

**DENOMINAZIONE INSEGNAMENTO / ATTIVITÀ FORMATIVA**

**Bioinformatica per biotecnologie**

*Bioinformatics for Biotechnology*

**INFORMAZIONI INSEGNAMENTO / ATTIVITÀ FORMATIVA**

|               |           |               |                  |
|---------------|-----------|---------------|------------------|
| <b>A.A.</b>   | 2026/2027 | <b>CdS</b>    | LM-Biotechnology |
| <b>Codice</b> | 8068515   | <b>Canale</b> | Unico            |
| <b>CFU</b>    | 5         | <b>Lingua</b> | Inglese          |

**DOCENTE RESPONSABILE DELL'INSEGNAMENTO / ATTIVITÀ FORMATIVA**

**Federico Iacovelli**

**CODOCENTE**

Modulo:

**OBIETTIVI FORMATIVI E RISULTATI DI APPRENDIMENTO ATTESI**

|                 |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 |
|-----------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>Italiano</b> | <p><b>OBIETTIVI FORMATIVI:</b> 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, predizione dei target dei miRNA, programmazione in Python.</p> <p><b>CONOSCENZA E CAPACITÀ DI COMPRENSIONE:</b> acquisizione di conoscenze di bioinformatica e comprensione dei problemi e delle tematiche proprie della disciplina</p> <p><b>CAPACITÀ DI APPLICARE CONOSCENZA E COMPRENSIONE:</b> l'acquisizione della capacità di applicare le conoscenze impartite nel corso delle lezioni frontali verrà sviluppata nel corso di esercitazioni pratiche.</p> <p><b>AUTONOMIA DI GIUDIZIO:</b> sviluppo delle competenze necessarie a definire un'autonomia di giudizio</p> <p><b>ABILITÀ COMUNICATIVE:</b> sviluppo di capacità di comunicazione delle tematiche proprie della bioinformatica</p> <p><b>CAPACITÀ DI APPRENDIMENTO:</b> sviluppo delle capacità di apprendimento di conoscenze bioinformatiche attraverso le lezioni, le esercitazioni pratiche, la letteratura scientifica di argomento bioinformatico</p> |
|-----------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|

|         |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  |
|---------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| English | <p><i>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 exhaustive and heuristic methods), protein structure prediction, molecular docking, miRNA target prediction and Python programming.</i></p> <p><i>KNOWLEDGE AND UNDERSTANDING: knowledge of the basics of bioinformatics and understanding of the problems and themes of the discipline</i></p> <p><i>APPLYING KNOWLEDGE AND UNDERSTANDING: development of the ability to apply the knowledge acquired in the lessons will be obtained during the practicals</i></p> <p><i>MAKING JUDGEMENTS: developments of the skills for the ability to autonomously judge the topics of bioinformatics</i></p> <p><i>COMMUNICATION SKILLS: development of the abilities for skilful communication of the topics that are typical of bioinformatics</i></p> <p><i>LEARNING SKILLS: development of the abilities to better acquire bioinformatics knowledge during lessons, practicals and through the reading of scientific literature</i></p> |
|---------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|

#### PREREQUISITI

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

#### PROGRAMMA E CRONOPROGRAMMA

|          |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              |
|----------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Italiano | <p>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:</p> <p>Modulo 1: Fondamenti di Bioinformatica (8 ore)</p> <p>Banche dati di acidi nucleici, proteine e letteratura (3 ore): Introduzione ai principali database biologici (NCBI, UniProt, PDB), loro struttura e modalità di ricerca.</p> <p>Metodi di allineamento e ricerca di biosequenze (3 ore): Allineamenti pairwise (BLAST, FASTA), algoritmi esaustivi vs euristici, significatività statistica.</p> <p>Matrici di sostituzione (1 ora): Concetto di similarità/distanza evolutiva, costruzione e utilizzo di matrici PAM e BLOSUM.</p> <p>Allineamenti multipli (1 ore): Algoritmi progressivi (ClustalW) e iterativi (MUSCLE),</p> |
|----------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|

|         |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
|---------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|         | <p>visualizzazione e interpretazione.</p> <p>Modulo 2: Analisi di Sequenze e Strutture (12 ore)</p> <p>Ricerca di motivi funzionali (2 ore): Espressioni regolari, profili e modelli a Markov nascosti (HMM), esempi applicativi.</p> <p>Confronto e classificazione di strutture proteiche (2 ore): Sovrapposizione strutturale (RMSD), classificazione SCOP e CATH, banche dati di domini proteici (Pfam).</p> <p>Predizione struttura terziaria (4 ore):</p> <p>Modelling per omologia (2 ore): Identificazione di template, costruzione e valutazione di modelli.</p> <p>Metodi ab initio (2 ore): Approcci basati sulla fisica e sull'apprendimento automatico.</p> <p>Deep learning nella predizione strutturale (4 ore): AlphaFold2, RoseTTAFold, impatto sulla biologia strutturale.</p> <p>Modulo 3: Interazioni Molecolari (8 ore)</p> <p>Predizione dei target dei miRNA (2 ore): Algoritmi basati sulla complementarità di sequenza, banche dati di miRNA e loro target.</p> <p>Docking molecolare (2 ore):</p> <p>Docking proteina-proteina (2 ore): Algoritmi e software, valutazione dell'affinità di legame.</p> <p>Docking proteina-ligando (2 ore): Screening virtuale, ottimizzazione di lead compound.</p> <p>Modulo 4: Programmazione in Python (12 ore)</p> <p>Programmazione in Python (12 ore): Python core, librerie, implementazione di un allineamento di sequenze in Python</p> |
| English | <p><i>The course consists of a series of lectures divided into modules, during which both 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:</i></p> <p><i>Module 1: Fundamentals of Bioinformatics (8 hours)</i></p> <p><i>Nucleic acid, protein, and literature databases (3 hours): Introduction to major biological databases (NCBI, UniProt, PDB), their structure, and search methods.</i></p> <p><i>Biosequence alignment and search methods (3 hours): Pairwise alignments (BLAST, FASTA), exhaustive vs. heuristic algorithms, statistical significance.</i></p> <p><i>Substitution matrices (1 hour): Concept of evolutionary similarity/distance, construction and use of PAM and BLOSUM matrices.</i></p> <p><i>Multiple sequence alignments (1 hour): Progressive (ClustalW) and iterative (MUSCLE) algorithms, visualization, and interpretation.</i></p> <p><i>Module 2: Sequence and Structure Analysis (12 hours)</i></p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   |

|  |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
|--|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|  | <p><i>Functional motif search (2 hours): Regular expressions, profiles, and Hidden Markov Models (HMMs), application examples.</i></p> <p><i>Protein structure comparison and classification (2 hours): Structural superposition (RMSD), SCOP and CATH classifications, protein domain databases (Pfam).</i></p> <p><i>Tertiary structure prediction (4 hours):</i></p> <p><i>Homology modeling (2 hours): Template identification, model building, and evaluation.</i></p> <p><i>Ab initio methods (2 hours): Physics-based and machine-learning-based approaches.</i></p> <p><br/></p> <p><i>Deep learning in structural prediction (4 hours): AlphaFold2, RoseTTAFold, impact on structural biology.</i></p> <p><br/></p> <p><i>Module 3: Molecular Interactions (8 hours)</i></p> <p><i>miRNA target prediction (2 hours): Algorithms based on sequence complementarity, miRNA and target databases.</i></p> <p><i>Molecular docking (2 hours):</i></p> <p><i>Protein-protein docking (2 hours): Algorithms and software, binding affinity evaluation.</i></p> <p><i>Protein-ligand docking (2 hours): Virtual screening, lead compound optimization.</i></p> <p><br/></p> <p><i>Module 4: Python Programming (12 hours)</i></p> <p><i>Python programming (12 hours): Core Python, libraries, implementation of sequence alignment in Python..</i></p> |
|--|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|

### TESTI ADOTTATI E BIBLIOGRAFIA DI RIFERIMENTO

|          |                                                                                      |
|----------|--------------------------------------------------------------------------------------|
| Italiano | <p>Lesk, A.</p> <p>Introduction to bioinformatics</p> <p>OUP Oxford; 5th edition</p> |
| English  | <p>Lesk, A.</p> <p>Introduction to bioinformatics</p> <p>OUP Oxford; 5th edition</p> |

### DESCRIZIONE DELLE MODALITÀ DI SVOLGIMENTO E METODI DIDATTICI ADOTTATI

☒ In presenza

☐ A distanza

|          |                                                                                                                                 |
|----------|---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Italiano | <p>Il corso si svolge in lezioni frontali e dimostrazioni pratiche al computer sugli argomenti esposti a lezione.</p>           |
| English  | <p><i>The course consists of lectures and practical computer demonstrations on the topics introduced during the lessons</i></p> |

### MODALITÀ DI FREQUENZA

☐ frequenza obbligatoria      ☒ frequenza facoltativa

#### DESCRIZIONE DELLE 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. |
| English  | <i>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 Microsoft Teams channel.</i>                                                             |

#### MODALITÀ DI VALUTAZIONE

☒ Prova scritta      ☐ Prova orale      ☐ Prova di laboratorio      ☐ Prova pratica  
☐ Valutazione in itinere      ☐ Valutazione di progetto      ☐ Valutazione di tirocinio

#### COMPOSIZIONE DELLA COMMISSIONE VALUTATRICE

|  |
|--|
|  |
|--|

#### DESCRIZIONE DELLE MODALITÀ E DEI CRITERI DI VERIFICA DELL'APPRENDIMENTO

|          |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     |
|----------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| Italiano | <p>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.</p> <p>Applicazione della conoscenza: Lo studente dovrà essere in grado di applicare le conoscenze acquisite per effettuare ricerche nei database biologici, eseguire allineamenti di sequenze, interpretare i risultati, analizzare sequenze e strutture proteiche, identificare motivi funzionali, predire la struttura terziaria di proteine, valutare l'impatto del deep learning in questo campo, interpretare i risultati ottenuti da simulazioni di docking molecolare e di dinamica molecolare.</p> <p>Autonomia di giudizio: Lo studente dovrà essere in grado di valutare criticamente i risultati ottenuti, scegliere i metodi più appropriati per l'analisi di specifici problemi, comprendere le</p> |
|----------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|

implicazioni dell'uso del deep learning nella predizione strutturale e comprendere le limitazioni dei metodi computazionali.

**Abilità comunicative:** Lo studente dovrà essere in grado di comunicare efficacemente i risultati delle proprie analisi, utilizzando un linguaggio scientifico appropriato.

**Capacità di apprendimento:** Lo studente dovrà dimostrare di aver acquisito le capacità di apprendimento necessarie per continuare ad approfondire le proprie conoscenze nel campo della bioinformatica, con particolare attenzione all'evoluzione del deep learning e delle interazioni molecolari.

**Criteri di valutazione dell'esame scritto (compito con 5 o 6 domande a risposta aperta):**

**Non idoneo:** Lo studente non dimostra una conoscenza sufficiente dei concetti fondamentali trattati nel corso. Non è in grado di rispondere a domande basilari riguardanti le banche dati biologiche, gli allineamenti di sequenze e le matrici di sostituzione.

**18-21:** Lo studente dimostra una conoscenza superficiale dei concetti fondamentali trattati nel corso. Riesce a rispondere solo a domande basilari riguardanti le banche dati biologiche, gli allineamenti di sequenze e le matrici di sostituzione. Non è in grado di applicare le conoscenze a problemi pratici né di interpretare i risultati in modo autonomo.

**22-24:** Lo studente ha una conoscenza discreta dei concetti fondamentali del corso. Sa rispondere a domande specifiche su banche dati, allineamenti, matrici di sostituzione, allineamenti multipli e ricerca di motivi funzionali. Riesce ad applicare le conoscenze in modo basilare, ad esempio, effettuando ricerche nei database o eseguendo allineamenti semplici, ma mostra difficoltà nell'interpretazione dei risultati più complessi.

**25-27:** Lo studente dimostra una buona conoscenza dei concetti fondamentali del corso, inclusi quelli relativi al confronto e classificazione di strutture proteiche e alla predizione della struttura terziaria. Sa utilizzare strumenti bioinformatici di base per l'analisi di sequenze e strutture, interpretare i risultati e applicare le conoscenze a problemi pratici. Tuttavia, potrebbe mostrare qualche difficoltà nell'affrontare argomenti più avanzati come il deep learning o la dinamica molecolare.

**28-30:** Lo studente ha un'ottima conoscenza di tutti gli argomenti trattati nel corso, inclusi quelli più avanzati come il deep learning nella predizione strutturale, il docking molecolare e la dinamica molecolare. Dimostra padronanza nell'utilizzo di strumenti bioinformatici, nell'interpretazione dei risultati e nell'applicazione delle conoscenze a problemi complessi. Riesce a valutare criticamente i risultati ottenuti e a proporre soluzioni innovative.

**30 e lode:** Lo studente dimostra una conoscenza eccellente di tutti gli argomenti del corso, padroneggiando sia gli aspetti teorici che quelli pratici. Dimostra una profonda

|         |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               |
|---------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|         | <p>comprensione dei metodi bioinformatici, una capacità di analisi critica e una spiccata autonomia di giudizio. Riesce a risolvere problemi complessi in modo originale e innovativo, dimostrando una conoscenza approfondita anche degli argomenti più avanzati.</p>                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        |
| English | <p><i>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.</i></p> <p><i>Application of knowledge: The student should be able to apply the acquired knowledge to search biological databases, perform sequence alignments, interpret results, analyze protein sequences and structures, identify functional motifs, predict the tertiary structure of proteins, evaluate the impact of deep learning in this field, and interpret results obtained from molecular docking and molecular dynamics simulations.</i></p> <p><i>Autonomy of judgment: The student should be able to critically evaluate the results obtained, choose the most appropriate methods for analyzing specific problems, understand the implications of using deep learning in structural prediction, and understand the limitations of computational methods.</i></p> <p><i>Communication Skills: The student should be able to effectively communicate the results of their analysis, using appropriate scientific language.</i></p> <p><i>Learning skills: The student should demonstrate that they have acquired the learning skills necessary to continue to deepen their knowledge in the field of bioinformatics, with a focus on the evolution of deep learning and molecular interactions.</i></p> <p><i>Written exam evaluation criteria (assignment with 5 or 6 open-ended questions):</i></p> <p><i>Not Eligible: The student does not demonstrate sufficient knowledge of the fundamental concepts covered in the course. Is unable to answer basic questions regarding biological databases, sequence alignments, and substitution matrices.</i></p> <p><i>18-21: Student demonstrates superficial knowledge of the fundamental concepts covered in the course. Can only answer basic questions regarding biological databases, sequence alignments and substitution matrices. Is unable to apply knowledge to practical problems or interpret results independently.</i></p> <p><i>22-24: The student has a fair knowledge of the fundamental concepts of the course. Can</i></p> |

*answer specific questions on databases, alignments, substitution matrices, multiple alignments, and functional motif search. Can apply knowledge in a basic way, e.g., performing database searches or performing simple alignments, but shows difficulty in interpreting more complex results.*

*25-27: The student demonstrates good knowledge of the fundamental concepts of the course, including those related to comparing and classifying protein structures and predicting tertiary structure. He/she knows how to use basic bioinformatics tools to analyze sequences and structures, interpret results, and apply knowledge to practical problems. However, he/she may show some difficulty in dealing with more advanced topics such as deep learning or molecular dynamics.*

*28-30: The student has excellent knowledge of all topics covered in the course, including more advanced topics such as deep learning in structural prediction, molecular docking, and molecular dynamics. Demonstrates mastery in the use of bioinformatics tools, interpretation of results, and application of knowledge to complex problems. He/she can critically evaluate the results obtained and propose innovative solutions.*

*30 cum laude: The student demonstrates excellent knowledge of all course topics, mastering both theoretical and practical aspects. Demonstrates a deep understanding of bioinformatics methods, an ability to analyze critically, and strong independent judgment. Succeeds in solving complex problems in an original and innovative way, demonstrating a thorough knowledge of even the most advanced topics.*