

Dalle molecole alle funzioni biologiche complesse: *Il metodo computazionale*

Martedì 12 Luglio 2016

Accademia delle Scienze dell'Istituto di Bologna, via Zamboni 31

Programma preliminare

9:45-10:00 **Opening:** Pier Luigi Martelli, Coordinatore del Gruppo SIB “Biologia Computazionale e di Sistema”

Sessione 1: Proteine: struttura, stabilità, interazioni

10:00-10:30 Piero Fariselli, Università di Padova
Computational methods for predicting protein stability

10:30-11:00 Silvio Tosatto, Università di Padova
TBD

11:00-11:20 Castrense Savojardo, Università di Bologna
In silico prediction of protein-protein interaction sites

11:20-11:50 Coffee break

Sessione 2: Network molecolari

11:50-12:20 Emanuele Domenico Giordano, Università di Bologna
A bottom-up approach to synthetic biology

12:20-12:40 Marco S. Nobile, SYSBIO e Università di Milano-Bicocca
High-performance computing in Systems Biology: accelerating the simulation and analysis of (large-scale) biochemical networks

12:40-13:00 Daniele Dell'Orco, Università di Verona
Signaling networks in vertebrate photoreceptors in health and disease

13:00-14:00 Pranzo a buffet

Sessione 3: Metodi di analisi metabolica e modelli multiscala

14:00-14:30 Daniela Gaglio, SYSBIO e IBFM-CNR
TBD

14:30-15:00 Matteo Ramazzotti, Università di Firenze
Towards a model of metabolic interactions within tumor microenvironment

15:00-15:30 Riccardo Colombo, SYSBIO e Università di Milano-Bicocca
Constraint-based approaches to model metabolic networks

15:30-16:00- Coffee break

16:00-16:30 Marco Vanoni, SYSBIO e Università di Milano-Bicocca
From molecules to cell populations: an integrated multi-scale approach to the yeast cell cycle

16:30-17:00 Gastone Castellani, Università di Bologna
TBD

17:00-18:30 **Closing:** Lilia Alberghina, Direttore SYSBIO, Centro di Systems Biology ed ISBE Associate partner