



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">• I principi fondamentali della struttura delle proteine e le loro implicazioni funzionali.• Le metodologie di predizione strutturale, inclusa la modellazione omologa e gli approcci basati su intelligenza artificiale (AlphaFold).• Le Residue Interaction Networks (RIN), il loro ruolo nell'analisi strutturale e gli strumenti per la loro costruzione e interpretazione. <p>Gli studenti saranno in grado di:</p>

	<ul style="list-style-type: none"> • 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. <p>Alla fine del corso, gli studenti avranno sviluppato la capacità di:</p> <ul style="list-style-type: none"> • 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	<input type="checkbox"/> Sì <input checked="" type="checkbox"/> No
Possibile partecipazione di dottorandi di altri corsi	<input checked="" type="checkbox"/> Sì <input type="checkbox"/> No
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 ◆ **UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI PADOVA**
AREA XXXXXX XXXXXX XXXX
UFFICIO XXXXXXXXXXXXXXXXXXXX