

BIOCOMPUTACIÓ

Codi assignatura 24909

Biologia 2^{on} Cicle

Curs 1998/99

Pàgina Web del curso:

<http://blues.uab.es/biocomputacio/>

Professors

Dr. Antonio Barbadilla. Despatx C3-113

Dr. Isidre Gibert. Despatx C3-413-3

Objectius

Proporcionar als estudiants de Biologia els coneixements bàsics que els permeti tant l'ús d'eines per realitzar recerques d'informació a les xarxes com abordar l'anàlisi computacional molecular de seqüències de DNA, RNA i proteïnes.

Programa Teòric

Tema 1 INTRODUCCIÓ A LA BIOCOMPUTACIÓ

Biocomputació: síntesi de la revolució de la biologia molecular i de la informàtica. L'anàlisi computacional de seqüències. Codificació de la informació. Sistemes operatius bàsics i xarxes: fonaments i accés. Internet. Recursos d'internet: correu electrònic (e-mail), telnet, ftp, gopher, USENET/newsgroups, WWW. Cerca a internet. El *Campus Virtual de la UAB*. Fòrums de discussió.

Tema 2 BASES DE DADES D'INTERÉS BIOLÒGIC

Bases de dades de Biologia i Biotecnologia. Bases de dades moleculars: *European Bioinformatics Institute (EBI)*, *GenBank*, *PIR-International Protein Sequence Database*, *Swiss-Prot*, bases genòmiques, etc. Bases de dades de bibliografia científica, biblioteques, publicacions *on-line* i llibreries. Recursos i estratègies de recerca a les bases de dades.

Tema 3 ANÀLISI DE SEQÜÈNCIES. I

Introducció. Sistemes de recerca i adquisició de seqüències: *Sequence Retrieval System (EBI)* i *Entrez (GenBank)*. Cerques per similitud en les bases de dades: algorismes i paràmetres (FASTA, BLAST). Programes informàtics per l'anàlisi de seqüències: el paquet GCG del *Genetics Computer Group* com a tipus.

Tema 4 ANÀLISI DE SEQÜÈNCIES. II

Comparacions múltiples de seqüències de DNA i proteïnes. Anàlisi de motius i seqüències consens. Cerques amb patrons. Identificació de residus funcionals i estructura secundària de l'alineament múltiple de seqüències.

Tema 5 RECONSTRUCCIÓ FILOGENÈTICA MOLECULAR I. Mètodes

La revolució molecular en la classificació dels éssers vius. Arbres de gens i d'espècies. Mètodes d'inferència filogenètica: mètodes de distància (UPGMA, Unió amb el veí, mínima evolució), mètode de la màxima parsimonia i mètode de la màxima versemblança. Programes d'ordinador. Estimació de la longitud de les branques. Comparació de mètodes. Taxes i patrons de substitució nucleotídica i aminoacídica. Rellotge molecular.

Tema 6 RECONSTRUCCIÓ FILOGENÈTICA MOLECULAR

H: Exemples

La filogenia de l'home i els seus parents més pròxims. La diversitat humana. Evolució dels cetacis. Gens homeòtics i l'evolució d'artròpodes i cordats. L'arbre filogenètic Universal. DNA antic. Origen del virus del SIDA, el cas dental de Florida i altres històries.

Tema 7 POLIMORFISME MOLECULAR A LES POBLACIONS

Polimorfisme molecular: descripció i causes. La hipòtesi neutralista de l'evolució molecular. La simulació de l'evolució molecular: teoria de la coalescència. Estimació de paràmetres genètics. Tests de la hipòtesi neutralista.

Aula i horaris de Teoria

C3B/009-011; Dimarts de 12:00 a 13:00

Programa Pràctic

Les pràctiques es realitzaran de forma intensiva al llarg de 6 sessions de 5 hores de durada cadascuna. El lloc de realització serà les aules d'informàtica de la Facultat de Ciències.

Avaluació de l'assignatura

L'avaluació de l'assignatura es realitzarà a partir de:

- un examen teòric i pràctic
- un treball pràctic

La nota final serà la mitjana de la nota d'examen i la del treball pràctic. S'aprovarà amb una nota igual o major que 5 sobre 10.

Bibliografia

Bishop, M.J. and C.J. Rawlings (eds.) 1987. Nucleic Acid and Protein Sequence Analysis. A Practical Approach. IRL Press, Oxford.

Bishop, M.J. and C.J. Rawlings (eds.) 1996. DNA and Protein Sequence Analysis. A Practical Approach. IRL Press, Oxford.

Bryant, T.N. and J.W.T. Wimpenny (eds.) 1989. Computers in Microbiology. A practical Approach. IRL Press, Oxford.

Cebrián, J.L. 1998. La red. Taurus, Madrid.

Current Opinion in Genetics & Development. 1997. Volumen 7.

Doolittle, R.F.(ed.) 1990. *Molecular Evolution: Computer Analysis of Protein and Nucleic Acid Sequences*. Methods in Enzymology, vol. 183. Academic Press.

Doolittle, R.F. (ed.) 1996. *Computer Methods for Macromolecular Sequence Analysis*. Methods in Enzymology, vol. 266. Academic Press.

GCG Manual. 1997. Genetic Computer Group (v. 9.0).

Griffin, A.M. and Griffin, H.G. (eds.) 1994. Computer analysis of sequence Data. *Part I*. Methods in Molecular Biology, vol. 24. Humana Press, New Jersey.

Li, W-H. 1997. Molecular evolution. Sinauer, Sunderland, Massachusetts.

Nei, M. 1987. Molecular evolutionary genetics. Columbia University Press, New York.

Nucleic Acid Research. 1998. Database issue. Vol. 26 (1) 1998.

Peruski, L.F. and Peruski, A.H. 1997. The Internet and the New Biology. Tools for Genomic and Molecular Research. ASM.

Swindell, S.R. *et al* (eds.) 1996. Internet for the Molecular Biologist. Horizon Scientific Press.

Weir, B.S. 1996. Genetic Data Analysis II. Sinauer, Sunderland, Massachusetts.