

<b>FACOLTÀ</b>	SCIENZE MM. FF. NN.
<b>ANNO ACCADEMICO</b>	2014-2015
<b>CORSO DI LAUREA MAGISTRALE</b>	Fisica (Codice: 2020)
<b>INSEGNAMENTO</b>	Fisica dei Biosistemi
<b>TIPO DI ATTIVITÀ</b>	Affine
<b>AMBITO DISCIPLINARE</b>	Attività formative affini o integrative
<b>CODICE INSEGNAMENTO</b>	03264
<b>ARTICOLAZIONE IN MODULI</b>	NO
<b>NUMERO MODULI</b>	-
<b>SETTORI SCIENTIFICO DISCIPLINARI</b>	FIS/01
<b>DOCENTE TITOLARE</b>	Grazia Cottone Ricercatore confermato Università di Palermo
<b>CFU</b>	6
<b>NUMERO DI ORE RISERVATE ALLO STUDIO PERSONALE</b>	86
<b>NUMERO DI ORE RISERVATE ALLE ATTIVITÀ DIDATTICHE ASSISTITE</b>	64
<b>PROPEDEUTICITÀ</b>	Nessuna
<b>ANNO DI CORSO</b>	II
<b>SEDE DI SVOLGIMENTO DELLE LEZIONI</b>	Aula C
<b>ORGANIZZAZIONE DELLA DIDATTICA</b>	Lezioni frontali (4CFU); Esercitazioni laboratorio computazionale (2CFU)
<b>MODALITÀ DI FREQUENZA</b>	Obbligatoria esclusivamente per le esercitazioni in laboratorio
<b>METODI DI VALUTAZIONE</b>	Presentazione di una tesina, Prova Orale
<b>TIPO DI VALUTAZIONE</b>	Voto in trentesimi
<b>PERIODO DELLE LEZIONI</b>	Primo semestre
<b>CALENDARIO DELLE ATTIVITÀ DIDATTICHE</b>	Secondo il calendario approvato dal CdS
<b>ORARIO DI RICEVIMENTO DEGLI STUDENTI</b>	Lunedì 15:30-17.30

#### **RISULTATI DI APPRENDIMENTO ATTESI**

##### **Conoscenza e capacità di comprensione**

Acquisizione di conoscenze approfondite di fisica dei biosistemi, in particolare la dinamica delle proteine, e delle principali tecniche sperimentali e modelling teorico per l'indagine della struttura, funzione e dinamica delle proteine. Capacità di intuire le analogie tra situazioni diverse così da poter adattare al problema di interesse soluzioni sviluppate in contesti fenomenologici diversi.

##### **Capacità di applicare conoscenza e comprensione**

Applicazione del metodo scientifico ad un ampio spettro di problemi di biofisica. Sviluppo della propensione al "problem solving" attraverso una continua esposizione a quesiti, discussioni, problemi. Capacità di riflessione critica sui testi proposti in aula per lo studio di casi di ricerca e di applicazione.

##### **Autonomia di giudizio**

Sviluppo della capacità di autonomia attraverso l'abitudine ad applicare i concetti e le tecniche di fisica a problemi di ricerca in biofisica.

##### **Abilità comunicative**

Sviluppo della capacità di comunicare in forma orale e scritta informazioni, idee, problemi e

soluzioni. Capacità di esporre i risultati di studi biofisici anche ad un pubblico non esperto. Essere in grado di sostenere l'importanza ed evidenziare le ricadute degli studi scientifici analizzati.

### Capacità d'apprendimento

Capacità di approfondire i concetti esposti durante il corso tramite studio su testi diversi. Capacità di aggiornamento con la consultazione delle pubblicazioni scientifiche proprie del settore della materia. Capacità di intraprendere, utilizzando le conoscenze acquisite nel corso, studi futuri con un sufficiente grado di autonomia

### OBIETTIVI FORMATIVI DELL'INSEGNAMENTO

Il corso introduce i concetti di base della relazione struttura-dinamica-funzione delle proteine e interazione con solvente. Verranno richiamate alcune tecniche sperimentali più utilizzate nel campo della biofisica. Verranno poi illustrati algoritmi e metodi computazionali utilizzati nel campo della fisica dei biosistemi, con particolare attenzione alle simulazioni di dinamica molecolare di equilibrio e non equilibrio di peptidi e proteine globulari e di membrana in soluzione acquosa, e a metodi avanzati di campionamento accelerato del panorama energetico proteina-solvente.

ORE FRONTALI	LEZIONI FRONTALI
12	Approcci sperimentali allo studio delle biomolecole: tecniche spettroscopiche e strutturali per la misura a differenti scale spazio-temporali.
8	Struttura-dinamica-funzione delle proteine ed interazione con solventi semplici e complessi: panorama energetico, sottostati conformazionali, fluttuazioni di equilibrio e rilassamenti conformazionali, attraverso lo studio di una proteina modello: la mioglobina.
12	Approcci teorico-computazionali allo studio delle biomolecole: Homology Modelling, Dinamica Molecolare classica di equilibrio e non equilibrio, metodi avanzati di campionamento per simulazioni di eventi rari, metodi di calcolo di energia libera. Interazione proteina-solvente.
	<b>ESERCITAZIONI DI LABORATORIO</b>
32	Studio di alcuni casi test, attraverso l'utilizzo dei codici NAMD/VMD descritti nelle lezioni frontali, per la visualizzazione, misura e simulazione atomistica di Dinamica Molecolare classica: acqua, DNA/RNA, doppi strati lipidici, proteine solubili (BPTI, Mioglobina, Lisozima, Emoglobina) e di membrana (Canali potassio, canali ionici "ligand gated", acquaporina, proteine "Light Harvesting").
<b>TESTI CONSIGLIATI</b>	<b>Protein physics: a course of lectures</b> , A. V. Finkelstein, O. B. Ptitsyn <b>Principles of Physical Biochemistry</b> , K. E. van Holde, C. Johnson, P.S. Ho <b>Biophysical Chemistry</b> , C.R. Cantor, P. R. Schimmel <b>Articoli scientifici su riviste</b> <b>Tutorials NAMD/VMD</b>