sequenza, Allineamenti con parole, Matrici di parole, Parole simili). Ricerche in banche dati (Generalità, Algoritmi euristici, Allineamenti euristici, Descrizione dell'algoritmo FastA, Descrizione dell'algoritmo Blast, Significatività statistica del punteggio). Distanza fra sequenze (Similarità e distanza, Distanza genetica, Distanza Jukes & Cantor, Matrici delle distanze). Alberi filogenetici (Descrizione di un albero, Ortologhi e paraloghi, Tipi di alberi, Ipotesi dell'orologio molecolare, Test distanze ultrametriche). Costruzione di un albero filogenetico (Algoritmi di clustering, Clustering gerarchico e additivo, Distanza fra clusters, Metodo UMPGMA). Allineamenti multipli (Descrizione, Utilità, Colorazione, Consensus, Punteggio di una colonna, Punteggi alternativi, Somma delle coppie, Peso delle sequenze, Somma pesata delle coppie). Costruzione di un allineamento multiplo (Programmazione dinamica in più dimensioni, Albero guida, Allineamento progressivo (CLUSTALW), Allineare fra di loro due allineamenti, Metodi iterativi). Qualità di motivi funzionali (Veri/falsi e Positivi/Negativi, Sensitività, Selettività, Curva ROC, Coefficiente di correlazione). Matrici posizionali di peso (PSSM, Ricerche con PSSM, Logo di una sequenza). Profili (Profilo di un allineamento multiplo, Ricerca con un profilo, PSI- BLAST). Ricerca di geni (Struttura di un gene, Analisi Schemi di lettura aperti, Metodi estrinseci). Analisi di contenuto (Frequenze esanucleotidi, Altri contenuti, Punteggio delle regioni codificanti). Analisi di segnale (Siti di splicing, Altri segnali, Integrazione con analisi di contenuto). Modello dei geni (Ordinamento corretto degli esoni, Allenamento dei metodi, Valutazione della prestazioni dei metodi). Ricerca dei promotori (Analisi del contenuto, Analisi dei segnali, Impronta filogenetica, Moduli cis regolativi). Metodi di predizione delle interazioni molecolari. Analisi dei microRNA. Text mining. Ontologie.

## **CORSO INTEGRATO DI BIOLOGIA E BIOINFORMATICA STRUTTURALE E FARMACI E TRASCRITTOMA 8 CFU**

BIOLOGIA E BIOINFORMATICA STRUTTURALE (BIO/11) 6 CFU

Docente: Mattia Falconi

### **Programma breve**

Studio dell'architettura e della morfologia delle macromolecole biologiche. Principi alla base del folding e del riconoscimento molecolare. Descrizione delle tecniche simulative utilizzate per l'analisi e la predizione strutturale delle biomolecole.

### **Programma dettagliato**

Caratteristiche delle catene laterali degli amminoacidi, loro reattività e frequenza nelle proteine. Le interazioni deboli: interazioni elettrostatiche, legame idrogeno, effetto idrofobico. Il processo del "folding", "unfolding" e "misfolding". Il problema del folding *in vivo* e meccanismi di controllo. Definizione dei principali domini strutturali. Descrizione di alcuni modelli di riconoscimento molecolare. Programmi per la visualizzazione e la manipolazione delle macromolecole. Caratteristiche conformazionali delle proteine e degli acidi nucleici. Metodi per la predizione della struttura secondaria delle proteine e dell'RNA. Metodi per la ricerca della similarità strutturale delle



e Threading, metodi *Ab initio*. Introduzione al Drug Design, come si progetta un farmaco. Overview delle metodologie di Docking e scoring e la metodologia del Virtual Screening.

FARMACI E TRASCRITTOMA (CHIM/08) 2 CFU

Docente da definire

### Programma

Trattamento dei dati di espressione genica da tecniche *high throughput*. Struttura dei DNA microarray, progettazione di un esperimento, metodi statistici applicati alla normalizzazione dei dati di fluorescenza, metodi statistici applicati all'elaborazione dei dati di espressione genica. Esempio di applicazione: i DNA *microarray* nella classificazione dei tumori. Analisi di dati da esperimenti di RNA-seq.

**GENOMICA (BIO/18) 6 CFU**

Docente: Domenico Frezza

### Programma

Organizzazione dei genomi: richiami sulle differenze tra procarioti ed eucarioti; approcci per lo studio della genomica; nuovi sistemi olistici. Studi tramite modellistica (organismi modello); conservazione e variabilità dei genomi nelle specie diverse; conservazione ed evoluzione. Metodi di confronto bioinformatici con banche dati. Uso di programmi e algoritmi per analisi genomiche. Strutture regolative, regioni genomiche trascritte e non trascritte. Regioni regolative di cluster genici. Epigenetica e livelli gerarchici di regolazione genomica: struttura e modificazioni epigenetiche del genoma, nuovi metodi di studio sulla cromatina; nucleosomi e strutture cromosomiche, interazioni con l'ambiente cellulare, attivazione dei territori cromosomici, analisi dei sistemi di controllo epigenetico. Metodi di wide genome screening con VNTR e SNPs. Nuove tecniche di mappatura genetica, genetica diretta ed inversa. Analisi di correlazione Genotipo/Fenotipi. Esempificazione di metodi di mappatura. Malattie genetiche e nuovi metodi di screening, CNVs (variazione del numero di copie di ripetizioni), tecniche di gene trapping (vettori specifici). Analisi delle regioni non codificanti. Analisi 3D. Analisi delle interazioni dei fattori di trascrizione e compartimentazione della cromatina nel nucleo (factories). Analisi 3C e 4/5 C. Analisi delle regioni codificanti. Tecniche olistiche di silenziamento tramite vettori per siRNA interference, vettori inducibili, costitutivi o con ricombinazione per creare palindromi capaci di dare interference. Modelli animali, tecniche recenti con vettori specializzati per produrre topi transgenici. Analisi di tipo "throughput" delle interazioni genetiche. Costruzione di libraries di cellule staminali per topi transgenici con vettori specializzati. Analisi delle regioni non codificanti. Tecniche per enhancer trapping. Spazi intergenici e regioni ripetute. Regioni con "insulator activity". Nuove tecniche di sequenziamento olistico col metodo del "pirofosfato". Esempificazioni tramite articoli recenti di letteratura in lingua Inglese.

### Testo consigliato:

Arthur M.Lesk, Introduzione alla genomica, Zanichelli. Le parti di bioinformatica, Epigenetica, strutturistica e analisi 3D sono spiegate solo a lezione e con articoli scientifici in Inglese a disposizione, ma non sono presenti in libri di testo.

**PROGRAMMAZIONE E LABORATORIO PROGRAMMAZIONE (INF/01) 6 CFU**

Docente da definire

### Programma breve

Il corso consiste in una serie di lezioni frontali in cui verranno trattati i seguenti argomenti: Architettura di un calcolatore. Costrutti fondamentali di programmazione. Sintassi e semantica del linguaggio di programmazione C. Il processo di produzione del software: progettazione, codifica,

compilazione, test. Tipi di dati astratti. Algoritmi e tecniche di problem solving. Strutture di dati fondamentali. Ricorsione.

### **Programma dettagliato**

Aspetti specifici del linguaggio di programmazione C, tra cui la gestione della memoria. Introduzione al concetto di algoritmo, istruzione, flusso d'esecuzione, architettura di von Neumann. Introduzione ai linguaggi di programmazione, linguaggi di basso e di alto livello. Linguaggi di programmazione interpretati, compilati e ad approccio ibrido. Introduzione alla programmazione strutturata, strutture di controllo del flusso (if, while, do while), concetto di blocco. Diagrammazione a blocchi. Operatori aritmetici, operatori relazionali e logici, struttura "for" per il controllo del flusso. Operatori per incremento e decremento delle variabili (++ , - , += , -= , /= , %=), cicli annidati, comandi break, continue ed exit. Aspetti caratteristici del linguaggio C: le fasi della programmazione C, la funzione scanf, l'istruzione switch case, operatore virgola, tipi in virgola mobile. Array: vettori, esempio di utilizzo. Inizializzazione di variabili. Matrici. Esercizio: verificare che una matrice è diagonale. Ricerche e ordinamenti: ricerca completa, ordinamenti (es. bubblesort), ricerca binaria, fusione di due array. Stringhe in C, esempi di uso di stringhe e funzioni di libreria. Puntatori e aritmetica dei puntatori, allocazione dinamica della memoria e strutture C. Gestione dei File. Ricorsione. Strutture dati: liste e pile, implementate con array e con strutture "linkate". Tipi derivati e classi di memoria. Preprocessore C.

### **PROTEOMICA CELLULARE E PRINCIPI DI PROTEOMICA (BIO/10) 6 CFU**

Docente: Andrea Battistoni

#### **Programma**

Struttura ed organizzazione del proteoma. Cenni sulle tecniche di base per studiare il proteoma cellulare (purificazione di proteine, elettroforesi monodimensionale e 2D, Western blot, immunoprecipitazione, immunoistochimica, sequenziamento con degradazione di Edman, principi di spettrometria di massa). Metodi avanzati per lo studio del proteoma. Modificazioni post-tradizionali delle proteine e loro significato fisiopatologico. Redox proteomica: metodologie per l'identificazione di proteine modificate ossidativamente. Applicazioni della proteomica per lo studio di base di sistemi procariotici ed eucariotici, per l'analisi delle interazioni tra ospite e patogeno e per la comprensione delle basi molecolari delle malattie.

### **SIGNALING, STRESS E APOPTOSI (BIO/13) 6 CFU**

Docente: Lina Ghibelli

#### **Programma breve**

Meccanismi molecolari di trasduzione del segnale. Meccanismi e finalità della risposta stress. Esiti: sopravvivenza vs. suicidio cellulare. Risposta heat shock, stress ossidativo, ipossia, autofagia. Effetti cellulari dei campi magnetici; nanotossicologia. Apoptosi: percorso intrinseco ed estrinseco. Regolazione e ruolo di apoptosi e risposta stress in fisiologia e patologia; implicazioni terapeutiche.

#### **Programma dettagliato**

Meccanismi di trasduzione del segnale. NF-kappaB, MAP chinasi, flussi di Ca<sup>2+</sup> segnalatori. Definizione di danno e risposta cellulare attiva; riparazione, limitazione e prevenzione del danno; difesa dell'integrità cellulare e dell'organismo. Risposta heat shock: cenni storici, induttori; sensori, heat shock factor; modulazione dell'espressione genica, livelli di regolazione; ruolo delle proteine heat shock (chaperonine); risoluzione e termotolleranza. Autofagia come liberazione di molecole e organuli danneggiati o per deficit nutritivo; meccanismi molecolari e significato in fisiologia e patologia. Danni ossidativi; metabolismo aerobico e evoluzione delle difese antiossidanti; ossidazione come segnalazione o come stress ossidativo; specie reattive dell'ossigeno e scavengers



endogeni e esogeni; il sistema del glutatione e mantenimento dell'equilibrio redox; stress ossidativo e patologia. Anossia e ipossia; sensori (hypoxia inducing factor), regolazione e risposte adattative; danni da carenza e ripristino di  $O_2$ ; rapporti con la patologia: ischemia/riperfusion e progressione tumorale. Effetti biologici dei campi magnetici; dipendenza dai tipi e intensità di campo; il problema del sensore biologico: risonanza ciclotronico e coppie radicaliche; effetti su canali ionici, trasduzione del segnale, attivazione e morte cellulare; rapporti con patologia e epidemiologia; rischi e usi terapeutici. ADP-ribosilazioni come mediatori della risposta stress; poli-ADP-ribosilazione (PARP) nella risposta da danno al DNA: riparazione e apoptosi; mono-ADP-ribosilazioni e trasduzione del segnale. Stress e apoptosi; suicidio di cellule danneggiate come salvaguardia per l'organismo; sensori di danno e innesco di eventi molecolari: ruolo delle fosforilazioni; percorso intrinseco e estrinseco, catastrofe mitotica e stress reticolare; caratteristiche delle cellule apoptotiche; ruolo di caspasi e altre proteasi; tipi di morte cellulare alternativi; resistenze intrinseche e indotte; ruolo della famiglia Bcl-2; destino delle cellule apoptotiche; apoptosi fisiologica e ruolo nella omeostasi; apoptosi da stress e ruolo nei fenomeni riparatori (infiammazione, risposta immune); deregolazione di apoptosi e patologie coinvolte: insorgenza e progressione tumorale e patologie degenerative; modulazione di apoptosi come approccio terapeutico. Fenomeni di stress e apoptosi nella risposta infiammatoria: eventi molecolari e cellulari.  $Ca^{2+}$  come agente stressante; ruolo di canali e pompe ioniche nella decisione sopravvivenza/apoptosi. Impatto delle nanoparticelle naturali e ingegnerizzate sulla materia vivente; definizione di nanotossicologia e dei problemi intrinseci di interazione nanoparticella/biomolecola/cellula. Concetti di nanobiotechnologia.

### **STATISTICA BIOMEDICA (MED/01) 6 CFU**

Docente: Gianpaolo Scalia Tomba

#### **Programma**

Il corso deve fornire le basi teoriche e pratiche per capire e implementare le tecniche statistiche e probabilistiche usate in Bioinformatica. Si presuppone che lo studente abbia già seguito un breve corso introduttivo di statistica e/o probabilità. Approfondimenti di metodi statistici e probabilistici: distribuzioni di probabilità discrete e continue, univariate e multivariate. Tecniche di simulazione stocastica. Metodi statistici: stima ML, metodo dei momenti, test e IC. Modelli per sequenze (di nucleotidi, proteine,...): sequenze stocastiche indipendenti e Markoviane, aspetti probabilistici di Hidden Markov models. Il software statistico R.

#### **Testo consigliato:**

Statistical Methods in Bioinformatics 2nd ed., Ewens & Grant, Springer 2005.

### **ATTIVITÀ A SCELTA (AAS)**

#### **ALGORITMI DELLA BIOINFORMATICA (BIO/11) 3 CFU**

Docente da definire

#### **Programma breve**

Il corso ha lo scopo di presentare i principali elementi algoritmici e delle strutture dati utilizzati in bioinformatica. In particolare si affronteranno le basi teoriche e poi l'applicazione del paradigma base della classificazione statistica. al training dei metodi di apprendimento statistico. Gli argomenti saranno trattati tenendo costantemente presente l'applicazione a dati di interesse biologico. Saranno anche trattate le strutture dati coinvolte nella rappresentazione dei sistemi complessi dinamici mediante modelli computazionali (reti complesse).

### **Programma dettagliato**

Cenni sull'analisi della complessità e calcolabilità computazionale. problemi P e NP Cenni. Il paradigma CRISP-DM. Vari metodi di Classificazione Cenni. Algoritmi di classificazione supervisionati e non supervisionati. Cenni di distributed datamining. Tipologie di rete per la rappresentazione dei sistemi biologici. Cenni di Modellazione Markoviana. Algoritmi deterministici di ottimizzazione (Backtracking e Branch and Bound). Algoritmi stocastici di ottimizzazione comunemente usati in bioinformatica: Gradient Descent, Expectation Maximization, Markov Chain Monte Carlo, algoritmi genetici. Utilizzo di algoritmi di ottimizzazione nella stima dei parametri di Hidden Markov Models e metodi di machine learning (Neural Networks, Support Vector Machines). Esempi di applicazione dei metodi descritti durante il corso a problemi di interesse biologico come predizione di siti funzionali, predizione di struttura secondaria, modellazione statistica di allineamenti multipli.

### **BIOCHIMICA (BIO/10) 6 CFU**

Docente: Maria Ciriolo

#### **Programma breve**

Struttura/funzione degli amminoacidi e proteine. Struttura/funzione dei carboidrati e dei lipidi. Cinetica enzimatica. Metabolismo dei carboidrati, lipidi e amminoacidi. Metabolismo delle basi azotate. La catena di trasporto degli elettroni e la fosforilazione ossidativa.

#### **Programma dettagliato**

Struttura degli amminoacidi, classificazione, curve di titolazione acido-base. Caratteristiche del legame peptidico. Struttura primaria, secondaria (alfa elica, foglietto beta), terziaria e quaternaria delle proteine. Le proteine fibrose: alfa cheratina, fibroina della seta. Il collagene: struttura e modificazioni post-traduzionali. La mioglobina. L'emoglobina: cooperatività del legame con l'ossigeno, equazione e coefficiente di Hill, i ligandi eterotropici ( l'anidride carbonica, l'effetto Bohr, 2,3-bisfosfo glicerato). L'emoglobina F e S. Struttura dei monosaccaridi e loro derivati. Struttura dei disaccaridi alfa e beta e omopolisaccaridi (amilosio, amilopectina, glicogeno, cellulosa, chitina, ecc.). Struttura degli eteropolisaccaridi, proteoglicani. Glicoproteine. Parete batterica. Struttura degli acidi grassi - triacilgliceroli - glicerofosfolipidi - sfingolipidi. Derivati dell'acido arachidonico (prostaglandine, leucotrieni, trombossani). Terpeni.

### **BIODIVERSITÀ (BIO/05) 2 CFU**

Docente: Valerio Sbordoni

#### **Programma**

La biodiversità e i suoi significati. Il valore etico, sociale ed economico della biodiversità. La convenzione sulla diversità biologica (CBD) e i Clearing House Mechanisms (CHM) nazionali. Complessità e livelli della diversità biologica: geni, specie, ecosistemi. La diversità genetica. Misure della diversità genetica. Il progetto DNA barcoding. L'approccio sistematico alla diversità: classificazione, filogenesi e tassonomia. Concetti di specie. L'approccio ecologico: fattori che promuovono la diversità specifica. La diversità ambientale. Il ruolo ecologico dei margini. I servizi ecosistemici. Biodiversità nello spazio: biodiversità e biogeografia. Relazioni specie-area, teoria della biogeografia insulare, gradienti di ricchezza in specie. Hotspot di biodiversità. Biodiversità nel tempo: radiazioni adattative ed estinzioni. Il vortice dell'estinzione. Cambiamenti a lungo, medio e breve termine. Cause e meccanismi della perdita di biodiversità. Dalla frammentazione dell'habitat alle specie aliene. Misure di diversità. Come misurare il declino della diversità biologica. Il ruolo della IUCN. Catalogare e mappare la biodiversità: iniziative a

livello regionale, nazionale e globale. Biodiversità e bioinformatica. L'Osservatorio Regionale della Biodiversità del Lazio. Biodiversità e conservazione: direttive e convenzioni internazionali.

Libri consigliati: Carlo Ferrari. Biodiversità dall'analisi alla gestione. Zanichelli.

N.B.: Per gli studenti del corso di laurea magistrale in Bioinformatica il programma è ridotto ad una quota corrispondente a 2 CFU (cenni generali su tutto il programma e lo sviluppo dell'ultimo paragrafo).

### **BIOINFORMATICA DI BASE (BIO/11) 4 CFU**

Docente: Helmer-Citterich

#### **Programma breve**

Banche dati di acidi nucleici, proteine, letteratura. Metodi di allineamento di biosequenze. Matrici di sostituzione. Ricerca di sequenze in banche dati. Allineamenti multipli e profili. Motivi funzionali. Ricerca geni e promotori in genomi. Annotazione funzionale, confronto e classificazione di strutture proteiche. Previsione struttura secondaria e terziaria. Esercitazioni pratiche.

#### **Programma dettagliato**

Banche dati di acidi nucleici, proteine, letteratura. Metodi esaustivi ed euristici di allineamento e ricerca di biosequenze in banche dati. Matrici di sostituzione. Allineamenti multipli e profili. Motivi funzionali. Ricerca geni e promotori in genomi. Browser genomici. Annotazione funzionale di geni e genomi. Confronto e classificazione di strutture proteiche. Previsione struttura secondaria e terziaria di proteine: modelling per omologia, threading, metodi ab initio. Metodi computazionali per l'inferenza delle interazioni molecolari. Metodi integrati. Reti di interazioni proteiche. Banche dati di Interazioni, pathways, malattie genetiche, SNPs. Ontologie in biologia. Text mining. Catene di Markov e Hidden Markov models. Reti neurali, algoritmi genetici. Docking, Meccanica e Dinamica Molecolare. Progettazione razionale di farmaci. Esercitazioni pratiche.

### **BIOLOGIA DELLO SVILUPPO (BIO/06) 3 CFU**

Docente: Francesco Cecconi

#### **Programma breve**

La linea germinale; differenziamento delle cellule germinali; la fecondazione; la segmentazione; la gastrulazione; l'organogenesi dell'apparato urogenitale, dell'arto, dell'occhio. I meccanismi cellulari dello sviluppo: il ciclo cellulare, adesione cellula-cellula e cellula-matrice, la morte cellulare, l'autofagia. Gli organismi modello della biologia dello sviluppo: C. elegans, drosophila, riccio di mare, xenopus laevis.

#### **Programma dettagliato**

Introduzione all'embriologia. Storia della Biologia dello Sviluppo. Sviluppo dei gameti. Linea germinale. La fecondazione. Modelli di sviluppo in embriologia. Morfogenesi. Segmentazione. Gastrulazione. Derivati ectodermici, mesodermici ed entodermici. Annessi embrionali. Determinazione Interazioni cellulari e fenomeni di induzione. La determinazione degli assi corporei. Le basi cellulari dello Sviluppo Differenziamento. Proliferazione. Morte cellulare programmata. Molecole di Adesione. Applicazioni dell'Embriologia in Biotecnologie. Ingegnerizzazione di cellule eucariotiche ai fini industriali. Sviluppo di modelli animali per lo

studio di geni eucariotici e per l'analisi delle principali malattie genetiche: animali "transgenici" e "knockout".

### **BIOLOGIA MOLECOLARE (BIO/11) 6 CFU**

Docente: Francesco Amaldi

#### **Programma breve**

Conoscenze di base in termini molecolari e cellulari dei processi di mantenimento ed espressione dei geni: struttura del DNA e dell'RNA; organizzazione strutturale di geni, cromosomi e genomi; apparati enzimatici e meccanismi della replicazione del DNA e della trascrizione; processi di maturazione post-trascrizionale dell'RNA e traduzione; meccanismi di regolazione dell'espressione dell'attività genica ai vari livelli.

#### **Programma dettagliato**

**DAL DNA ALLE PROTEINE.** Il DNA come materiale genetico. Struttura chimica e struttura fisica del DNA. La scoperta della struttura a doppia elica. Strutture alternative del DNA (A, B, Z) e superstrutture (s.cruciformi, superavvolgimento, DNA curvo). Struttura dell'RNA. Codice genetico e sintesi proteica. Decifrazione, proprietà ed evoluzione del codice genetico. I componenti dell'apparato di traduzione: ribosomi, mRNA, tRNA e amminoacil-sintetasi. Meccanismo della traduzione nei procarioti e negli eucarioti: inizio, allungamento e terminazione.

**ORGANIZZAZIONE ED EVOLUZIONE DI GENI, CROMOSOMI E GENOMI.** Contenuto di DNA e complessità genetica; sequenze uniche, e sequenze ripetute del DNA; regioni codificanti e non codificanti del genoma; la struttura esoni/introni dei geni; origine ed evoluzione degli introni; funzioni degli introni; organizzazione ed evoluzione delle famiglie geniche; sequenze semplici e DNA satelliti; organizzazione e struttura dei cromosomi; centromeri e telomeri; istoni, struttura dei nucleosomi e organizzazione della cromatina.

**REPLICAZIONE DEL DNA.** Replicazione semiconservativa e progressiva del DNA; repliconi, forche di replicazione ed origini; repliconi unidirezionali e bidirezionali; repliconi ed origini di replicazione dei cromosomi procariotici; repliconi ed origini dei cromosomi.

### **CITOLOGIA E ISTOLOGIA (BIO/06) 3 CFU**

Docente: Simone Beninati

#### **Programma breve**

Microscopia ottica ed elettronica. Cellula animale e vegetale. Batteri e Virus. Membrane. Specializzazioni, giunzioni. Mitocondri. Lisosomi. Citoscheletro. Trasduzione del segnale, feedback negativo e positivo. Trasporto cellulare. Movimento. Nucleo. DNA RNA. Proteine, Lipidi. Mitosi, meiosi. Cromosomi. Sintesi proteica. Patologia cellulare. Tecniche istologiche. Sezioni. Epitelio. Ghiandole. Mucose. Tessuti connettivi. Midollo osseo. Muscolo. Tessuto nervoso. Cuore e sistema circolatorio. Ovaio e Ciclo mestruale.

#### **Programma dettagliato**

**Citologia:** Teoria cellulare. Cellula eucariotica e procariotica. Microscopio ottico ed elettronico. Struttura delle membrane biologiche. Membrana plasmatica e sistema delle membrane endocellulari. Specializzazioni e complessi di giunzione. Organuli cellulari: mitocondri e lisosomi. Citoscheletro. Trasduzione del segnale. Ormoni. Trasporto cellulare. Movimento cellulare e intracellulare. Struttura e funzione del DNA e RNA. Proteine e lipidi. Nucleo: involucro nucleare, cromatina, nucleolo. Struttura dei cromosomi, nucleosoma. Ciclo cellulare. Mitosi e Meiosi. Cenni sulla sintesi delle proteine e gli acidi nucleici.

**Istologia:**

Tecniche di colorazione e preparazione di campioni bioptici. Osservazione di sezioni di taglio. Esame del preparato. Tessuti epiteliali: epitelii di rivestimento ed epitelii ghiandolari. Differenziazioni delle superfici delle cellule epiteliali. Mucose: trachea, bronchi, esofago, stomaco, tenue e crasso, endometrio. Apparato digerente, respiratorio e genitale. Tessuti connettivi. Cellule, fibre e sostanza fondamentale del connettivo. Cenni sul sistema circolatorio: struttura della parete di arterie, vene e capillari. Struttura e funzione del cuore. Sangue: cellule del sangue, piastrine, plasma e siero. Midollo osseo. Tessuto muscolare: fibre muscolari striate, fibrocellule lisce, fibrocellule del miocardio. Tessuto nervoso: struttura dei neuroni. Fibre nervose. Struttura dei nervi. Terminazioni nervose motrici e sensoriali. Nevroglia, arco riflesso.

### **COMPLEMENTI DI BIOLOGIA DEI SISTEMI (BIO/18)**

**2 CFU**

Docente: Gianni Cesareni

#### **Programma**

Biologia dei sistemi e proprietà emergenti. Esperimenti con una prospettiva genomica: interazioni tra proteine, silenziamento genico, letalità sintetica, localizzazione proteica, concentrazione proteica. Rappresentazione mediante grafi di informazione sull'associazione genica: Cytoscape. Integrazione di dati: Bayes, Fisher, reti neurali. Modellizzazione di fenomeni biologici: sistemi d'equazioni differenziali, modelli Booleani, automi cellulari.

### **COMPLEMENTI DI ESPRESSIONE GENICA (BIO/11) 13 CFU**

Docente: Fabrizio Loreni

#### **Programma breve**

Approfondimento dei processi regolativi e dei meccanismi molecolari coinvolti nell'espressione genica degli eucarioti

#### **Programma dettagliato**

Il corso è mirato all'approfondimento dei processi regolativi e dei meccanismi molecolari coinvolti nell'espressione genica degli eucarioti: regolazione trascrizionale, post-trascrizionale e traduzionale. Gli argomenti e gli esempi da trattare potranno in parte variare da un anno all'altro.

Argomenti:

Tecniche avanzate di Biologia Molecolare

Regolazione trascrizionale: sequenze cis-agenti, fattori basali, fattori specifici, cromatina e trascrizione.

Regolazione post-trascrizionale: splicing, poliadenilazione, trasporto, stabilità dell'mRNA, micro RNA, mondo a RNA.

Regolazione traduzionale: fattori traduzionali, meccanismo di regolazione, esempi regolazione specifica, trasduzione del segnale.

### **COMPLEMENTI DI PROGRAMMAZIONE (INF/01) 5 CFU**

Docente da definire

#### **Programma**

Architettura di un calcolatore, Costrutti fondamentali di programmazione, Sintassi e semantica del linguaggio di programmazione C; Il processo di produzione del software: progettazione, codifica, compilazione, test, Tipi di dati astratti, Algoritmi e tecniche di problem solving, Strutture di dati fondamentali, Ricorsione, Aspetti specifici del linguaggio di programmazione C, tra cui la gestione della memoria.



**DINAMICA MOLECOLARE DI BIOMOLECOLE (BIO/10) 1 CFU**

Docente da definire

**Programma**

La Dinamica Molecolare classica applicata alle biomolecole. 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, multi time step. Calcolo di grandezze strutturali, energetiche e dinamiche da simulazioni di Dinamica Molecolare.

**DRUG DESIGN (CHIM/08) 3 CFU**

Docente da definire

**Programma**

*Programma*

- 1) Drug Target
  - Enzimi
  - Recettori....
- 2) Principi di Farmacocinetica (ADMET)
- 3) Progettazione di SM (small molecules)
  - Relazioni Struttura-Attività SAR,
  - Interazione drug-target
  - Definizione di Farmacoforo,
  - Isosteria/Bioisosteria
  - Strategie di lead optimization (*case histories*)
- 4) *Computer Aided Drug Design* (CADD)
  - Costruzione di Modelli Farmacoforici
  - Docking
  - Homology modeling*
  - Virtual screening of database*
  - QSAR
  - Valutazione/predizione delle proprietà ADMET in silico

**GENETICA DEI CARATTERI QUANTITATIVI (BIO/18) 2 CFU**

Docente: Andrea Novelletto

**Programma**

Varianza fenotipica, genetica additiva e di dominanza. Regressione. Correlazione fra parenti. Ereditabilità. Caratteri a soglia. Modelli di selezione su caratteri quantitativi. Secular trends dei caratteri quantitativi.

**TESTI OBBLIGATORI**

Zonta, Ulizzi. Caratteri quantitativi nell'uomo. In De Carli et al. Genetica generale ed umana, cap. 29, PICCIN.

Neal. Introduction to Population Biology. Cambridge Univ. Press. Cap.12

Strachan & Read. Human Molecular Genetics 3. Paragrafo 4.4

**TESTI AGGIUNTIVI (A SCELTA)**

Klug et al. Concetti di genetica VIII ed. Pearson. Cap.24

Griffiths et al. Genetica moderna. Zanichelli. Cap. 18

Mackay TFC, Stone EA, Ayroles JF. 2009. The genetics of quantitative traits: challenges and prospects. Nat Rev Genet 10: 565-577.



Antonarakis SE, Chakravarti A, Cohen JC, Hardy J. 2010. Mendelian disorders and multifactorial traits: the big divide or one for all? Nat Rev Genet 11: 380-384.

## **GENETICA DI BASE (BIO/18) 6 CFU**

Docente: Luisa Castagnoli

### **Programma breve**

La genetica e l'organismo. Gli esperimenti di Mendel. Teoria cromosomica dell'eredità. Segregazioni anomale dei fenotipi. Associazione. La struttura del DNA. La Trascrizione. Genetica batterica e dei virus. Mutazioni Geniche. Alterazioni della struttura e del numero dei cromosomi. La traduzione. Introduzione all'ingegneria genetica. Controllo dell'espressione genica. Gli organismi modello.

### **Programma dettagliato**

La genetica e l'organismo.

- L'obiettivo della genetica
- Genotipo e fenotipo

Dominanza e recessività

Gli esperimenti di Mendel.

- Incroci tra piante che differiscono per uno o due caratteri
- Genetica mendeliana negli altri organismi e nell'uomo (eredità autosomica)

Teoria cromosomica dell'eredità.

- Mitosi e Meiosi
- L'eredità legata al sesso (Morgan)
- La determinazione del sesso
- Prove della teoria cromosomica

Segregazioni anomale dei fenotipi.

- Allelia multipla, dominanza incompleta
- Definizione operativa di allelismo

Ipotesi un gene un enzima (Beadle e Tatum)

- Interazione genica :epistasi, soppressione
- Geni letali

Pleiotropia, penetranza ed espressività

Associazione.

- Associazione e ricombinazione
- Mappe di associazione
- Interferenza
- Il crossing over
- Funzione di mappa
- Analisi delle tetradi
- Ricombinazione mitotica

La struttura del DNA

- I geni risiedono sul DNA (Griffith)
- La doppia elica (Watson e Crick)
- La replicazione del DNA (Meselson e Stahl)

I telomeri

La Trascrizione

Promotori

Segnali per iniziare e terminare la trascrizione

Maturazione dei trascritti

- Coniugazione
- Trasduzione
- Trasformazione
- Lisogenia

Plasmidi e trasposoni

Genetica dei batteriofagi

Struttura fine del gene (Benzer)

Mutazioni Geniche.

- Mutazioni somatiche e germinali
- Sistemi di selezione
- Le mutazioni avvengono in assenza di selezione (Luria e Delbruck)

Meccanismi di insorgenza delle mutazioni

Test di mutagenesi

Alterazioni della struttura e del numero dei cromosomi.

- Delezioni
- Duplicazioni
- Inversioni
- Traslocazioni
- Euploidia
- Aneuploidia

La traduzione

- Colinearità gene proteina (Yanofsky)
- Il codice genetico (Crick e Brenner)

t-RNA, ribosomi

Introduzione all'ingegneria genetica

- Gli enzimi di restrizione
- Plasmidi
- Vettori
- Clonaggio
- Librerie geniche
- Isolamento dei geni e sequenziamento del DNA

Il controllo dell'espressione genica

- Controllo positivo e negativo, attenuazione
- Dominanza e recessività in cis ed in trans
- L'operone per l'utilizzo del lattosio
- La cromatina, la metilazione, la compensazione di dosaggio, l'imprinting,

l'inattivazione del cromosoma X.

Gli organismi modello: *Pisum sativum*, batteri, virus, *Saccharomyces cerevisiae*, *Drosophila melanogaster*

## **GENOMICA COMPUTAZIONALE (BIO/11) 2 CFU**

Docente da definire

### **Programma breve**

La considerevole mole di dati prodotta da recenti tecniche high-throughput per lo studio di genomi richiede un estensivo uso di metodologie informatiche, a partire dalla ricostruzione della sequenza genomica stessa fino all'analisi di organizzazione e funzioni. Il corso affronterà argomenti di genomica, con particolare attenzione alla descrizione delle tecniche computazionali implicate.

### **Programma dettagliato**

I. Costruzione di un genoma:

Sequenziamento e assemblaggio di sequenze genomiche: diverse strategie di sequenziamento; assemblaggio del genoma, a partire dalla sequenza di piccoli frammenti fino all'intero cromosoma. Mappatura di marcatori.

II. Contenuto e organizzazione dei genomi: Differenze fra procarioti ed eucarioti. Organizzazione di alto e medio livello. Identificazione, ricostruzione e predizione di geni; struttura dei geni; analisi del trascrittoma e splicing alternativo. Identificazione e analisi di regioni e motivi funzionali lungo la sequenza. Analisi fine del genoma umano: il progetto ENCODE

III. Genomica comparativa:

Confronto e allineamento di sequenze genomiche; identificazioni di sintenia e riarrangiamenti; identificazione di ortologia. Evoluzione dei genomi: filogenesi; duplicazione di regione estese o di interi genomi. Variazioni genomiche individuali e in popolazioni.

IV. Strumenti:

Browsers genomici e banche dati (risorse dell' NCBI, UCSC, Ensembl). Annotazione di genomi e geni (automatica e manuale). Raccolta e analisi di dati genomici su larga scala (BioMart, Galaxy).

V. Genomica funzionale:

Regolazione dell'espressione genica. Analisi di espressione genica a livello genomico: tiling, genome ed exon arrays. Predizione di funzione di proteine su scala genomica. Proteomica.

### **METODI DI RICONOSCIMENTO MOLECOLARE (BIO/11) 3 CFU**

Docente: Morozzo della Rocca

#### **Programma**

Fondamenti di riconoscimento molecolare, interazioni cruciali e loro energetica. Metodi computazionali, Docking. Fondamenti di interazione luce materia. Spettroscopia in assorbimento e fluorescenza di campioni biologici. Dicroismo circolare. Infrarosso e Raman. SPR. Principi di ottica e microscopia. Microscopi a scansione di sonda. Cross linking, Y2H, in vivo imaging, optical tweezers.