



Universitat Autònoma de Barcelona

TITULACIÓ: Biologia
NOM DE L'ASSIGNATURA: 24909 Biocomputació
CURS: 2002/2003
CRÈDITS: 4.5

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 i proteïnes

PROGRAMA DE TEORIA

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 avançada

Tema 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.

Tema 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. Algorismes de recerca: FASTA, BLAST. Cerques amb patrons.

Tema 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.

Tema 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. L'era posgenòmica. Detecció i cartografia de QTLs. El projecte SNPs. Genòmica funcional. Microchips de DNA. Proteòmica.

Tema 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.

Tema 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.

BIBLIOGRAFIA

- Attwood, T.K., i Parry-Smith, J. 1999. Introduction to Biocomputing. Longman, UK.
- Bishop, M.J. and C.J. Rawlings (eds.) 1996. DNA and Protein Sequence Analysis. A Practical Approach. IRL Press, Oxford.
- Cebrián, J.L. 1998. La red. Taurus, Madrid (Lectura recomanada).
- Doolittle, R.F. (ed.) 1996. Computer Methods for Macromolecular Sequence Analysis. Methods in Enzymology, vol. 266. Academic Press.
- 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.
- Kanehisa, M. 2001. Post-genome informatics. Oxford University Press.
- Li, W-H. 1997. Molecular evolution. Sinauer, Sunderland, Massachusetts.
- Mesiner, S. and Krawetz, S.A. (ed). 2000. Bioinformatics. Methods and Protocols. Humana Press. Totowa, New Jersey.
- Nature 2001. The human genome. No. 6822 Vol. 409.
- Nei, M. And Kumar, S. 2000. Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford University Press.
- Nigroponte, N. 1995. El mundo digital. Ediciones B, Barcelona (Lectura recomanada).
- Nucleic Acid Research 2001. Database issue. Vol. 29 (1) 2001.
- Science 2001. The human genome. No. 5007 Vol. 291.
- Weir, B.S. 1996. Genetic Data Analsis II. Sinauer, Sunderland, Massachusetts.

PRÀCTIQUES

Les pràctiques es realitzaran de forma intensiva al llarg de 7 sessions de 5 hores de durada cadascuna. El lloc de realització serà les aules d'informàtica de la Facultat de Ciències. A més del maneig en las xarxes i bases de dades, es farà una pàgina Web personal i es seguiran Tutorials molts complets preparats específicament per aquestes pràctiques

AVALUACIÓ

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

- un examen teòric-pràctic
- un treball pràctic que reflexi que l'alumne ha adquirit les habilitats bàsiques en el maneig de les eïnes bioinformàtiques (feu click per veure temes possibles)

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.
