



**UNIVERSITÀ DI PISA**

Corso di Laurea Triennale in Informatica (L-31)

TESI DI LAUREA

**Protein Folding: dai metodi classici alla  
rivoluzione di AlphaFold**

**Relatore**

**Prof. Paolo Milazzo**

**Candidato**

**Ludovico Venturi**

**ANNO ACCADEMICO 2020/2021**

# Indice

<b>1</b>	<b>Introduzione</b>	<b>2</b>
<b>2</b>	<b>Background</b>	<b>3</b>
2.1	Background biologico . . . . .	3
2.2	Background informatico . . . . .	3
<b>3</b>	<b>Protein Folding</b>	<b>4</b>
<b>4</b>	<b>Predizione della struttura di proteine</b>	<b>5</b>
<b>5</b>	<b>AlphaFold</b>	<b>6</b>
<b>6</b>	<b>Uso di AlphaFold e visualizzazione</b>	<b>7</b>
<b>7</b>	<b>Scenari aperti e conclusioni</b>	<b>8</b>

# Capitolo 1

## Introduzione

# Capitolo 2

## Background

2.1 Background biologico

2.2 Background informatico

## Capitolo 3

### Protein Folding

## Capitolo 4

# Predizione della struttura di proteine

# Capitolo 5

## AlphaFold

## Capitolo 6

### Uso di AlphaFold e visualizzazione



## Capitolo 7

### Scenari aperti e conclusioni