

## **APLICACIONES INFORMATIQUES (LI. Bioquímica)**

- 1.- Redes informáticas. Bancos de datos. Transferencia de archivos, etc.
- 2.- Análisis de la información secuencial de ácidos nucleicos I. El computador en la secuenciación y clonación de DNA. Diseño de oligonucleótidos. Búsqueda de secuencias en los bancos de datos.
- 3.- Análisis de la información secuencial de ácidos nucleicos II. Homología de secuencias de DNA. Identificación de secuencias promotoras y de RFs/ORFs. Estructura secundaria de RNA. Simulación de evolución molecular.
- 4.- Análisis de la información secuencial de proteínas I. Homología de proteínas. Conceptos de homología y similitud. Criterios, índices de similitud, penalización, etc. Algoritmos de alineamiento por pares de secuencias. Dot-matrix.
- 5.- Análisis de la información secuencial de proteínas II. Algoritmos de alineamiento múltiple. Árboles filogenéticos. Algoritmos de homología remota (Psi-Blast, Sam, etc).
- 6.- Predicción de conformación en proteínas. Predicción de estructura secundaria, clase estructural, hélices transmembrana, etc. Perfiles de hidropaticidad y accesibilidad a solvente. Otras predicciones.
- 7.- Predicción de función de proteínas a partir de su secuencia. Bancos de patronesestructural/funcionales. Genómica y Proteómica computacionales. Principales bancos de datos de Genómica y Proteómica.
- 8.- Estructura 3D de biomoléculas. El banco de estructuras PDB. Observación y manipulación de estructuras. Estaciones de trabajo gráficas y aplicaciones. Alineamiento estructural. Métodos de modelado de conformación de proteínas: modelado por homología y modelado por "threading". Dinámica molecular. Simulación computacional y diseño molecular ("binding" de ligandos y fármacos, etc).