



Denominazione:	Analisi della struttura proteica: database, visualizzazione e approfondimenti funzionali
SSD	BIO10, BIOS-07/A - Biochimica
Docente (se già definito)	Emanuela Leonardi
Ore	10
CFU	2
Periodo di svolgimento	Da definire
Modalità di erogazione	<input checked="" type="checkbox"/> In presenza <input type="checkbox"/> A distanza <input type="checkbox"/> Duale
Lingua di erogazione	inglese
Obbligo presenza	<input checked="" type="checkbox"/> Sì (80% minima di presenza) <input type="checkbox"/> No
Contenuti del corso	<p>Durante il corso, gli studenti esploreranno le complesse relazioni tra struttura, funzione e interazioni delle proteine. I partecipanti impareranno a navigare e recuperare le strutture proteiche da database primari come Protein Data Bank (PDB) e AlphaFoldDB e a visualizzarle utilizzando strumenti come PyMOL. Il corso copre elementi strutturali essenziali, come siti di legame, motivi di struttura secondaria e siti attivi, ed esamina i loro ruoli nella funzione e nelle interazioni delle proteine. Inoltre, verranno introdotti metodi avanzati basati su reti di interazione dei residui (RIN) per analizzare le relazioni struttura-funzione e prevedere le interazioni dei residui rilevanti per la progettazione di farmaci e la biotecnologia.</p> <p>Il corso prevede 5 lezioni da due ore così articolate:</p> <p>Lezione 1: Introduzione alla struttura delle proteine e alle banche dati</p> <p>Lezione 2: Strumenti di visualizzazione e analisi strutturale</p> <p>Lezione 3: Predizione strutturale e modellazione omologa</p> <p>Lezione 4: Funzione, interazioni e implicazioni biotecnologiche</p> <p>Lezione 5: Residue Interaction Networks (RIN) e loro applicazioni</p>
Obiettivi di apprendimento	<p>Al termine del corso, gli studenti avranno acquisito conoscenze su:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>I principi fondamentali della struttura delle proteine e le loro implicazioni funzionali.</li><li>Le metodologie di predizione strutturale, inclusa la modellazione omologa e gli approcci basati su intelligenza artificiale (AlphaFold).</li><li>Le Residue Interaction Networks (RIN), il loro ruolo nell'analisi strutturale e gli strumenti per la loro costruzione e interpretazione.</li></ul> <p>Gli studenti saranno in grado di:</p>

- 
- Consultare e utilizzare database strutturali per estrarre e analizzare informazioni sulle proteine.
  - Usare software di visualizzazione molecolare per esplorare strutture proteiche e identificare elementi strutturali chiave.
  - Generare modelli strutturali mediante modellazione omologa e valutarne l'affidabilità.
  - Costruire e analizzare Residue Interaction Networks (RIN) per identificare residui funzionali e valutare gli effetti di mutazioni.

Alla fine del corso, gli studenti avranno sviluppato la capacità di:

- Applicare un approccio critico all'analisi delle strutture proteiche, integrando dati da diverse fonti bioinformatiche.
  - Comunicare in modo efficace i risultati dell'analisi strutturale, utilizzando rappresentazioni grafiche e descrizioni accurate.
- 

Metodologie didattiche      Lezioni frontali, esercitazioni pratiche, lavoro di gruppo

---

Corso su competenze  
trasversali,  
interdisciplinari,  
transdisciplinari

---

Possibile  
partecipazione di  
dottorandi di altri corsi

---

Prerequisiti  
(non obbligatorio)

---

Modalità d'esame (se  
previsto)      Test a scelta multipla

---

Materiale studio      Slides, Riferimenti bibliografici e siti web (<https://www.rcsb.org/>;  
<https://www.ebi.ac.uk/pdbe/>; <https://alphafold.ebi.ac.uk/>;

---

Informazioni  
aggiuntive

---

**AMMINISTRAZIONE CENTRALE**  
AREA XXXXXX XXXXXXXX XXXX  
UFFICIO XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX

◆ UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI PADOVA