



ANNO ACCADEMICO 2012/2013

PROGRAMMA

**CORSO DI STUDIO IN Biotecnologie
INSEGNAMENTO IN Bioinformatica**

DOCENTE Michele Ceccarelli

Programma:

Teoria

- Allineamenti di coppie Sequenze. LCS, distanza di editing, Allineamento Globale Needleman-Wunch, allineamento locale Smith-Waterman
- Matrici di sostituzione, uso e derivazione di BLOSUM e PAM
- Allineamenti Multipli: Algoritmi incrementali, ClustalW, matrici PSSM
- HMM: modello HMM di profilo, algoritmo di viterbi, uso degli HMM per allineamenti multipli, calcolo dei parametri di HMM
- Ricerca di Geni: il modello GHMM di Genescan
- Filogenesi molecolare: Alberi filogenetici, distanza genetica, p-distance e correzione di Jukes Cantor, metodi di costruzione di alberi basati sul clustering, UPGMA, Neighbour Joining, metodo di Fitch e Margoliash, Metodi basati sull'ottimizzazione

Laboratorio:

- Database biologici
- Nucleotide databanks: EMBL, NCBI, DDBJ
- UCSC Genome
- Ensemble (BioMart)
- PDB, UniProt
- Servizi EBI: Allineamenti pairwise e allineamenti multipli
- Ricerca con BLAST
- Famiglie di Proteine
- Ricerca di geni con Genescan
- Uso di programmi di filogenetica: MEGA

Testi consigliati:

- Appunti del corso su www.ecampus.unisannio.it
- M. Zvelebil, J. O. Baum, "Understanding Bioinformatics"
- Valle, Valle, Helmer-Citterich, Attimonelli, Pesole, "Introduzione alla Bioinformatica" Zanichelli