

Bioinformàtica

Código: 101951
Créditos ECTS: 6

Titulación	Tipo	Curso	Semestre
2500890 Genética	OB	3	1

Contacto

Nombre: Sònia Casillas Viladerrams
Correo electrónico: Sonia.Casillas@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

Antoni Barbadilla Prados
Raquel Egea Sánchez

Prerequisitos

Es conveniente que el alumno repase los conceptos básicos adquiridos en las asignaturas de segundo:

- el módulo de Bases de datos y fundamentos de programación dentro de la asignatura Técnicas Instrumentales
- Genética Molecular de eucariotas
- Genética Molecular de procariotas
- Genética de poblaciones
- el contenido sobre estructura y función de proteínas de la asignatura de Bioquímica

Así también, esta asignatura se complementa con la asignatura Genómica, proteómica y interactómica que se hace en el mismo semestre, por lo que se requiere un co-seguimiento.

Es muy recomendable conocimientos de inglés para la lectura de información.

Será imprescindible el conocimiento a nivel básico de algún lenguaje de programación (por ejemplo Perl o Python) para poder seguir las sesiones, tanto teóricas como prácticas, y completar las actividades de evaluación continuada.

Objetivos y contextualización

La bioinformática -el tratamiento, el análisis informático y la interpretación y modelización de datos moleculares y genómicos- ha adquirido un protagonismo fundamental en la genética actual. La materia impartida durante este curso constituye una visión introductoria a la bioinformática. Los objetivos principales son:

- Proporcionar a los estudiantes los conocimientos bioinformáticos básicos que les permita tanto el uso de herramientas para realizar búsquedas de información en las bases de datos como abordar el análisis computacional de secuencias de ácidos nucleicos, proteínas y genomas
- Aplicar la programación de scripts para la automatización de tareas bioinformáticas reiterativas
- Dar una perspectiva del potencial de esta disciplina tanto en el ámbito de la investigación como profesional

Contenido

Tema 1. Introducción a la bioinformática. La bioinformática en la investigación genómica. Los tres vértices del análisis bioinformática. Los retos bioinformáticos de integración de datos.

Tema 2. Bases de datos de interés para las biociencias. Bases de datos bibliográficas. Construcción de estrategias de búsqueda. Bases de datos moleculares. Motores de búsqueda.

Tema 3. Formatos de secuencias. Extracción de secuencias de las bases de datos primarias. Formatos de secuencias. Herramientas para la conversión entre formatos.

Tema 4. Estadísticas de secuencias. Herramientas de visualización, edición y análisis de secuencias. Estadísticas de secuencias.

Tema 5. Alineamiento de secuencias. Comparación de secuencias. Alineamiento local y global para programación dinámica. Matrices de puntuación: identidad y similitud. Penalizaciones por gaps. Dot-plots.

Tema 6. Búsquedas por similitud. Algoritmos heurísticos para la búsqueda por similitud contra bases de datos: BLAST. Aplicaciones del BLAST. Búsqueda de homólogos remotos para PSI-Blast. Herramientas para la automatización de búsquedas por similitud.

Tema 7. Alineamiento múltiple. Alineamiento múltiple de secuencias. Alineamientos progresivos. Matrices de distancia. Paquete CLUSTAL. Aplicaciones del alineamiento múltiple. Herramientas para la automatización de alineamientos múltiples. Matrices de posición (peso) y LOGOS.

Tema 8. Reconstrucción filogenética molecular. La filogenia molecular. Métodos de inferencia filogenética. Herramientas para la reconstrucción filogenética. Ejemplos de reconstrucción filogenética.

Tema 9. Ensamblaje de genomas. Mapeo contra genomas de referencia. Algoritmos de ensamblaje de novo. Formatos y herramientas de visualización de ensamblajes.

Tema 10. Anotación de genomas. Anotación de genes. Anotación de regiones reguladoras. Visualización de anotaciones a través de navegadores genómicos.

Tema 11. Genómica comparativa y funcional. Diferentes niveles de comparación. Bloques sinténicos. Hotspots de reordenación. Vista comparativa mediante navegadores genómicos.