

SCHEDA DOCENTE PROGRAMMA - A.A. 2015-2016

FUNZIONE E ANALISI DELLE MACROMOLECOLE BIOLOGICHE

1. Cenni generali sulle macromolecole biologiche
2. Struttura e funzione delle proteine
3. Enzimi: struttura e funzione, principi di cinetica enzimatica.
4. Principali metodi per la determinazione dell'attività enzimatica: spettroscopici, radioattivi, cromatografici ed elettroforetici.
5. Metalloproteinasi della matrice: struttura e funzione.
6. Enzimi della resistenza batterica: lattamasi.
7. Anticorpi: struttura, funzione e principali metodi di analisi: immunoprecipitazione, western blotting, ELISA.
8. Principali metodi per lo studio delle proteine

PROTEOMICA

1. Introduzione alla proteomica
2. Preparazione del campione analitico
3. Analisi 2D mediante elettroforesi; DIGE, zimografia 2D, colorazione spot proteici
4. Spettrometria di massa
5. SELDI-TOF
6. Abbinamento HPLC-MS per l'identificazione di peptidi e proteine
7. Microarray di proteine
8. **FRET** (Fluorescence Resonance Energy Transfer) e **BRET**: principi e applicazioni
9. **CALI** (Chromophore assisted Laser Inactivation)
10. La proteomica e le sue applicazioni alla caratterizzazione di proteine di interesse terapeutico: **il proteoma sinoviale**
11. Commento di letteratura specifica
12. Enzimi: struttura e funzione, principi di cinetica enzimatica.
13. Principali metodi per la determinazione dell'attività enzimatica: spettroscopici, radiodiativi, cromatografici ed elettroforetici.
14. Metalloproteinasi della matrice: struttura e funzione.
15. Enzimi della resistenza batterica: lattamasi.
16. Anticorpi: struttura, funzione e principali metodi di analisi: immunoprecipitazione, western blotting, ELISA.

BIOINFORMATICA

1. Introduzione alla bioinformatica.
2. Ricerche bibliografiche
3. Banche dati biologiche: primarie e specializzate, genomiche e proteomiche
4. Sistemi di interrogazione di banche dati
5. Analisi di sequenze: omologia, similarità di sequenze nucleotidiche e proteiche
6. Programmi per la grafica molecolare

NOMERO DI CREDITI: 6 +2

SEMESTRE : Primo

DOCENTE: Franceschini Nicola

ORARIO DI RICEVIMENTO: Mercoledì 10.00-12.00 Giovedì 14.00-16.00

SEDE PER IL RICEVIMENTO: Coppito 2 2° Piano Stanza A 3.11

N. TELEFONO : +39 0862433456		
E-MAIL: nicola.franceschini@univaq.it		
1	Obiettivi del Corso	Scopo del corso è quello di fornire allo studente le basi razionali scientifiche delle principali tecniche utilizzate nello studio del proteoma e nella caratterizzazione delle proteine. Fare acquisire la capacità di applicare le principali metodologie della bioinformatica finalizzate all'accesso e alla manipolazione dei dati biologici presenti nelle principali banche dati.
2	Contenuti del corso e gli esiti di apprendimento	Il corso contiene elementi di metodologie finalizzate alla caratterizzazione di proteine alla luce delle nuove tecniche di proteomica integrate con l'elaborazione e l'analisi dei dati mediante i mezzi forniti dalla bioinformatica. Completato il corso lo studente deve avere acquisito la capacità di pianificare la strategia per la purificazione e caratterizzazione delle proteine e la loro interazione con piccole molecole. Elaborare i dati forniti dalle principali banche dati e dai programmi di modellizzazione molecolare.
3	Conoscenze di base richieste e attività di apprendimento	Le conoscenze di base richieste riguardano la conoscenza della biochimica, biologia molecolare e delle principali metodologie finalizzate allo studio delle proteine.
4	Metodi e criteri di valutazione e verifica	Esame orale e presentazione tesina per la parte di bioinformatica
5	Materiale Didattico	<ol style="list-style-type: none"> 1. Appunti dalle lezioni e sitografia 2. Twyman RM. principles of proteomics. BIOS scientific publishers 3. Pascarella S. Bioinformatica. Zanichelli 4. Williamson M. Come funzionano le proteine. Zanichelli