

SCHEDA DELL'INSEGNAMENTO (SI)

"BIOINFORMATICA"

SSD ING-INF/05

DENOMINAZIONE DEL CORSO DI STUDIO: LM IN INGEGNERIA BIOMEDICA – LM IN INGEGNERIA INFORMATICA

ANNO ACCADEMICO 2023-2024

INFORMAZIONI GENERALI - DOCENTE

DOCENTE: MICHELE CECCARELLI

TELEFONO: 0817683787

EMAIL: MICHELE.CECCARELLI@UNINA.IT

INFORMAZIONI GENERALI - ATTIVITÀ

INSEGNAMENTO INTEGRATO (EVENTUALE):

MODULO (EVENTUALE):

CANALE (EVENTUALE):

ANNO DI CORSO (I, II, III): II

SEMESTRE (I, II): II

CFU: 9

INSEGNAMENTI PROPEDEUTICI (se previsti dall'Ordinamento del CdS)

Nessuno

EVENTUALI PREREQUISITI

PROGRAMMAZIONE

OBIETTIVI FORMATIVI

L'obiettivo del corso di Bioinformatica è quello di fornire agli studenti le nozioni specialistiche legate agli algoritmi per l'analisi di dati genomici e le loro eventuali applicazioni nella ricerca nella Biomedicina.

RISULTATI DI APPRENDIMENTO ATTESI (DESCRITTORI DI DUBLINO)

Conoscenza e capacità di comprensione

Lo studente deve dimostrare di essere in grado di descrivere processi di gestione e analisi di dati genomici sotto forma algoritmica e comprendere le metodologie adottate nell'ambito dell'elaborazione di dati molecolari.

Capacità di applicare conoscenza e comprensione

Lo studente deve dimostrare di essere in grado di consultare le principali banche dati genomiche pubbliche e di descrivere e applicare procedure computazioni complesse per poter estrarre informazioni utili ai fini della ricerca biomedica.

PROGRAMMA-SYLLABUS

- Introduzione alla Biologia Molecolare e banche dati biologiche
- Programmazione dinamica e allineamento di sequenze: Longest Common Subsequence, Edit Distance, Allineamento Locale, Allineamento Globale, Matrici di Sostituzione, Allineamenti Multipli.
- Modelli HMM per modeling di sequenze genomiche: Algoritmo di Viterbi, Algoritmo Forward, Posterior Decoding, Algoritmo di Baum-Welsh. Applicazioni alla classificazione di sequenze genomiche. Rappresentazione di Multiallineamenti.
- Introduzione al Next Generation Sequencing
- Algoritmi per Genome Assembly, Grafi di de Bruijn, percorsi hamiltoniani e percorsi euleriani
- Algoritmi per Genome Mapping: Trie per pattern matching, Suffix Trie Tree Matching, Suffix Tree Matching, Suffix Array, Trasformata di Burrows-Wheeler e sua inversa, pattern matching con BWT
- Filogenesi molecolare e alberi filogenetici: UPGMA e Neighbor Joining
- Analisi di espressione differenziale, test statistici, analisi di arricchimento

MATERIALE DIDATTICO

- Bioinformatics Algorithms: An Active Learning Approach, by Pavel A. Pevzner and Phillip Compeau <https://www.bioinformaticsalgorithms.org/>
- Richard Durbin, Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids
- Appunti delle lezioni

MODALITÀ DI SVOLGIMENTO DELL'INSEGNAMENTO

Il docente utilizzerà:

- a) lezioni frontali per circa il 70% delle ore totali;
- b) esercitazioni per approfondire praticamente aspetti teorici per 12 ore
- c) seminari per 4 ore.

La didattica verrà erogata come lezioni frontali ed esercitazioni al computer.

VERIFICA DI APPRENDIMENTO E CRITERI DI VALUTAZIONE

a) Modalità di esame:

L'esame si articola in prova	
scritta e orale	
solo scritta	
solo orale	X
discussione di elaborato progettuale	X
altro	