

**M. V. Cubellis  
Programma di  
Biochimica informatica**

**Programma sintetico (sillabo, max 500 caratteri):**

**banche dati specializzate:**

**banche dati per enzimi BRENDA,**

**per pattern PROSITE,**

**per profili PFAM,**

**per famiglie strutturali CATH e SCOP,**

**per geni e proteine associate a malattia OMIM**

**ricerca di omologie mediante PSSM.**

**Ricerche avanzate con Blast mediante iterazioni**

**Allineamento di proteine a sequenza nota a sequenze di proteina a struttura nota mediante**

**matrici di punteggio ambiente specifico**

**Costruzione di modelli**

**Validazione di modelli**

**Programmi per l'analisi di strutture proteiche**

**Sovrapposizione di strutture proteiche.**

**Accenno a metodi docking**

**DS visualizer**