

PROGRAMA DE DOCTORADO: MATEMÁTICA E INFORMÁTICA APLICADAS EN CIENCIAS E INGENIERÍA.

PRIMER AÑO DE PROGRAMA. BIENIO 2005/07

Curso académico 2005/2006. Periodo docente

NÚMERO DE CRÉDITOS: 3

Responsable: Dr. Jesualdo Tomás Fernández Breis

Profesor: Dr. Jesualdo Tomás Fernández Breis

CRÉDITOS: 3

CURSO/SEMINARIO: Aplicaciones avanzadas de las matemáticas y la informática: bioinformática.

OBJETIVOS

En este curso se pretende introducir a los alumnos en una de las áreas interdisciplinarias de mayor auge en la actualidad: la bioinformática. Se tratará cada una de las grandes áreas de esta disciplina, desde sus orígenes hasta las herramientas software de mayor relevancia en este campo, pasando por los diferentes paradigmas de representación de información biológica mediante bases de datos y ontologías y las subáreas más relevantes de tratamiento y análisis de secuencias y estructuras proteicas. El objetivo consiste en transmitir al alumno conocimiento conceptual, metodológico y práctico del campo de la bioinformática, así como de las distintas tecnologías y herramientas existentes para crear y explotar la información biológica existente mediante sistemas de información.

PALABRAS CLAVE: Bioinformática; informática, biología molecular; sistemas de información; bases de datos; ontologías.

METODOLOGÍA: El curso se basará en explicaciones teóricas (55%), revisión y discusión de artículos (20%) y sesiones de laboratorio (25%).

CONTENIDOS

1. Conceptos fundamentales de la bioinformática
 - 1.1. Origen de la bioinformática
 - 1.2. Conceptos básicos de biología e informática
 - 1.3. Enfoques computacionales al problema biológico
 - 1.4. Fuentes de información para bioinformática
 - 1.5. Panorama actual en bioinformática
2. Bases de datos biológicas
 - 2.1. Introducción
 - 2.2. Uso de bases de datos biológicas
 - 2.3. Bases de datos genéricas
 - 2.3.1. SWISS-PROT
 - 2.3.2. TREMBL
 - 2.3.3. PDB
 - 2.3.4. GENBANK
 - 2.4. Bases de datos secundarias
 - 2.4.1. SCOP

- 2.4.2.HGVBASE
- 2.4.3.PROTEOME
- 2.4.4.ARRAYEXPRESS

- 3. Gene ontology (GO)
 - 3.1. Definición
 - 3.2. Estructura
 - 3.2.1.Proceso biológico
 - 3.2.2.Componente celular
 - 3.2.3.Función molecular
 - 3.3. Impacto de GO en la bioinformática
 - 3.4. Otras ontologías bioinformáticas

- 4. Métodos y algoritmos informáticos para el procesamiento de información biológica
 - 4.1. Análisis, comparación y alineamiento de secuencias
 - 4.2. Clasificación y visualización de estructuras de proteínas
 - 4.3. Predicción de estructuras de proteínas y sus funciones
 - 4.4. Tecnología de microarrays ADN

- 5. Herramientas software para bioinformática
 - 5.1. Búsqueda en base de datos
 - 5.1.1.Búsqueda basada en texto
 - 5.1.1.1.ENTREZ
 - 5.1.1.2.SRS
 - 5.1.2.Búsqueda basada en similaridad de secuencias
 - 5.1.2.1.BLAST
 - 5.1.3.Búsqueda basada en estructuras
 - 5.1.3.1.SEARCH SCOP
 - 5.2. Análisis de secuencias y de estructuras
 - 5.2.1.BLAST 2 SEQUENCES
 - 5.2.2.ALIGN
 - 5.3. Interacciones
 - 5.3.1.BIND BLAST
 - 5.4. Gene ontology
 - 5.4.1.DAG-EDIT
 - 5.4.2.GOSURFER
 - 5.4.3.GOMINER
 - 5.4.4.GARBAN
 - 5.4.5.FATIGO
 - 5.5. Búsqueda bibliográfica
 - 5.5.1.PUBMED

EVALUACIÓN: Se valorará la asistencia, así como la resolución de un trabajo propuesto.