



UNIVERSITÀ  
DEGLI STUDI  
FIRENZE

Scuola di Scienze  
Matematiche, Fisiche e Naturali

corso di laurea magistrale

**Biotecnologie molecolari**



# Presentazione grafica di alcuni dei corsi offerti

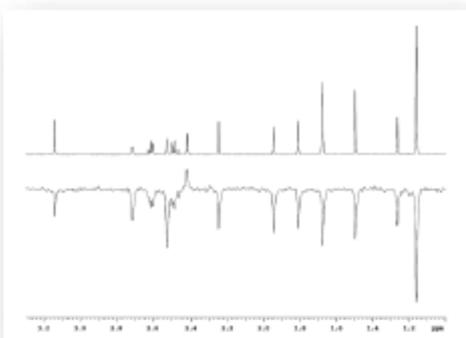
Anno accademico 2019-2020



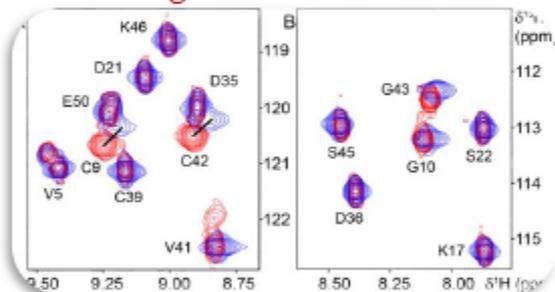
**B015921 - INTERAZIONI BIOMOLECOLARI: METODI IN SILICO ED IN VITRO**

**Modulo B015922 - INTERATOMICA: STRUTTURA, TERMODINAMICA E CINETICA**

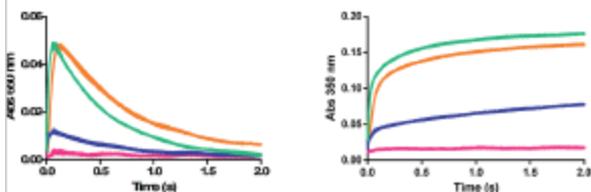
Definizione di interattomica. Principali classi di interazioni che coinvolgono proteine: proteina-ione metallico, proteina-proteina, proteina-piccola molecola, proteina-acido nucleico, proteina-membrana biologica. Metodi per l'individuazione di partner biologici *in vivo* e *in vitro*. Metodi strutturali per lo studio di complessi di proteine con partner biologici. Aspetti cinetici e termodinamici del riconoscimento molecolare.



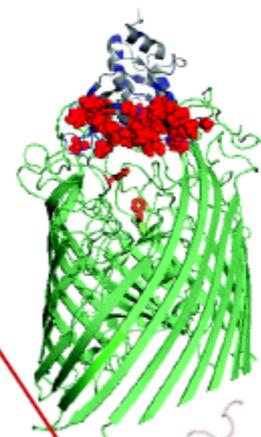
Metodi spettroscopici per lo screening di interazioni



Metodi per ottenere parametri cinetici e termodinamici



**Interazioni biomolecolari che coinvolgono proteine**



Metodi strutturali

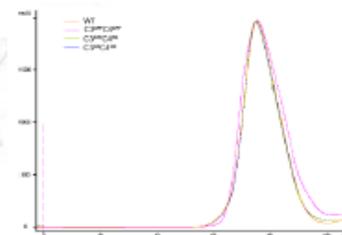




Dal clonaggio del gene di  
una proteina



alla sua produzione e  
purificazione

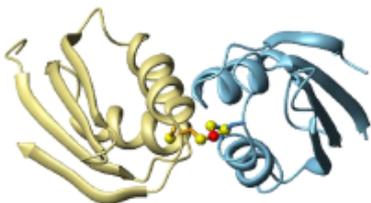


**B015921 - INTERAZIONI BIOMOLECOLARI: METODI IN SILICO ED IN VITRO**

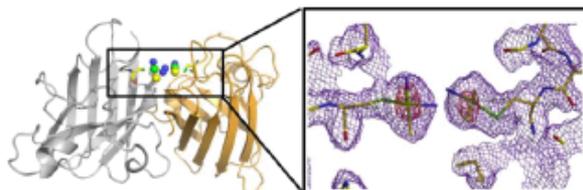
**Modulo B015923 - PROTEINE E LORO INTERAZIONI CON LABORATORIO**

Metodi per il clonaggio, l'espressione e la purificazione di proteine, anche in forma arricchita isotopicamente. Caratterizzazione delle proteine prodotte durante il corso e di alcune loro interazioni attraverso calorimetria, dicroismo circolare, NMR e programmi di *data-driven docking*.

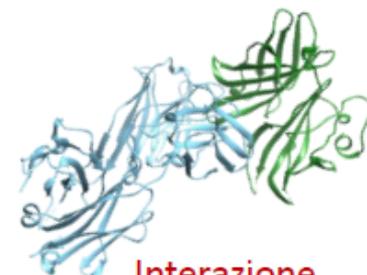
Per lo studio delle sue interazioni  
tramite metodi in silico e in vitro



Interazione  
proteina-proteina



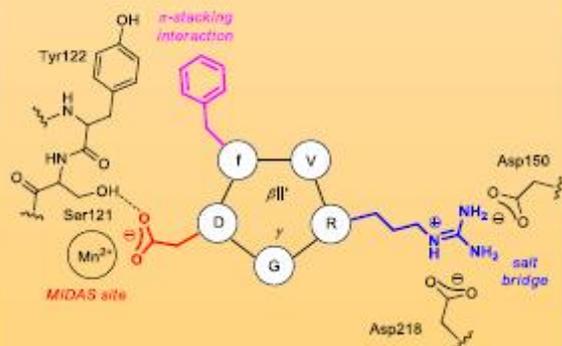
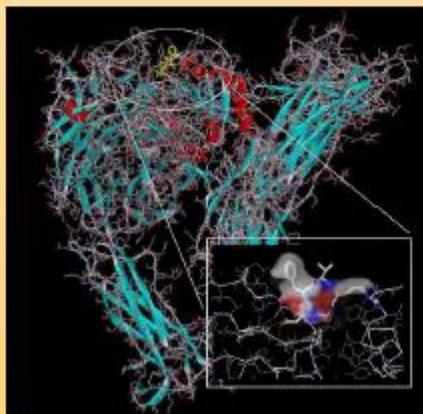
proteina-farmaco



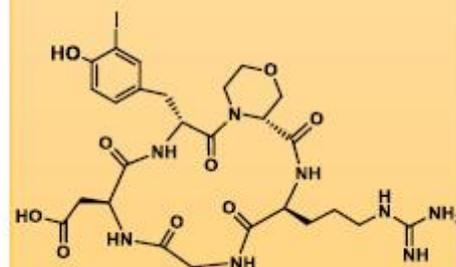
Interazione  
proteina-anticorpo

## DRUG DISCOVERY

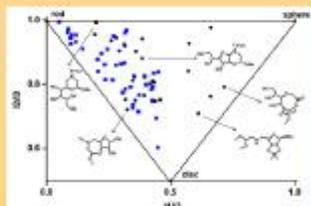
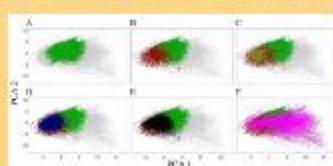
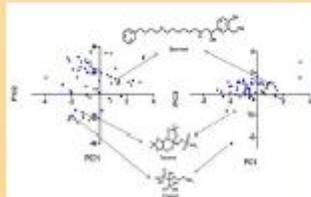
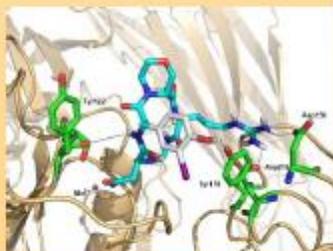
### PRINCIPI E TECNICHE DI PROGETTAZIONE



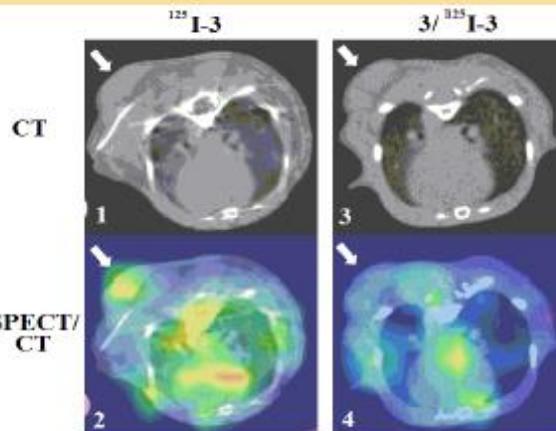
### TECNICHE DI SINTESI



### METODI DI STUDIO STRUTTURALE



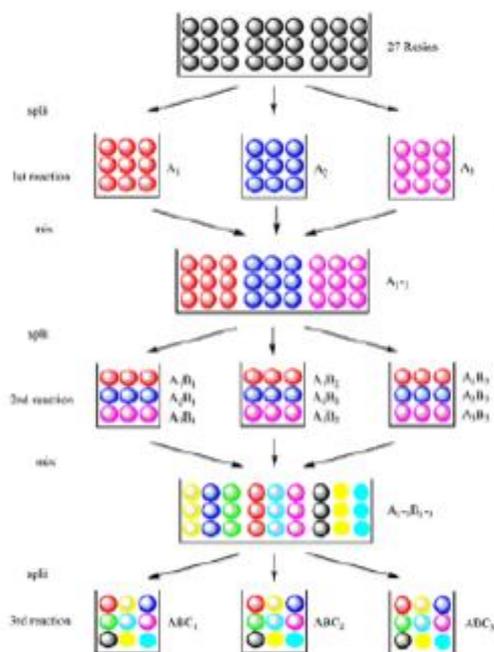
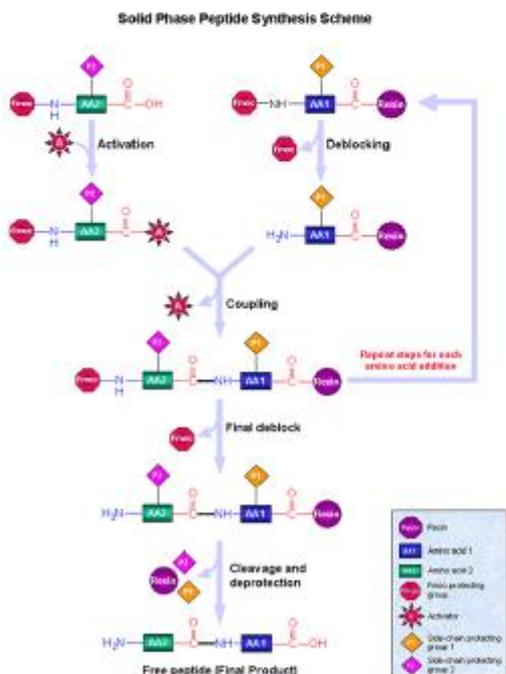
### APPLICAZIONI IN MEDICINA



## METODOLOGIE DI SINTESI DI MOLECOLE BIOATTIVE

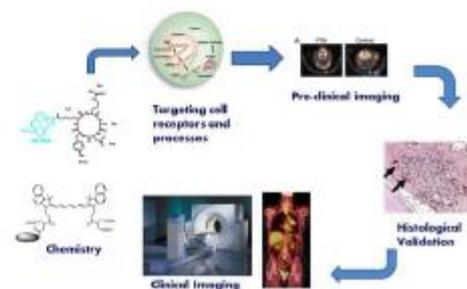
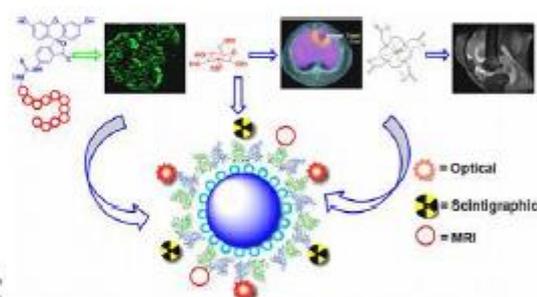
Stereochimica e chiralità: approfondimento dei concetti e della nomenclatura stereochimica. Unità stereogeniche e prostereogeniche. Interazioni non covalenti nel riconoscimento molecolare. Importanza della chiralità nei sistemi biologici. Perché sintetizzare un peptide. Struttura e proprietà di amminoacidi e peptidi. Gruppi protettori dell'azoto: inserimento e rimozione. Possibili reazioni secondarie. Gruppi protettori del gruppo carbossilico e dei gruppi reattivi presenti sulle catene laterali. Metodi di attivazione e di coniugazione. Possibili fenomeni di racemizzazione. Metodi di sintesi su fase solida. Resine e condizioni di distacco. Strategie di sintesi peptidica combinatoriale. Preparazione di librerie di composti organici e metodi di screening biologico. Tecniche di bioconiugazione. Creazione di gruppi funzionali specifici. Reagenti di bioconiugazione.

### SINTESI PEPTIDICA



### PREPARAZIONE DI LIBRERIE DI COMPOSTI

### METODI DI BIOCONIUGAZIONE



### The Cycle of Molecular Imaging



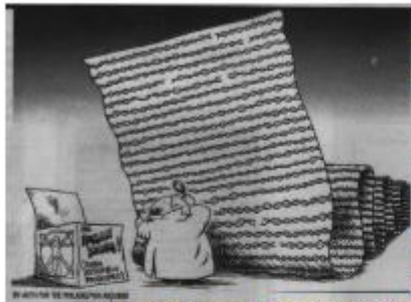


UNIVERSITÀ  
DEGLI STUDI  
FIRENZE

Scuola di Scienze  
Matematiche, Fisiche e Naturali

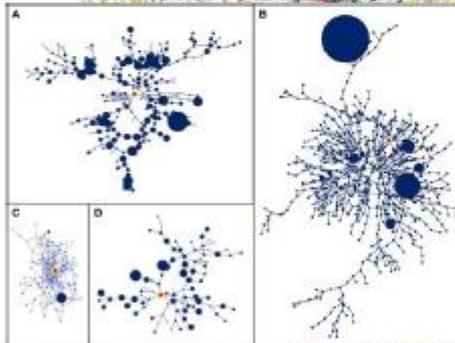
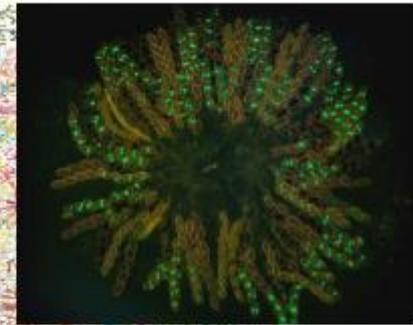
corso di laurea magistrale

**Biotechnologie molecolari**



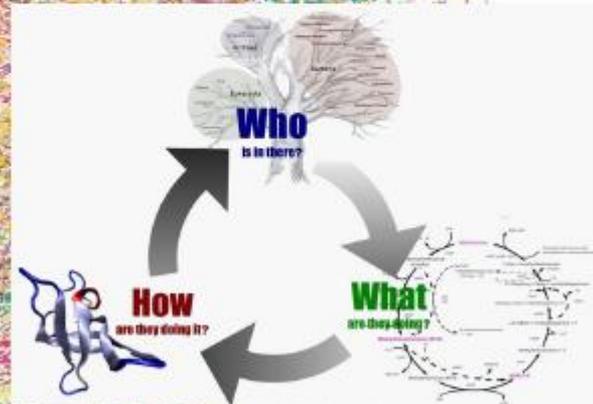
Sequenziamento dei genomi

Funzione dei genomi



Interpretazione dei genomi

Modelli dai genomi



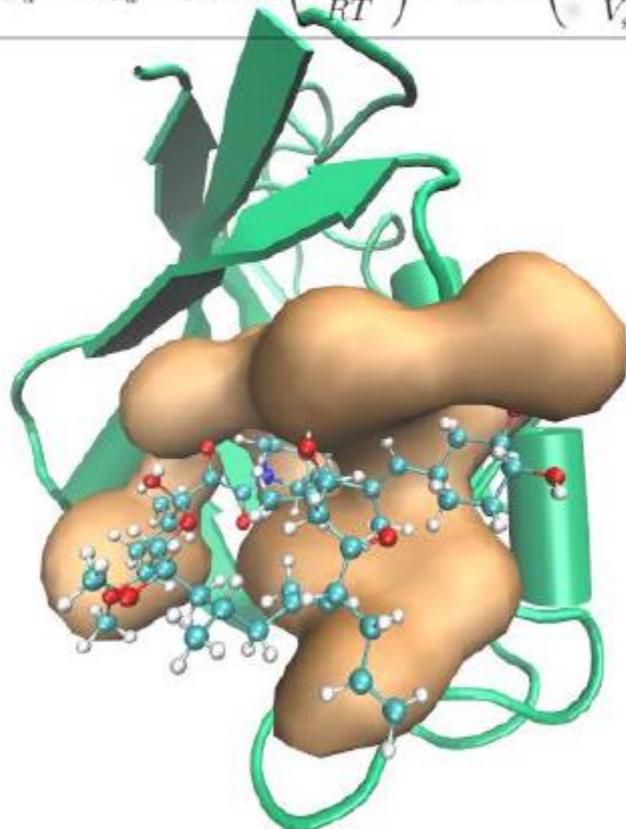


MODELLISTICA APPLICATA A MOLECOLE DI INTERESSE BIOLOGICO

Corso teorico: Basi termodinamico-statistiche dell'interazione farmaco-proteina. Parametrizzazione energetica, forze fields e trasferibilità. Insieme canonico. Funzione di partizione molecolare. Calcolo delle costanti di affinità farmaco-proteina attraverso la fattorizzazione della funzione partizione. Entalpia ed entropia di binding.

Laboratorio informatico: Esercitazione individuale su piattaforma linux. Accesso ed uso dei database pubblici per strutture di proteine (PDB) e farmaci (PUBCHEM). Set up del sistema farmaco-proteina con s/w di visualizzazione grafica (vmd). Calcolo delle energie libere delle strutture (pose) elaborate e visualizzate mediante applicativi s/w di meccanica molecolare.

$$\Delta G_d = \Delta \mathcal{E}_d - 3RT \ln \left( \frac{8\Delta \mathcal{E}_d}{RT} \right) - RT \ln \left( \frac{\pi^{-1} V_0 V_L}{V_{\text{site}}^2} \right)$$





UNIVERSITÀ  
DEGLI STUDI  
FIRENZE

Scuola di Scienze  
Matematiche, Fisiche e Naturali

corso di laurea magistrale

**Biotechnologie molecolari**

