

Bioinformatica prof. H.Citterich

Banche dati di acidi nucleici, proteine, letteratura. Metodi esaustivi ed euristici di allineamento e ricerca di biosequenze in banche dati. Matrici di sostituzione. Allineamenti multipli e profili. Motivi funzionali. Ricerca geni e promotori in genomi. Browser genomici. Annotazione funzionale di geni e genomi. Confronto e classificazione di strutture proteiche. Previsione struttura secondaria e terziaria: modelling per omologia, threading, metodi ab initio. Metodi computazionali per l'inferenza delle interazioni molecolari. Metodi integrati. Reti di interazioni proteiche. Banche dati di Interazioni, pathways, malattie genetiche, SNPs. Ontologie in biologia. Text mining. Catene di Markov e Hidden Markov models. Reti neurali, algoritmi genetici. Docking, Meccanica e Dinamica Molecolare. Progettazione razionale di farmaci