

CURSO	:	BIOINFORMÁTICA Y GENÓMICA
SIGLA	:	BIO252C
CRÉDITOS	:	05
MÓDULOS	:	02
REQUISITO	:	BIO242C – BIO289C

I. DESCRIPCION

Curso de introducción a la genómica y la bioinformática, con especial énfasis a las aplicaciones directas que de estas áreas derivan, tanto en el ámbito científico como tecnológico. Se abordará un amplio espectro de conceptos básicos y algunos conceptos avanzados de la bioinformática, tanto de sus fundamentos como de sus aplicaciones. Este curso se limitará a la bioinformática aplicada a aquellas moléculas que constituyen el esqueleto esencial del flujo de la información genética en todo ser vivo: ADN, ARN, y proteínas. Se analizarán las principales herramientas bioinformáticas que involucren el análisis y predicción de sus secuencias, estructuras y función.

II. OBJETIVOS

1. Comprender los conceptos básicos y algunos conceptos avanzados de la bioinformática, tanto de sus fundamentos como de sus aplicaciones. En este contexto, no sólo se enseñará a los alumnos a utilizar las herramientas existentes, sino que también a entender la teoría y los algoritmos sobre los cuales éstas se basan, de manera de que ellos puedan comprender su funcionamiento y ser capaces de realizar un análisis crítico, al estar en conocimiento de sus virtudes y limitaciones.
2. En particular, se pretende que los estudiantes adquieran el conocimiento de cómo se organizan las diversas bases de datos que contienen información biológica, en qué consisten los algoritmos utilizados para generarlas, y cómo ser capaces de utilizar de buena forma las herramientas para extraer información útil a partir de la gran cantidad de datos que se encuentran disponibles.
3. Los estudiantes obtendrán una visión global de la importancia histórica que ha tenido la integración de la informática con la biología y de las posibles potencialidades futuras. También serán capaces de generar hipótesis y diseñar experimentos dirigidos a dilucidarlas a partir del análisis computacional de algunas situaciones particulares que envuelvan moléculas específicas de su interés.
4. Este curso tendrá un especial énfasis en la bioinformática aplicada a aquellas moléculas que constituyen el esqueleto esencial del flujo de la información genética en todo ser vivo: ADN, ARN, y proteínas. Se analizarán las principales herramientas bioinformáticas que involucren el análisis y predicción de sus secuencias, estructuras, y función.

III. CONTENIDOS

1. Nacimiento de la bioinformática
2. ACIDOS NUCLEICOS
 - 2.1. Estructura
 - 2.2. Bases de datos de secuencias
 - 2.3. Análisis de secuencias
 - 2.4. Algoritmos computacionales I
 - 2.5. Microarreglos de ADN
 - 2.6. Genómica Funcional
3. PROTEINAS
 - 3.1. De la secuencia a la estructura
 - 3.2. Métodos experimentales para la determinación de la estructura de proteínas
 - 3.3. Plegamiento de proteínas
 - 3.4. Arquitectura de proteínas

- 3.5. Bases de datos
 - 3.6. Algoritmos computacionales I
 - 3.7. Predicción de la estructura de proteínas
 - 3.8. Predicción de función
 - 3.9. Algoritmos computacionales II
 - 3.10. Proyecto genómica estructural
- 4. OTRAS MOLECULAS
 - 5. PROYECCIONES

IV. METODOLOGIA

El curso será impartido principalmente por medio de clases expositivas con material audiovisual y uso dinámico en tiempo real de servidores web. Además se contemplan sesiones prácticas en la sala de computación, donde los alumnos serán dirigidos a llevar a cabo tareas puntuales utilizando una gran diversidad de software disponible en Internet o instalado localmente en los computadores de nuestra Facultad. Los alumnos contarán con el apoyo de una guía práctica ubicada en la página web del curso, la cual es especialmente diseñada para cumplir ese propósito. Las sesiones de laboratorio también permitirán a los alumnos desarrollar un trabajo grupal que consistirá en la implementación funcional de una aplicación bioinformática específica, la cual será evaluada al final del semestre.

V. EVALUACION

Se realizarán pruebas escritas con preguntas de alternativa y de desarrollo. También se evaluará un trabajo grupal realizado durante el semestre, el cual consistirá en el desarrollo de una aplicación bioinformática específica y su implementación funcional en un servidor web.

VI. BIBLIOGRAFÍA

- | | |
|---|---|
| Baxevanis, Andreas D. (Editor);
Ouellette, B. F. Francis and Baxevanis, R. | Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. Wiley-Liss; ISBN: 0471383910; 2nd edition (April 6, 2001). |
| Branden, Carl-Ivar; Tooze, John | Introduction to Protein Structure. Garland Publishing; ISBN: 0815323050; 2nd edition (January 15, 1999). |
| Creighton, Thomas E.; Freeman, W H & Co. | Proteins: Structures and Molecular Properties.; ISBN: 071677030X; 2nd edition (August 1992). |
| Duda, Richard O.; Hart, Peter E.;
Stork, David G. | Pattern Classification. Wiley-Interscience; ISBN: 0471056693; 2nd edition (October 2000). |
| Lesk, Arthur M. | Introduction to Protein Architecture: The Structural Biology of Proteins. Oxford University Press; ISBN: 0198504748; (2001). |
| Mount, David W. | Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. Cold Spring Harbor Laboratory; ISBN: 0879696087; 1st edition (March 15, 2001). |
| Theodoridis, Sergios;
Koutroumbas, Konstantinos | Pattern Recognition.. Academic Press; ISBN: 0126861404; 1st edition (January 15, 1999). |
| Voet, Donald; Voet, Judith | Biochemistry. John Wiley & Sons; ISBN: 047158651X; 2nd edition (January 15, 1995). |

Serie de documentos acerca de tópicos específicos escritos por el Profesor encargado de este curso, los cuales serán accesibles a través de la página web del curso.