Università degli Studi di Roma "Tor Vergata"

Facsimile Scheda Insegnamento

Mod. Scheda Insegnamento v. 1.1

Docente responsabile dell'insegnamento/attività formativa

Nome	Andrea
Cognome	Battistoni

Denominazione insegnamento/attività formativa

Italiano	Biochimica industriale e bioinformatica
Inglese	INDUSTRIAL BIOCHEMISTRY AND BIOINFORMATICS

Informazioni insegnamento/attività formativa

A.A. 2025/2026 ○ L ◉ LM ○ LM CU

CdS	Biotechnology for Industry and Health
Codice	8068044_M - 6773
Canale	
CFU	5
Lingua	Inglese

Docente del modulo didattico (compilare solo per attività formative articolate in moduli)

Nome	Federico
Cognome	Iacovelli

Denominazione modulo didattico (compilare solo per attività formative articolate in moduli)

Italiano	Bioinformatica
Inglese	Bioinformatics

Obiettivi formativi e risultati di apprendimento attesi

Italiano	OBIETTIVI FORMATIVI: acquisizione delle conoscenze della bioinformatica: concetti, banche dati (sequenze nucleotidiche e proteiche, motivi funzionali, strutture 3D, letteratura scientifica), algoritmi della bioinformatica (ricerca di sequenze simili con metodi esaustivi ed euristici), metodi di predizione della struttura delle proteine, docking molecolare, dinamica molecolare, predizione dei target dei miRNA. CONOSCENZA E CAPACITÀ DI COMPRENSIONE: acquisizione di conoscenze di bioinformatica e comprensione dei problemi e delle tematiche proprie della disciplina CAPACITÀ DI APPLICARE CONOSCENZA E COMPRENSIONE: l'acquisizione della capacità di applicare le conoscenze impartite nel corso delle lezioni frontali verrà sviluppata nel corso di esercitazioni pratiche. AUTONOMIA DI GIUDIZIO: sviluppo delle competenze necessarie a definire un'autonomia di giudizio ABILITÀ COMUNICATIVE: sviluppo di capacità di comunicazione delle tematiche proprie
Inglese	LEARNING OUTCOMES: advanced knowledge in bioinformatics: basic notions, databases (nucleotide and protein sequences, structures, functional motifs, scientific literature), bioinformatic algorithms (search for similar sequences with exaustive and euristic methods), protein structure prediction, molecular docking, molecular dynamics, miRNA target prediction. KNOWLEDGE AND UNDERSTANDING: knowledge of the basics of bioinformatics and understanding of the problems and themes of the discipline APPLYING KNOWLEDGE AND UNDERSTANDING: development of the ability to apply the knowledge acquired in the lessons will be obtained during the practicals MAKING JUDGEMENTS: developments of the skills for the ability to autonomously judge the topics of bioinformatics COMMUNICATION SKILLS: development of the abilities for skilful communication of the topics that are typical of bioinformatics

Prerequisiti

Italiano	Conoscenze base di biologia molecolare, biochimica e informatica
Inglese	Basic knowledge of molecular biology, biochemistry and informatics

Programma

Italiano	Il corso prevede una serie di lezioni frontali, separate in moduli, durante le quali verranno presentate una parte teorica (prima metà delle lezioni) ed una pratica (seconda metà). Il corso può essere suddiviso nei seguenti tre moduli: Modulo 1: Fondamenti di Bioinformatica (8 ore) Banche dati di acidi nucleici, proteine e letteratura (3 ore): Introduzione ai principali database biologici (NCBI, UniProt, PDB), loro struttura e modalità di ricerca. Metodi di allineamento e ricerca di biosequenze (3 ore): Allineamenti pairwise (BLAST, FASTA), algoritmi esaustivi vs euristici, significatività statistica. Matrici di sostituzione (1 ora): Concetto di similarità/distanza evolutiva, costruzione e utilizzo di matrici PAM e BLOSUM. Allineamenti multipli (1 ore): Algoritmi progressivi (ClustalW) e iterativi (MUSCLE)
Inglese	The course involves a series of lectures, separated into modules, during which a theoretical part (first half of the lectures) and a practical part (second half) will be presented. The course can be divided into the following three modules: Module 1: Fundamentals of Bioinformatics (8 hours). Databases of nucleic acids, proteins and literature (3 hours): Introduction to major biological databases (NCBI, UniProt, PDB), their structure and search methods. Alignment methods and biosequence searching (3 hours): Pairwise alignments (BLAST, FASTA), exhaustive vs heuristic algorithms, statistical significance. Substitution matrices (1 hr): Concept of evolutionary similarity/distance, construction and use of PAM and BLOSUM matrices. Multiple Alignments (1 hour): Progressive (ClustalW) and iterative (MUSCLE) algorithms

Modalità di valutazione

- [x] Prova scritta
- [ ] Prova orale
- [ ] Valutazione in itinere
- [ ] Valutazione di progetto
- [ ] Valutazione di tirocinio
- [ ] Prova pratica
- [ ] Prova di laboratorio

Descrizione delle modalità e dei criteri di verifica dell'apprendimento

Italiano	Conoscenza e comprensione: Lo studente dovrà dimostrare di conoscere i principali database biologici (NCBI, UniProt, PDB), i metodi di allineamento e ricerca di biosequenze (BLAST, FASTA), le matrici di sostituzione (PAM, BLOSUM), gli allineamenti multipli (ClustalW, MUSCLE), i metodi per la ricerca di motivi funzionali, il confronto e la classificazione di strutture proteiche (RMSD, SCOP, CATH, Pfam), la predizione della struttura terziaria delle proteine (metodi per omologia e ab initio), l'uso del deep learning nella predizione strutturale (AlphaFold2, RoseTTAFold), i metodi computazionali per prevedere i target dei miRNA, il docking molecolare proteina-proteina e proteina-ligando, e la dinamica molecolare di biomolecole.
Inglese	Knowledge and Understanding: The student will be expected to demonstrate knowledge of major biological databases (NCBI, UniProt, PDB), methods of biosequence alignment and searching (BLAST, FASTA), substitution matrices (PAM, BLOSUM), multiple alignments (ClustalW, MUSCLE), methods for functional motif searching, comparison and classification of protein structures (RMSD, SCOP, CATH, Pfam), protein tertiary structure prediction (homology and ab initio methods), use of deep learning in structural prediction (AlphaFold2, RoseTTAFold), computational methods for predicting miRNA targets, protein-protein and protein-ligand molecular docking, and molecular dynamics of biomolecules. Application of knowledge: The student should be able to apply the acquired knowledge to

Università degli Studi di Roma "Tor Vergata"

Facsimile Scheda Insegnamento

Testi adottati

Italiano	Lesk, A. Introduction to bioinformatics OUP Oxford; 5th edition
Inglese	Lesk, A. Introduction to bioinformatics OUP Oxford; 5th edition

Bibliografia di riferimento

Italiano	
Inglese	

Modalità di svolgimento

☒ Modalità in presenza
☐ Modalità a distanza

Descrizione della modalità di svolgimento e metodi didattici adottati

Italiano	Il corso si svolge in lezioni frontali e dimostrazioni pratiche al computer sugli argomenti esposti a lezione.
Inglese	The course consists of lectures and practical computer demonstrations on the topics introduced during the lessons

Modalità di frequenza

◉ Frequenza facoltativa
○ Frequenza obbligatoria

Descrizione della modalità di frequenza

Italiano	La frequenza del corso non è obbligatoria ma caldamente raccomandata, poiché alcuni argomenti risultano più chiari dopo aver seguito le esercitazioni pratiche. Tuttavia le esercitazioni vengono registrate per ovviare al problema. Le slide delle lezioni e le registrazioni delle esercitazioni vengono distribuite attraverso un canale Microsoft Teams.
Inglese	Attendance of the course is not compulsory but strongly recommended, as some topics are clearer after following the practical exercises. However, the tutorials are recorded to remedy the problem. Lecture slides and exercise recordings are distributed through a Microsoft Teams channel.