

**SCHEDA DATI PER OFFERTA FORMATIVA PUBBLICA DI CUI AL PUNTO 1.2
DELLA CIRCOLARE MINISTERIALE N° 187 DELL'11 GIUGNO 2008**

Insegnamento: Modulo di: n.crediti/n.ore: Docente titolare: Qualifica SSD di appartenenza Struttura di afferenza Telefono e-mail Orario di ricevimento Sito web docente	Elementi di attuatori e di basi dati Elementi di basi di dati e di bionformatica 4 CFU/40 ore Giuliano Armano Professore Associato Sistemi di Elaborazione delle Informazioni (ING-INF/05) DIEE – Dip. di Ingegneria Elettrica ed Elettronica 070-675.5758 armano@diee.unica.it martedì e mercoledì 12.00-13.00 http://iasc.diee.unica.it
Curriculum scientifico	Giuliano Armano è professore associato presso il Dipartimento di Ingegneria Elettrica ed Elettronica (DIEE), dell'Università di Cagliari, dove coordina il gruppo IASC (“Intelligent Agents and Soft-Computing”). La sua attività di ricerca è focalizzata sugli agenti intelligenti e sul soft-computing. I suoi attuali argomenti di ricerca sono principalmente applicati ai campi della Information Retrieval / Filtering e della Bioinformatica. Alcune recenti pubblicazioni: <ul style="list-style-type: none"> • G. Armano. “Why software agents can be effective in biomedical sciences” Multiagent and Grid Systems - An International Journal. Special Issue on Multi-agent systems for medicine, computational biology, and bioinformatics. Vol. 3 N° 2, pp. 167-172, 2007. • G. Armano, A. Manconi, and E. Vargiu. “A MultiAgent System for Retrieving Bioinformatics Publications from Web Sources” IEEE Transactions on Nanobioscience, Special Session on GRID, Web Services, Software Agents and Ontology Applications for Life Science, Vol. 6 N° 2, June 2007, pp. 104-109. • G. Armano, F. Ledda and E. Vargiu, “Sum-Linear Blossum: A Novel Protein Encoding Method for Secondary Structure Prediction”, Communications of SIWN, Vol. 6, April 2009, pp. 71-77. • G. Armano and F. Mascia. "Using Guarded Experts to Perform Protein Secondary Structure Prediction", International Transactions on Systems Science and Applications, Vol. 5, No. 4, December 2009, pp. 390-396. • J. Winkler, G. Armano, J. N. Dybowski, O. Kuhn, F. Ledda, and D. Heider, “Computational Design of a DNA- and Fc-Binding Fusion Protein”, Advances in Bioinformatics, Vol. 2011, 2011.
Contenuto schematico del corso di insegnamento	Generalità sulle Basi di Dati. Progettazione Logica di una Base di Dati. Progettazione Fisica di una Base di Dati Cenni sul Linguaggio SQL. Cenni sull'Uso delle Basi di Dati in Ambito Biomedico e Bioinformatico. Generalità sulla Bioinformatica.

	Genomica. Proteomica. Analisi di Sequenze. Basi di Dati di Sequenze Biologiche Linguaggi di Programmazione per la Genomica e la Proteomica (cenni).
Obiettivi formativi e risultati attesi (secondo i descrittori di Dublino)	<p>Obiettivi formativi specifici dell'insegnamento:</p> <ul style="list-style-type: none"> ● Indicatore conoscenza e capacità di comprensione Il docente con regolarità coinvolge gli studenti nel riepilogo degli argomenti svolti. La capacità di risolvere i problemi posti durante le esercitazioni è un'altra attività utile allo scopo. ● Indicatore capacità di applicare la conoscenza e capacità di comprensione Il docente con regolarità pone agli studenti semplici problemi finalizzati verificare la comprensione degli argomenti svolti. Anche le esercitazioni svolte durante il corso sono utili per avere un riscontro relativo alla capacità di comprensione degli studenti. ● Indicatore autonomia di giudizio L'impostazione delle esercitazioni è tale da permettere allo studente di avere un riscontro pratico delle nozioni teoriche e nel contempo di verificare l'autonomia di giudizio dello studente. ● Indicatore abilità comunicative Durante le esercitazioni lo studente si trova spesso nella condizione di dover comunicare con i suoi colleghi e/o con il tutore, permettendo così al tutore di valutare l'efficacia e la proprietà delle interazioni. ● Indicatore capacità di apprendere autonomamente Nessuno.
Articolazione del corso	<p>Il corso è suddiviso in due parti trattate in successione: elementi di Basi di Dati ed elementi di Bioinformatica. La prima parte è inerente alla definizione, progettazione e gestione delle Basi di Dati con particolare attenzione alle basi di dati utilizzate in ambito bioinformatico. La seconda parte è invece incentrata all'illustrazione dei principali problemi, metodologie, algoritmi, strumenti e infrastrutture utilizzate in bioinformatica.</p> <p>Elementi di Basi di Dati</p> <p>Dopo una breve introduzione al corso vengono definiti i criteri di progettazione di una base di dati focalizzando sulle tre differenti viste: concettuale, logica e fisica. Il corso introduce quindi al linguaggio SQL e alla amministrazione di DBMS. Viene quindi data un'ampia panoramica delle principali basi di dati di riferimento in ambito biologico.</p> <p>Elementi di Bioinformatica</p> <p>Dopo una introduzione volta a illustrare i campi di analisi della bioinformatica il corso si focalizza sui campi applicativi della proteomica, della genomica e dell'analisi di sequenze. Particolare attenzione è dedicata al problema dell'analisi di sequenze</p>

	<p>(multiallineamento e pattern discovery) e al problema della predizione di strutture secondarie di proteine. Il corso offre anche una panoramica su alcune delle principali infrastrutture e servizi web utilizzati in bioinformatica.</p> <p>(LF = lezione frontale; ES = esercitazione)</p> <p>Prima parte – Elementi di Basi di dati [30h]</p> <ul style="list-style-type: none"> - Introduzione alle Base di Dati[2h LF] - Progettazione di una Base di Dati [15h: 10h LF + 5h ES] - Linguaggio SQL [13h: 8h LF + 5h ES] <p>Seconda parte – Elementi di Bioinformatica [20h]</p> <ul style="list-style-type: none"> - Introduzione alla Bioinformatica [1h LF] - Genomica e Proteomica [7h: 5h LF + 2h ES] - Analisi di Sequenze [4h: 3h LF + 1h ES] - Banche dati di sequenze Biologiche[6h: 5h LF +1h ES] - Linguaggi di Programmazione per la Genomica e la Proteomica [2h]
Propedeuticità	Fondamenti di Informatica 1 e 2
Anno di corso e semestre	3° anno, 2° semestre
Testi di riferimento	<p>1) P. Atzeni, S. Ceri, S. Paraboschi, R. Torlone, “Basi di Dati: Modelli e Linguaggi di Interrogazione”, 2a edizione, McGraw-Hill Italia, 2006</p> <p>2) A. Albano, G. Ghelli, R. Orsini, “Fondamenti di Basi di Dati”, Zanichelli, G. Valle, M. Helmer Citterich, M. Attimonelli, G. Pesole</p>
Modalità di erogazione dell’insegnamento	Tradizionale
Modalità di frequenza	Facoltativa
Metodi di valutazione	Prova scritta (una per ogni parte)
Organizzazione della didattica	36 ore di lezione, 14 ore di esercitazione.