

GOMP
O.P.T.A.

A.A. 2016/17
Insegnamento
Docente

FISICA BIOLOGICA 2
MORANTE

Obiettivi Formativi	ITA	Si apprenderanno le più moderne tecniche sperimentali e numeriche per lo studio della struttura delle macromolecole biologiche (in particolare proteine). Si utilizzeranno allo scopo concetti di termodinamica per sistemi all'equilibrio (funzioni di stato) o vicini all'equilibrio e di meccanica quantistica.
	ENG	Students will be introduced to state-of-the-art experimental and numerical techniques used for the study of the structure of biological macromolecules (in particular proteins). For this purpose equilibrium and near-to-equilibrium thermodynamics as well as quantum mechanical concepts will be used.
Programma	ITA	Struttura primaria: le sequenze proteiche, codici di allineamento e programmazione dinamica. Metodi di analisi statistica delle sequenze (Dot-Plot; Needleman-Wunsch; etc.). L'evoluzione e le matrici di somiglianza: le matrici PAM. Divergenza e convergenza evolutiva. Il sistema immunitario, la mimesi molecolare e le malattie autoimmuni: un esempio di convergenza evolutiva. Evoluzione e costanti biologiche ????: 4 basi; 20 amino acidi (a.a.); tutti gli a.a. sono levogiri; tutti gli a.a. sono alpha. Struttura secondaria: alpha-elica e beta-foglietto; stabilità delle strutture secondarie: idropaticità e DeltaG di trasferimento; profili di idropaticità e anfifilicità; modello di Kauzmann. Struttura terziaria: Forze che determinano il folding. Simulazioni numeriche: Dinamica Molecolare (MD), Dinamica di Langevin, Monte Carlo e Ibrido Monte Carlo. MD ab initio (Car-Parrinello). Il misfolding e l'aggregazione: il ruolo dei metalli. Le membrane cellulari: lipidi; micelle; Langmuir-Blodgett; lipid rafts. Le proteine di membrana. Tecniche spettroscopiche in biologia: limiti e potenzialità. Richiami di meccanica quantistica: teoria delle perturbazioni e sezioni d'urto. Spettroscopia di assorbimento a raggi X: apparato sperimentale; analisi del segnale ed estrazione dei dati strutturali.
	ENG	Primary structure: protein sequences, protein alignment codes and dynamic programming. Sequences statistical analysis (Dot-Plot; Needleman-Wunsch; etc.). Evolution and similarity matrices: PAM matrices. Divergent and convergent evolution. The immune system, molecular mimicry and autoimmune diseases: a convergent evolution example. The evolution and the biological constants: ??? four basis; 20 amino acids (a.a.); all a.a. are levorotary; all a.a. are alpha. Secondary structure: alpha-helix and beta-sheet; secondary structure stability: hydrophobicity and DeltaG; hydrophobicity profiles and amphiphilicity; the Kauzmann model. Tertiary structure: forces that drive protein folding. Numerical simulations: Molecular Dynamics (MD), Langevin dynamics, Monte Carlo (MC) and hybrid MC, ab initio MD (Car-Parrinello). Misfolding and aggregation: the role of metals. Cell membranes: lipids; micelles; Langmuir-Blodgett; lipid rafts. Membrane proteins. Spectroscopic techniques in biology: perturbation theory and cross section. X-ray absorption spectroscopy: the experimental apparatus; data analysis and structural information.
Testi	ITA	Sono fornite dispense in forma elettronica e cartacea. Sono utilizzati alcuni Capitoli dai seguenti testi: "Molecular Biology of the cell" - Alberts et al.; "Biochemistry" - Stryer; "Physical Chemistry" - Tinoco et al.
	ENG	Electronic and reprinted lecture notes are provided. Selected Chapters from the following books are employed: "Molecular Biology of the cell" - Alberts et al.; "Biochemistry" - Stryer; "Physical Chemistry" - Tinoco et al.

Valutazione	Prova Scritta	NO
	Prova Orale	SI
	Prova Pratica	NO
	Test Attitudinale	NO
	Valutazione Progetto	NO
	Valutazione Tirocinio	NO
	Valutazione in itinere	NO

O Obiettivi formativi
P Programma
T Testi
A Altre informazioni per la trasparenza