

ASSIGNATURA: Biocomputació (24909)

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.

2. Bases de dades d'interès a biologia

Bases de dades d'interès a Biologia i Biotecnologia. Bases bibliogràfiques: revistes, editorials, taules de continguts, revistes electròniques. Cerques bibliogràfiques: PubMed. Bases de dades moleculars: European Bioinformatics Institut, National Center for Biotechnology Information. SwissProt. Bases genòmiques: The Institute for Genomic Research.

3. Recursos i estratègies de recerca a les bases de dades moleculars

Introducció. Sistemes de recerca: Sequence Retrieval System (SRS), Entrez (GenBank). Estratègies de recerca: paraules clau, similitud. Matrius de similitud. Algoritmes de recerca: FASTA, BLAST. Cerques amb patrons.

4. Anàlisi de seqüències

Programes informàtics per l'anàlisi de seqüències. El paquet Genetics Computer Group com a model. Comparacions múltiples de seqüències. Consideracions generals. ClustalW. Anàlisi de motius i seqüències consens. Identificació de residus funcionals i estructura secundària.

5. Genòmica i proteòmica

Cartografia de genomes. Mapes físics i de lligaments. Projectes de seqüenciació de genomes. Els primers genomes complets a procariotes i eucariotes: Què hem après? Comparació de genomes. Detecció i cartografia de QTLs. El projecte SNPs. *Chips* de DNA. Matrius de DNA. Proteòmica. Projecte *Blue gene*.

6. 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. Relotge molecular.

7. Reconstrucció filogenètica molecular. II: exemples

La filogènia 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.