

Programma di Fisica Biologica 1

Sistemi complessi e concetto di conoscenza in biologia. L'esempio della miosina: struttura e funzione. La complessità dei sistemi viventi. I biopolimeri. Acidi Nucleici. Duplicazione. Trascrizione. I ribosomi. La traduzione. Struttura primaria: legame peptidico. pH-pK-pI - curve di titolazione - proteinate. Proprietà degli amino acidi. Tecniche per il sequenziamento di acidi nucleici. Tecniche per il sequenziamento di proteine. Banche-dati biologiche. Matrici PAM e Blosum. Algoritmi di allineamento. FASTA e BLAST. Allineamenti locali e globali tra sequenze proteiche. L'allineamento multiplo. Algoritmi per la previsione di struttura secondaria. Esercitazioni sull'uso delle Banche-dati e del software collegato.

Problemi irrisolti in biologia: (1) Il folding. Il paradosso di Levinthal e il modello gerarchico. Il modello del funnel. Il collasso idrofobico. ΔG di trasferimento. Idropaticità. Catene α e β anfipatiche. Soluzioni reali a attività. Il potenziale chimico μ . L'acqua e il legame idrogeno. Il modello di Kauzmann e l'interazione idrofobica.

Problemi irrisolti in biologia: (2) L'espressione genica. La cellula Mitoi - Meiosi Cellule e differenziamento. Struttura Quaternaria. Mioglobina e Emoglobina. Comportamento cooperativo. Il modello di Monod-Changeux-Wyman. Il modello di Perutz.

Complex systems and the notion of knowledge in Biology. The example of myosin: structure and function. The complexity of living systems. Biopolymers. Nucleic Acids. Duplication. Transcription. The ribosome. Translation. Primary structure: the peptide bond. pH-pK-pI - titration curve - proteinate. Physico-chemical properties of the amino acids. How to sequence the nucleic acid. How to sequence proteins. Data Bases and their use. PAM and Blosum matrices. Sequence alignment. FASTA and BLAST. Local and global alignments among protein sequences. Multiple alignment. Algorithm for secondary structure predictions. Laboratory: use of Data Base and associated software.

Unsolved problems in biology: (1) Protein folding. The Levinthal paradox and the hierarchical model. The funnel model. The hydrophobic collapse. The ΔG free energy of transfer. Hydrophobicity. α and β amphiphilic chains. Non-ideal solution and activity definition. The chemical potential μ . Water and hydrogen bonds. The Kauzmann model and the hydrophobic interaction.

Unsolved problems in biology: (2) The gene expression. The cell. Mitosis Meiosis. Cells and differentiation. Quaternary Structure. Myoglobin and Haemoglobin. Cooperative behaviour. The Monod-Changeux-Wyman model. The Perutz model.

Programma di Fisica Biologica 2

Le leggi di Mendel. Le membrane cellulari. Le funzioni di stato. Formazione spontanea di dimeri. L'esperimento di Anfinsen. Formazione di polimeri. Le interazioni che determinano il folding. Il modello "meccanico". Stretching, Bending. Approssimazione di geometria rigida. Il potenziale torsionale. I grafici di Ramachandran. Interazioni non-bonded. Il potenziale di Lennard-Jones. Termine attrattivo: interazione dipolo-dipolo. Termine repulsivo. Il potenziale coulombiano: l'espansione in multipoli. L'equazione di Langevin. Il folding spontaneo e gli amino acidi α . Il sistema immunitario: cellule del sistema immunitario e meccanismi di funzionamento. Struttura e funzione delle immunoglobuline (cellule B). Proteine MHC di classe I e II. Struttura e funzione delle cellule T. Mimesi Molecolare Il modello di Eigen: insorgenza e modellizzazione di un comportamento darwiniano, sistemi a crescita illimitata e a popolazione costante, ipercicli e catene catalitiche, punti critici e ciclo limite., l'esempio del "repressilatore". Metallo-proteine e spettroscopia di assorbimento di raggi X (XAS) con luce di

sincrotrone. Apparato sperimentale. La teoria della XAS: EXAFS (approssimazione di singolo scattering) e XANES. Analisi dei dati XAS. Simulazioni numeriche classiche e ab initio applicate alla XAS. Esempi significativi di applicazione della XAS: la proteina prionica (associata al morbo della mucca pazza); il peptide Abeta (associato alla malattia di Alzheimer).

The Mendel laws. The cell membrane. State functions. Dimer spontaneous formation. The Anfinsen experiment. Polymers formation. The interaction involved in protein folding. The "mechanic" model. Stretching. Bending. Rigid geometry approximation. The torsional potential. Ramachandran plot. Non-bonded interactions. The Lennard-Jones potential. The attractive long-range potential: dipole-dipole interaction. Repulsive terms. The Coulomb potential: multipole expansion. The Langevin equation. The spontaneous folding and the α amino acids. The immune system: immune system cells and their functioning mechanisms. Function and structure of immunoglobulin (B cells). MHC class I and II proteins. Function and structure of T cells. The Eigen model: a Darwinian system model, unlimited-growth and constant population systems, fixed point analysis of chemical kinetics, hypercycles and catalytic chains, limiting cycles, the "repressilator" model. Metallo-proteins and X-ray Absorption spectroscopy with synchrotron radiation (XAS). Experimental setup. The XAS theory: EXAFS (single scattering approximation) and XANES. XAS data analysis. Numerical classical and ab initio simulation applied to XAS analysis. Examples of XAS applications: the prion proteins (associated to the mad cow disease) and the Abeta peptide (associated to the Alzheimer disease).