

Bioinformàtica

Código: 100780
Créditos ECTS: 6

Titulació	Tipo	Curso	Semestre
2500250 Biología	OB	3	2

Contacto

Nombre: Daniel Yero Corona

Correo electrónico: Daniel.Yero@uab.cat

Uso de idiomas

Lengua vehicular mayoritaria: catalán (cat)

Algún grupo íntegramente en inglés: No

Algún grupo íntegramente en catalán: No

Algún grupo íntegramente en español: No

Equipo docente

Josep Antoni Pérez Pons

Sònia Casillas Viladerrams

Prerequisitos

Es conveniente que el alumno repase los conceptos básicos adquiridos en las asignaturas de Genética, Genética Molecular, Microbiología, Estructura y Función de Biomoléculas y de Ampliación de Biología Celular.

Son recomendables conocimientos de inglés.

Objetivos y contextualización

El tratamiento y el análisis informático de datos moleculares ha adquirido un protagonismo fundamental en la biología actual y la materia que se impartirá en esta asignatura constituye una visión introductoria básica a la bioinformática. Los objetivos principales son:

- Proporcionar los conocimientos bioinformáticos básicos que permita el uso de herramientas para realizar búsquedas de información en las bases de datos de interés para las biociencias y abordar el análisis computacional de secuencias de ácidos nucleicos y proteínas.
- Dar una perspectiva del potencial de esta disciplina tanto en el ámbito de la investigación como en el profesional.

Contenido

Tema 1. Bases de datos de interés para las biociencias. Introducción a la bioinformática. Bases de datos moleculares. Motores de búsqueda. Depósito y extracción de secuencias de las bases de datos primarias de DNA. Formatos para las secuencias. El NCBI y sus bases de datos. Herramientas de visualización, edición y análisis de secuencias de DNA.

Tema 2. Alineamiento y comparación de secuencias. Alineamiento por parejas. Método de Dot-Plot. Alineamiento local y global. Métodos basados en programación dinámica. Matrices de sustitución: identidad y

similitud. Penalización por gaps. Alineamiento múltiple de secuencias. Alineamientos progresivos, fundamentos. Aplicación de los alineamientos múltiples.

Tema 3. Búsquedas por similitud. Algoritmos heurísticos. Algoritmos para la búsqueda por similitud en bases de datos: estrategia BLAST y FASTA. Tipo de BLAST y aplicaciones. Anotación de secuencias de DNA por homología.

Tema 4. Programación de scripts para la automatización de tareas bioinformáticas. El análisis bioinformática estándar. Perl. Variables. Módulos. BioPerl.

Tema 5. Anotación de genes y dominios proteicos. Búsqueda de genes ab-initio. Anotación de dominios proteicos con InterProScan. Anotación funcional con Gene Ontology.

Tema 6. Genómica comparativa. Phylogenetic footprinting / shadowing. Búsqueda de ortólogos y parálogos. Sintenia.

Tema 7. Reconstrucción filogenética molecular. La evolución biológica. La filogenia molecular. Métodos de inferencia filogenética (UPGMA, Neighbor-Joining). Ejemplos de reconstrucción filogenética.

Tema 8. Variación genética y selección natural. Tipo de variación genética. Teoría neutralista de la evolución molecular. Tests de neutralidad (Ka/Ks). Ejemplos de selección natural.

Tema 9. Proteínas: análisis de la secuencia. Relación secuencia-estructura-función. Bases de datos primarias. Cálculos a partir de la secuencia y predicción de la sublocalización celular.

Tema 10. Proteínas: análisis de la función. Predicción de la función. Búsqueda de homólogos remotos. Identificación de motivos, dominios y familias proteicas. Bases de datos secundarias. Bases de datos integradas.

Tema 11. Proteínas: análisis de la estructura. El banco de estructuras PDB. Búsqueda de homólogos estructurales. Predicción de características estructurales. Modelado de la estructura tridimensional. Clasificación estructural de proteínas.