

Bioinformatica

finalita`

Scopo della laurea specialistica in Bioinformatica è la formazione di una figura professionale di ricercatore che possieda competenze in biologia e in informatica di alto profilo culturale e metodologico. Nel piano di studio sono previsti corsi di bioinformatica (modellistica, biologia strutturale, bio-informatica) affiancati da corsi di biologia superiori e da corsi di informatica e statistica.

obiettivi formativi

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, modeling per omologia, dinamica molecolare; conoscenza approfondita di metodi e strumenti di biologia strutturale; conoscenze di strumenti e modelli statistici di interesse biologico; abilità di approccio a problemi di genomica e proteomica; uso di linguaggi di programmazione e di scripting; conoscenza di base di sistemi operativi (unix); conoscenza di base di statistica 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 generale d'interesse scientifico.

attività formative

Il curriculum del corso di laurea specialistica comprende:

- corsi di informatica di base, con particolare riferimento ad algoritmi e strutture dati, basi di dati, sistemi informativi e laboratori di informatica;
- corsi avanzati di bioinformatica molecolare, modellistica, biologia strutturale e analisi filogenetica;
- corsi di analisi e modelli statistici applicati a problemi di interesse biologico;
- corsi di genomica 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 specialistica è previsto senza debito formativo dalla laurea triennale in Biologia Cellulare e Molecolare. Negli altri casi, si provvederà caso per caso a definire l'eventuale debito.

sbocchi professionali

Sbocchi professionali sono disponibili soprattutto nell'ambito di attività di ricerca ed accademiche. Offerte di lavoro per bioinformatici giungono da parte di istituti di ricerca sia privati che pubblici.

Ordinamento degli studi

Iscrizione anni successivi

Alla fine di ciascun semestre ad ogni studente vengono attribuiti i crediti relativi ai moduli seguiti con successo. Per gli immatricolati dall'a.a. 2007-2008, l'iscrizione al secondo anno è subordinata al conseguimento di 40 cfu.

► PRIMO ANNO

I Semestre

Programmazione dei Calcolatori	4 CFU
Laboratorio Programmazione Calcolatori	6 CFU
Statistica	4 CFU
Biologia Strutturale	5 CFU

Bioinformatica Molecolare	4 CFU
Totale Crediti	23 CFU

II Semestre

Bioinformatica Strutturale	3 CFU
Elementi di Algoritmi e Strutture Dati	6 CFU
Filogenesi Molecolare	2 CFU
Biologia Computazionale (I parte)	3 CFU
Genetica Molecolare	4 CFU
Metodi e Modelli Statistici	5 CFU
Proteine e Metabolismo	4 CFU

Totale Crediti	27 CFU
-----------------------	---------------

►► SECONDO 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.

PROGRAMMI DEI CORSI

Alcuni corsi di Informatica potrebbero subire modifiche non sostanziali.

ELEMENTI DI ALGORITMI E STRUTTURE DATI

Prof. Rossi

6 CFU

PROGRAMMA

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.

PROGRAMMAZIONE DEI CALCOLATORI

Prof. D. Giammarresi

4 CFU

PROGRAMMA

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.

LABORATORIO DI PROGRAMMAZIONE

DEI CALCOLATORI

Prof. L. Vigliano

6 CFU

PROGRAMMA

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

BASI DI DATI

Prof. L. Vigliano

5 CFU

PROGRAMMA

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.

METODI INFORMATICI PER LA BIOLOGIA

Dott. A. Via

4 CFU

PROGRAMMA

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

Referenze: <http://www.python.org/>; Mark Lutz & David Ascher "Learning Python" Ed. O'Reilly; Mark Lutz "Programming Python" Ed. O'Reilly; <http://biopython.org/>.

BIOINFORMATICA MOLECOLARE

Prof. M. Helmer-Citterich

4 CFU

PROGRAMMA

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 e altri, Zanichelli.

FILOGENESI MOLECOLARE

Prof. G. Allegrucci

2 CFU

PROGRAMMA

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)

BIOINFORMATICA STRUTTURALE

Prof. M. Falconi

3 CFU

PROGRAMMA

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 STRUTTURALE

Prof. A. Desideri

5 CFU

PROGRAMMA

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.

BIOLOGIA COMPUTAZIONALE

Dott. G. Chillemi

5 CFU

PROGRAMMA

PARTE I: DINAMICA MOLECOLARE CLASSICA DI PROTEINE ED ACIDI NUCLEICI. Definizione di forze 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.

STATISTICA

Prof. G. Scalia Tomba

4 CFU

PROGRAMMA

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.

METODI E MODELLI STATISTICI

Prof. G. Scalia Tomba

5 CFU

PROGRAMMA

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

GENETICA MOLECOLARE

Prof. L. Castagnoli

4 CFU

PROGRAMMA

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.

PROTEINE E METABOLISMO

Proff. M.R. Ciriolo, L. Rossi

4 CFU

PROGRAMMA

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.