

Testi del Syllabus

Resp. Did.	GERDOL MARCO	Matricola: 014720
Docente	GERDOL MARCO, 3 CFU	
Anno offerta:	2016/2017	
Insegnamento:	644SM - BIOINFORMATICA	
Corso di studio:	SM40 - SCIENZE E TECNOLOGIE PER L'AMBIENTE E LA NATURA	
Anno regolamento:	2014	
CFU:	3	
Settore:	BIO/18	
Tipo Attività:	D - A scelta dello studente	
Anno corso:	3	
Periodo:	Secondo Semestre	
Sede:	TRIESTE	



Testi in italiano

Lingua insegnamento	Italiano
Contenuti (Dipl.Sup.)	Introduzione alla Bioinformatica. Gestione ed analisi delle informazioni biologiche. Database campi e livelli di specializzazione. Information retrieval e interrogazioni complesse. Allineamento di sequenze di acidi nucleici e proteine. Allineamento dinamico ed euristico. Applicazioni principali di BLAST. Applicazioni speciali di BLAST. Allineamenti multipli (ClustalW). Allineamento di profili (PSI-BLAST). Pattern e motivi funzionali nel DNA. Pattern e motivi funzionali in proteine. Basi di analisi filogenetica.
Testi di riferimento	Materiale del docente Pascarella, Paiardini. Bioinformatica: dalla sequenza alla struttura delle proteine. Zanichelli (2011) Valle, Helmer-Citterich, Attimonelli, Pesole. Introduzione alla Bioinformatica. Zanichelli Lesk. Introduzione alla Bioinformatica. McGraw-Hill Krane, Raymer. Fondamenti di Bioinformatica. Pearson Mount D. Bioinformatics. Sequence and Genome Analysis. Second Edition. CSHL Press Baxevanis, Oullette. Bioinformatics. A practical guide to the analysis of genes and proteins. Wiley
Obiettivi formativi	Acquisire le abilità per utilizzare in modo razionale ed efficiente i metodi bioinformatici e per interpretare correttamente i risultati. Meccanismi della trasmissione ereditaria e della ricombinazione genica, relazioni esistenti tra genotipo
Prerequisiti	Genetica
Metodi didattici	Lezione frontale coadiuvata da presentazioni ed esercitazioni.

Altre informazioni	Il materiale didattico verrà messo a disposizione sulla piattaforma moodle.
Modalità di verifica dell'apprendimento	Test a scelta multipla
Programma esteso	Background Topics: Why computational biology, biological information, challenges in computational biology. Sequence Alignment Topics: Introduction to biological sequences, DNA sequence, dynamic programming methods for global and local alignment, gap penalty functions, heuristics in alignment, BLAST, pairwise sequence alignment, multiple sequence alignment Phylogenetic Trees Topics: Distance, parsimony, and probabilistic methods of phylogenetic tree construction, models of sequence evolution

Testi in inglese

Lingua insegnamento	Italian
Contenuti (Dipl.Sup.)	Broad overview of bioinformatics with a significant problem-solving component, including hands-on practice using computational tools to solve a variety of biological problems. Topics include: database searching, sequence alignment, gene prediction, RNA and protein structure prediction, construction of phylogenetic trees, comparative and functional genomics.
Testi di riferimento	Materials provided by the teacher Pascarella, Paiardini. Bioinformatica: dalla sequenza alla struttura delle proteine. Zanichelli (2011) Valle, Helmer-Citterich, Attimonelli, Pesole. Introduzione alla Bioinformatica. Zanichelli Lesk. Introduzione alla Bioinformatica. McGraw-Hill Krane, Raymer. Fondamenti di Bioinformatica. Pearson Mount D. Bioinformatics. Sequence and Genome Analysis. Second Edition. CSHL Press Baxevanis, Oullette. Bioinformatics. A practical guide to the analysis of genes and proteins. Wiley
Obiettivi formativi	The objective is to help the students to reach rapidly the frontier of bioinformatics and be able to use the bioinformatics tools to solve the problems on their own research.
Prerequisiti	Genetics
Metodi didattici	Classroom teaching and practicals in Informatics room.
Altre informazioni	Material on moodle platform
Modalità di verifica dell'apprendimento	Multiple choice test
Programma esteso	Background Topics: Why computational biology, biological information, challenges in computational biology. Sequence Alignment Topics: Introduction to biological sequences, DNA sequence, dynamic programming methods for global and local alignment, gap penalty functions, heuristics in alignment, BLAST, pairwise sequence alignment, multiple sequence alignment Phylogenetic Trees Topics: Distance, parsimony, and probabilistic methods of phylogenetic tree construction,

