

Ciencias de la Vida

Temario de curso

Adscripción	
Programa de posgrado	Ciencias de la Vida
Orientación	Biomedicina y Bionanotecnología, Microbiología Celular y Molecular, Biotecnología Marina
Fecha de registro en el DSE	Haga clic aquí para escribir una fecha.

Información del curso		
Nombre del curso		
BIOINFORMÁTICA BÁSICA		
Periodo lectivo	Tipo	
Cuatrimestre II	optativo	
Cursos previos		
Es conveniente tener conocimientos previos en Biología Molecular.		
Créditos	Horas de teoría	Horas de laboratorio
4	32	0
Elaborado por		
María Asunción Lago Lestón		
Aprobado en reunión de Consejo de Programa de Posgrado (CPP)		
Haga clic aquí para escribir una fecha.		

Objetivos generales
<p>El curso es una introducción a distintas herramientas que la Bioinformática ofrece para analizar datos procedentes de la Biología Molecular y la Genómica. El objetivo principal es presentar a los estudiantes los conceptos y las herramientas más básicas para el análisis y estudio de los genes, así como revisar aquellas que permiten analizar datos genómicos procedentes de secuenciación masiva. Es un curso introductorio para que los estudiantes obtengan una visión general las herramientas que hay disponibles y puedan elegir aquellas que les sean más útiles para la realización de sus tesis.</p>

Contenido temático
<p>1. ¿Qué es la Bioinformática?</p> <p>1.1. Breve introducción.</p> <p>1.2. Contexto histórico</p>
<p>2. Introducción a las Bases de Datos</p> <p>2.1. Estructura de las bases de datos.</p> <p>2.2. La base de datos del NCBI: PubMed, GenBank, etc</p> <p>2.3. Obtención de secuencias.</p> <p>2.4. Otras bases de datos y recursos en Internet</p>
<p>3. BLAST y alineamientos de secuencias</p>

Ciencias de la Vida

- 3.1. Alineamiento de pares de secuencias (Pairwise Sequence Alignment).
- 3.2. BLAST (BlastP, PSI-Blast, y Translated Blast).
- 3.3. Búsquedas en las bases de datos.
- 3.4. Búsqueda de homologías.
- 3.5. Comparación de Genomas

4. Introducción a la bioinformática de proteínas

- 4.1. Determinación el peso molecular y el punto isoeléctrico.
- 4.2. Predicción de estructuras secundarias y búsqueda de dominios.
- 4.3. Predicción de la localización celular.

5. Alineamiento múltiple de secuencias

- 5.1. Introducción al Clustal y MEGA, DiAlign y MAFFT.
- 5.2. Búsqueda de regiones conservadas y variables

6. Genomas Procariontas

- 6.1. Predicción de genes bacterianos.
- 6.2. Estructura génica.

7. Genomas Eucariotas

- 7.1. Estructura del gene eucarióta.
- 7.2. Base de datos de Ensembl.
- 7.3. Variación génica SNPs.
- 7.4. DNA Fingerprinting

8. Estudios filogenéticos

- 8.1. Árboles filogenéticos y matrices de distancias
- 8.2. Métodos para la construcción de árboles filogenéticos: "UPGMA" y "Neighbor-Joining" (basados en distancia), método de máxima parsimonia, método bayesiano
- 8.3. Herramientas para la construcción de árboles filogenéticos: MEGA.

9. Análisis de selección

- 9.1. Selección natural. Selección positiva y selección negativa.
- 9.2. El test dN/dS.
- 9.3. Herramientas: DataMonkey

10. Introducción a los datos de Secuenciación masiva

- 10.1. Qué es la secuenciación masiva. Ventajas y limitaciones.
- 10.2. Estudios metagenómicos

11. Estudios de análisis de expresión génica

- 11.1. Experimentos de RNA_seq.
- 11.2. Introducción al Galaxy y al Bioconductor

12. Análisis "Gene Ontology". Anotación de genes

- 12.1. Qué es la anotación de un gen. Reglas básicas para una correcta anotación.
- 12.2. Principales herramientas: Blast2GO, AmiGO, DAVID...

13. Interacción DNA-proteína.

- 13.1. Estudio de los elementos regulatorios "Cis" .

Ciencias de la Vida

- 13.2. Búsqueda y predicción de regiones promotoras o reguladoras dentro del genoma.
- 13.3. ChIP_seq

14. Interacción proteína-proteína

- 14.1. Explorar las bases de datos usando el BioGRID
- 14.2. Creación de redes de interacción con el Cytoscape

15. Breve introducción a la Biología de Sistemas.

Criterios y mecanismos de evaluación

Habrán exámenes y ejercicios prácticos que conformarán el 60% de la calificación
La presentación de un trabajo al final de la materia será el 25%
La asistencia y participación conformará el 15% restante de la calificación final.

Otros.

Lecturas recomendadas:
Bioinformatics and Functional Genomics by Jonathan Pevsner (May 4, 2009)
Bioinformatics: Genes, Proteins and Computers (July 29, 2003) by Christine Orengo (Editor),
David Jones (Editor), Janet Thornton (Editor)

Referencias bibliográficas

Se entregará en el curso artículos recientes relacionados con la materia.