



Universidad de Navarra

BIOINFORMÁTICA BÁSICA

Datos de la asignatura

- Titulación: **Máster Oficial en Ingeniería Biomédica**
- Departamento: **Electrónica y Comunicaciones**
- Periodo: **Julio**
- Número de créditos ECTS: **3**
- Numero de horas de trabajo del alumno: **90**
- Profesores que la imparten: **Dr. Ángel Rubio Díaz-Cordovés**
- Tipo de asignatura: **optativa**
- Idioma en que se imparte: **inglés**

Objetivos de la asignatura

El objetivo de la asignatura es mostrar como utilizar el *software* disponible para el análisis de los experimentos de alto rendimiento (genómica, proteómica y genotipado) así como el uso de herramientas de minería de texto. Se hará especial hincapié en la explicación de los algoritmos que utilizan estas herramientas para entender su ámbito de aplicación y limitaciones.

Metodología

La asignatura se impartirá combinando transparencias y explicaciones verbales utilizando una pizarra. Las clases serán en inglés. Existirán dos tipos de clases: teóricas, en las que se exponen los conceptos básicos que después son aplicados en las clases prácticas sobre el ordenador.

Los alumnos deberán realizar un trabajo de investigación en bioinformática sobre algún tema de interés (búsqueda de marcadores, interpretación biológica de resultados de microarrays, etc.)

Distribución del tiempo

Las clases teóricas supondrán el 60% del tiempo y las prácticas el 40 % restante.

Evaluación

Se realizará un examen práctico que supondrá el 60 % de la nota final. El otro 40 % será la puntuación del trabajo de investigación. Para superar la asignatura es necesario aprobar ambos

Programa de la asignatura

1. Introducción

- 1.1. Breve introducción a la biología
 - 1.1.1. DNA, genes y cromosomas
 - 1.1.2. De los genes a las proteínas
 - 1.1.3. Proteínas y complejos

2. Bases de datos en biología

- 2.1. Conceptos básicos
- 2.2. Bases de datos más utilizadas en bioinformática
 - 2.2.1. Un gran número
 - 2.2.2. Bases de datos de genomas
 - 2.2.3. Bases de datos de genes
 - 2.2.4. Bases de datos de proteínas
 - 2.2.5. Bases de datos de... bases de datos

3. Expresión génica y microarrays

- 3.1. Herramientas para la interpretación de microarrays de expresión
 - 3.1.1. Tipos de microarrays
 - 3.1.2. Fabricación de microarrays
 - 3.1.3. cDNA microarrays
- 3.2. Comparación entre microarrays de CDNA y oligonucleótidos

4. Análisis funcional e interpretación biológica de los resultados de microarrays

- 4.1. Introducción
- 4.2. Gene Ontology
- 4.3. Otros recursos relacionados
 - 4.3.1. KEGG
 - 4.3.2. Factores de transcripción
 - 4.3.3. Coexpresión
 - 4.3.4. Co-citación
- 4.4. Extracción de conocimiento biológico a partir de listas de genes
 - 4.4.1. Fundamentos estadísticos para hacer las inferencias

5. Comparación de secuencias

- 5.1. Alineamientos
 - 5.1.1. BLAST, FASTA y otros algoritmos
- 5.2. Filogenia
 - 5.2.1. Distancias en filogenia
 - 5.2.2. Árboles filogenéticos

6. Bioinformática estructural

- 6.1. Eestructuras de los ácidos nucleicos
 - 6.1.1. Estructura del DNA
 - 6.1.2. Estructura del RNA
- 6.2. Estructura de proteínas

- 6.2.1. Estructura primaria
- 6.2.2. Estructura secundaria y terciaria
- 6.3. Métodos experimentales y "ab initio" de resolución de proteínas.
- 6.4. Predicción de estructura

7. Proteómica

- 7.1 Espectrometría de masas y HPLC
- 7.2 Desafíos en proteómica

Bibliografía

- Bioinformatics for Dummies. Jean-Michel Claverie, Cedric Notredame
- Bioinformatics. A practical guide to the analysis of genes and proteins. Andreas D. Baxevanis, B. F. Francis Ouelette
- Data Analysis Tools for Microarrays. Sorin Draghici.