

Bioinformàtica

Código: 100894
Créditos ECTS: 3

Titulación	Tipo	Curso	Semestre
2500252 Bioquímica	OB	3	2

Contacto

Nombre: Maria Margarita Julia Sape
Correo electrónico: Margarita.Julia@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

Otras observaciones sobre los idiomas

No se realizará docencia específica en Inglés, pero debe remarcarse que dada la temática, la práctica totalidad de los materiales/recursos/programas informáticos son en lengua Inglesa.

Equipo docente

Maria Margarita Julia Sape

Prerequisitos

No existen prerequisitos para esta asignatura. No obstante, se recomienda repasar los conceptos adquiridos en las asignaturas de "Biología Molecular" y "Química i Enginyeria de Proteïnes" impartidas durante el segundo curso del grado.

También es recomendable que los alumnos posean un conocimiento suficiente de la lengua inglesa que les permita consultar sin dificultad las fuentes bibliográficas y recursos educativos "on-line" que la profesora propondrá a lo largo de las sesiones.

Objetivos y contextualización

La materia impartida durante este curso proporciona al alumno una visión introductoria a la bioinformática. Esta asignatura está dirigida a estudiantes de Bioquímica de 3er curso (6º semestre).

Al superar dicha asignatura, los alumnos deben ser capaces de:

- Dominar las herramientas bioinformáticas basadas en web o interfaz gráfica de usuario, para el estudio de secuencias.
- Obtener, alinear, visualizar y comparar secuencias.
- Inferir relaciones filogenéticas entre secuencias.

-Conocer las diferentes herramientas predictivas para secuencias y saber escoger la más adecuada para cada pregunta experimental.

-Ser capaz de responder a preguntas de interés bioquímico mediante herramientas bioinformáticas.

Contenido

- Campo de estudio de la bioinformática. Bases de datos biomédicas, repositorios públicos y centralizados de datos, formatos, vocabularios controlados y estandarización de la información para su transmisión, intercambio y reanálisis.
- Alineamiento de dos secuencias. Matrices de puntuación PAM y BLOSUM. Estrategias algorítmicas de alineamiento.
- "Basic Local Alignment Search Tool" (BLAST). Algoritmo de BLAST. Parámetros y tipos básicos de BLAST. Evaluación de los resultados obtenidos.
- PSI-BLAST y otros tipos avanzados de BLAST. La "position-specific scoring matrix" o PSSM.
- Alineamiento de múltiples secuencias. Estrategias algorítmicas utilizadas por distintos programas: alineamientos exactos, progresivos, iterativos, basados en consistencia o en estructura.
- Bases de datos de alineamientos múltiples, Pfam y "Conserved domain database".
- Filogenias. Tipos de árboles filogenéticos y sus componentes. Estadios de un análisis filogenético y métodos para construir y evaluar la fiabilidad de un árbol filogenético.
- Dominios y motivos proteicos. El carácter modular de las proteínas con respecto a las herramientas de búsqueda y/o predictivas. Herramientas bioinformáticas de predicción de las propiedades físicas, localización y función de las proteínas.
- Principios de la predicción estructural de proteínas, algoritmo de Chou y Fasman. Enfoques basados en homología, reconocimiento de plegamiento o "ab initio". Herramientas de visualización estructural. Bases de datos de proteínas (Uniprot, PDB), familias, categorización jerárquica.