

**Bioinformática**

Código: 100780

Créditos ECTS: 6

Titulación	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. Cómputos 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.