BIOCHIMICA CELLULARE E STRUTTURALE				
MODULO 2. BIOCHIMICA STRUTTURALE				
3				
45				
Esercitazioni				
Al termine delle esercitazioni, lo studente sa utilizzare un programma di grafica molecolare ed è in grado di accedere alle				
banche dati disponibili in rete per: analizzare i modelli cristallografici, utilizzare l'informazione strutturale per progettare esperimenti di mutazione sito diretta, ottenere dalla banche dati informazioni sulle sequenze proteiche di interesse, sulle strutture depositate e sulla relativa informazione bibliografica.				

TEMATICA			LEZIONI		
Tema	Obiettivo	Ore		Argomenti	Durata (ore)
Introduzione	Lo studente conosce l'organizzazione dell'insegnamento, gli argomenti da studiare e la modalità di verifica finale dell'apprendimento.	1	1	Organizzazione delle lezioni e modalità di verifica dell'apprendimento. Introduzione agli argomenti del corso.	1
Guida all'uso della grafica molecolare	Lo studente apprende come utilizzare un programma di grafica molecolare	16	2	Struttura 3D degli aminoacidi con modelli molecolari. I parte di apprendimento di un programma di grafica molecolare: gestione dei modelli strutturali depositati sotto forma di file PDB.	4
			3	Legame peptidico, studio degli angoli diedri con modelli molecolari, configurazione cis-trans degli aminoacidi legati in catene peptidiche. II parte di apprendimento di un programma di grafica molecolare: selezione e visualizzazione di parti della struttura, del sito del ligando, del solvente, del sito attivo, dei siti di legame di inibitori.	4
			4	Grafico di Ramachandran, studio di strutture secondarie con modelli molecolari. III parte di apprendimento di un programma di grafica molecolare: proteine oligomeriche, complessi multi proteici, superfici di interazione.	4
			5	IV parte di apprendimento di un programma di grafica molecolare. Sovrapposizione strutturale di proteine omologhe, variazioni conformazionali indotte dal ligando. Verifica di apprendimento dell'uso della grafica molecolare con esercizi proposti dal docente basati su pubblicazioni di stutture proteiche risolte tramite cristallografia o NMR.	4
Banche dati	Lo studente apprende come ricavare le informazioni disponibili in rete dalle principali banche dati di genomi e di strutture e la relativa informazione bibliografica.	4	6	Esercitazione con le banche dati. Informazione bibliografica (PubMed, termini MeSH per la ricerca mirata), informazione di struttura (RCSB-PDB, file PDB, UniProt), informazione sui genomi (Ensembl, sequenze fasta).	4
Allineamento di sequenza	Lo studente comprende i principi base dell'allineamento di sequenza ed il significato delle matrici di punteggio di utilizzo comune quali BLOSUM e PAM	4	7	Dot Plot. Matrici di punteggio PAM e BLOSUM. Principi base dell'allineamento di sequenza globale e locale. Blast. Proteine Argonaute come esempio di omologia strutturale in presenza di allineamento di sequenza a basso punteggio.	4
Studio strutturale di complessi proteici	Lo studente approfondisce le conoscenze di importanti complessi	20	8	Batteriorodopsina e alorodopsina. Superfamiglia GPCRs (G-Protein-Coupled-Receptors). Arrestine.	4
di grande importanza nella biochimica cellulare	proteici deputati alla regolazione delle attività cellulari. Tramite esercizi		9	Adattamento indotto (adenilato chinasi). Proteine GRK, Ras e Gap.	4
	proposti dal docente, lo studente apprende come estrarre ed utilizzare le		10	Fosfolipasi C Isocitrato deidrogenasi	4
	informazioni disponibili in rete per progettare esperimenti e sviluppare linee di ricerca.		12	Complessi respiratori	4