

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, USENET/newsgroups, WWW. El Web. El navegador. Portals i robots de cerca. Cerca booleana. Tipus de Bases de dades. Algoritmes i programació. Llenguatges.

Tema 2: Bases de dades d'interès general i bibliogràfiques

Bases de dades d'interès a Biologia i Biotecnologia. Bases de dades de bibliografia científica: revistes, editorials, taules de continguts, revistes electròniques. Cerques bibliogràfiques: motors de cerca i estratègies.

Tema 3: Bases de dades moleculars

Bases de dades moleculars: The Molecular Biology Database Collection: 2004 update (NAR). European Bioinformatics Institut (EBI), National Center for Biotechnology Information (NCBI), SwissProt, PIR. Presentació i anotació de seqüències. Bases de dades especialitzades. Bases genòmiques:

Tema 4: Cerca i alineament de seqüències

Motors de cerca: Sequence Retrieval System (SRS-EBI) i Entrez (NCBI). Cerques per paraules i per similitud. Algoritmes per a la cerca i alineament de seqüències. Matrius de substitució: PAM i BLOSUM. Els algoritmes dinàmics (Needelman-Wunsch i Smith-Waterman). Algoritmes d'alineament de parells de seqüències. Dot-matrix.

Tema 5: Alineament de seqüències

Alineaments locals amb FastA i BLAST. Cerca dels remots homòlegs: PSI-BLAST. Alineament múltiple de seqüències (ClustalW). Identificació de consensos i disseny de primers.

Tema 6: Genòmica i proteòmica

Projectes de seqüenciació de genomes. Seqüenciació i ensamblatge. Anotació de genomes. Els primers genomes complets a procariotes i eucariotes. El genoma humà. Genòmica comparada. L'era posgenòmica: estudis d'expressió amb xips de DNA, SNPs, Detecció i cartografia de QTLs. Genòmica funcional.

Tema 7: Reconstrucció filogenètica molecular

La revolució molecular en la classificació dels éssers vius. Concepte d'arbre evolutiu. Gens ortòlegs i paràlegs. Mètodes d'inferència filogenètica: mètodes de distància (UPGMA, Unió amb el veí, mínima evolució), mètode de la màxima parsimònia i mètode de la màxima versemblança. Taxes i patrons de substitució. Rellotge molecular. Exemples: L'arbre filogenètic Universal. La filogènia de l'home i els seus parents més pròxims. Reconstrucció de vies de transmissions d'infeccions.

BIBLIOGRAFIA

- Attwood, T.K., i Parry-Smith, J. 1999. Introduction to Bioinformatics. Longman, UK. (versió castellà: Introducción a la Bioinformática 2002, Prentice Hall).
- Campbell, A.M. & Heyer, L.J. 2002. Discovering Genomics, Proteomics, and Bioinformatics. Benjamin/Cummings
- Gibson, G. i S. V. Muse, 2002. A Primer of Genome Science. Sinauer, Massachusetts.
- Kanehisa, M. 2001. Post-genome informatics. Oxford University Press.
- Mounts, D. W. 2001. Bioinformatics: sequence and genome analysis. Cold Spring Harbor Laboratory Press. Cold Spring Harbor, Nova York.
- Nature 2001. The human genome. No. 6822 Vol. 409.
<http://www.nature.com/genomics/human/papers/articles.html>
- Nature 2003. The mouse genome. No. 6915 Vol. 420.
- Nei, M. And Kumar, S. 2000. Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford University Press.
- Nucleic Acid Research 2004. Database issue. Vol. 32 (1) 2004.
http://nar.oupjournals.org/content/vol32/suppl_1/
- Science 2001. The human genome. No. 5007 Vol. 291.
<http://www.sciencemag.org/content/vol291/issue5507/index.shtml>
- Tisdall, J. 2001. Beginning Perl for Bioinformatics. An Introduction to Perl for Biologists. O'Reilly 2001.