



FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES

Información para el cumplimiento de la Resolución CS N° 2210/03

Asignatura (6.1)	Título	Introducción a la Bioinformática Molecular
	Carrera (*)	Lic.Cs.Biológicas (Res.CS. 304/84)
Fundamentos y Objetivos. (6.2)	Fundamentos de la inclusión de la asignatura en el plan de estudios.	La bioinformática es una disciplina de vacancia esencial para la formación de un biólogo.
	Objetivos de la asignatura.	Dar los conocimientos esenciales de los algoritmos y herramientas de la bioinformática Molecular
Puntos de articulación con respecto al plan de la carrera correspondiente. (6.3)	Correlatividades. (Colocar correlatividad respecto a la cursada y a la promoción o final)	Introducción a la Biología Molecular y Celular y genética I
	Orientación, ciclo, módulo u otras etapas del plan de estudios, donde se incluye esta asignatura. (Si correspondiere)	Biología Molecular y Biotecnología, Genética y Evolución
Carga Horaria y Créditos. (6.4)	Carga Horaria	120 hs.
	Duración(*)	16 semanas
	Créditos (*)	5
Cantidad de Ciclos de Dictado Anuales. (6.5)		
Cantidad de Cátedras que la ofrecen Simultáneamente (6.6)		1
Sistema tutorial (si correspondiera). (6.7)	Descripción.	
Modalidad de enseñanza. (6.8)	Descripción.	Teórico Practica
Contenidos mínimos o programa. (6.9)		
Aspectos a Actualizar (si correspondiere) (6.10)		No corresponde
Fecha desde la cual que se ha Dictado. (6.11)		No corresponde
Cuatrimestre a Dictar (*)		cuatrimestre
Cantidad de Alumnos Estimativa por cuatrimestre		30
Sistema de evaluación y de promoción.(6.12)		Dos parciales promocional
Docente a Cargo. (6.13)	Nombre	Turjanski Adrian
	Categoría (*)	Profesor
	Cargo (*)	Adjunto
	Dedicación (*)	Exclusiva
	Otras Actividades a su Cargo (*)	Proyectos de Investigacion
Docente a Cargo. (6.13)	Nombre	Marcelo Marti
	Categoría (*)	Profesor
	Cargo (*)	Adjunto
	Dedicación (*)	Exclusiva
	Otras Actividades a su Cargo (*)	Proyectos de Investigacion

Criterio de Imputación (Res. CS Nº 2210/03 Art. 3º)	Seleccionar el de mayor importancia en caso de corresponder más de uno.	Las necesidades de las disciplinas de permitir la existencia de instancias, dentro de los planes de estudios, que puedan abordar cuestiones temáticas no saldadas en términos de la propia discusión teórica o epistemológica.	<input type="checkbox"/>
		Un diseño curricular que permita la actualización continua de la formación brindada a través de asignaturas que presenten los últimos avances científicos ocurridos en la disciplina o consideraciones innovadoras de temas o conceptos previamente abordados en el plan de estudios.	<input type="checkbox"/>
		Un currículum que incluya bloques temáticos alternativos correspondientes a ramas u orientaciones de una disciplina mayor.	<input type="checkbox"/>
		La formación propia de un modelo de currículum abierto por el cual el alumno tiene la posibilidad de ir construyendo su propia trayectoria de formación de acuerdo con sus intereses y necesidades.	X
Fundamentos de la Imputación:	La Bioinformática es hoy en día central en la formación de un biólogo ya que es de uso cotidiano en las diferentes salidas laborales y tanto en el ámbito privado como estatal.		
Observaciones:	Esta es una materia introductoria de interés general para el biólogo y no requiere conocimientos previos en computación o bioinformática pero si conocimientos básicos de biología.		

- **Sólo se puede escribir en los campos de escritura que están grisados.**
- **Para terminar, use el comando de Microsoft Word "Guardar como". El nombre del archivo generado debe ser el nombre de la asignatura cuya información completó, si no es excesivamente largo. De ser muy largo, utilice alguna abreviatura que considere conveniente y que permita la rápida identificación del mismo.**
- **Los campos con (*) se refieren a campos con un menú desplegable donde se elegirá la opción correspondiente**
- **En el caso que existan diferentes profesores que dicten la asignatura, el punto 6.13 se deberá completar para cada uno de los docentes que tengan a su cargo la materia. En ese caso las celdas deberán duplicadas para poder tener las instancias necesarias de llenado. Para ello debe desbloquear este documento desde el menú de formularios, copiar y pegar las celdas, bloquear nuevamente y recién entonces comenzar el llenado del formulario.**

PROGRAMA ANALÍTICO - Bioinformática Molecular

Bases de datos Primarias

Definición de bases de datos primarias. Visión histórica de la creación de las mismas. Funcionamiento de las Bases de datos: índices, campos, métodos de búsqueda. Bases de datos de proteínas. Bases de datos de ADN. Ejemplos de bases de datos primarias: Genebank, EMBL, Swiss-Prot, TrEMBL, PDB

Análisis de secuencias

Introducción de probabilidad y estadística. Alineamiento global por pares. Alineamiento Múltiple. Generación de Matrices de score (BLOSUM, PAM). Dot-Plot. Programación dinámica. Programas de alineamiento: BLAST. FASTA. Búsquedas en bases de datos por similitud de secuencia. Patrones de secuencias y perfiles. Filogenia molecular. PSI-BLAST, PHI-BLAST, Mega-Blast.

Bases de datos Secundarias

Definición de bases de datos secundarias. Construcción de bases de secundarias. El problema de los falsos positivos/negativos. Modelos ocultos de Markov. Ejemplos de bases de Datos secundarias: Pfam, Gene-Ontology, UniProt, PRINTS, ProSite. Algoritmos, complejidad y heurísticas. Diseño y mantenimiento de bases de Datos secundarias.

Análisis Bioinformático de Genomas

Ensamblado y anotación de genomas, predicción de genes, Bidireccional best Hits y Iterative predictive Blast. Base de datos de Genomas. Mapeo físico de genes. Uso de Genome Browsers (NCBI), Ensembl y Galaxy. Comparación de Genomas.

Análisis Bioinformático de datos high-throughput de microarreglos (MicroArrays)

Introducción a los MicroArrays, Análisis estadístico de significancia de los datos, Análisis de expresión por MicroArrays, definición de estado metabólico (expresoma, proteoma y metaboloma), MicroArrays específicos sobre splicing alternativo (exon arrays, splicing sensitive arrays), MicroArrays de Glicómica.

Metagenómica y Metabolómica

Introducción a la metagenómica, secuenciación de próxima generación. Anotación y análisis de metagenomas. Introducción a la Metabolómica, análisis de vías y estados metabólicos. Uso de Base de datos KEGG.

Bioinformática Estructural

Repaso de Estructura de Proteínas. Predicción de estructura secundaria, DSSP. Análisis bioinformático de estructuras, alineamiento estructural. Predicción de estructura terciaria. Threading. Modelado comparativo. Métodos ab-initio. Búsqueda de motivos estructurales.

Interacciones entre biomoléculas

Bases moleculares de reconocimiento específico. Interacción proteína-proteína. Interacción proteína-ADN. Interacción droga-proteína. Predicción de interacciones. Predicción de estructuras. Monte Carlo. Algoritmos genéticos. Docking. Clustering. Métodos evolutivos. Bases de datos de interacciones. BIND. DIP.CAPRI.

PROGRAMA TRABAJOS PRÁCTICOS

Perfil de los Trabajos Prácticos: 2 veces por semana (3 hrs/día trabajo). 6 semanas.

Bases de datos Primarias : Bases de datos Primarias: Sitios Populares de Bioninformática, Búsquedas en bases de datos: el NCBI y entrez, Análisis de registros. Gene-Ontology.

Alineamiento I: Alineamiento de Secuencias: Dot-plot. Alineamiento, Búsqueda en base de datos por BLAST. Alineamiento Múltiple. Construcción de Árboles Filogenéticos (Caso real Kinasas). Búsqueda y uso de bases de datos secundarias: PFAM.

Alineamiento II: Programación de un algoritmo de alineamiento, análisis y generación de las matrices de scoring.

Bases de datos Secundarias: Búsquedas y navegación en PFAM, Prosite, construcción de patrones, interrelación entre las bases.

Predicción de genes: Algoritmos de predicción de genes, Glimmer, Blast-Extended Repraze. Determinación de la calidad y confianza de la predicción.

Análisis y anotación de genomas: Estudio de los mapas físicos de genomas (Genome Browser del NCBI), ensamblado y anotación de genomas.

Análisis de resultados de microarreglos: Análisis de resultados de microarreglos de expresión, significancia de los datos, asociación a estados metabólicos según KEGG

Estructura de proteínas: Manejo de programas de visualización. Visualización de estructuras de proteínas. Análisis de motivos. Análisis de interacciones entre biomoléculas. Uso del PDB, Entrez y PDBsum.

Predicción de estructura de proteínas: Modelado Comparativo. Uso de Modeller. Ejemplos puntuales. Análisis por What-Check.

Interacción proteína-ligando: Docking proteína ligando: (Caso real inhibición Kinasas). Comparación de algoritmos.

BIBLIOGRAFIA

- Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. Andreas D. Baxevanis, B. F. Francis Ouellette.
- Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. David W. Mount.
- Structural Bioinformatics (Methods of Biochemical Analysis, V. 44) Philip E. Bourne, Helge Weissig
- Developing Bioinformatics Computer Skills. Cynthia Gibas, Per Jambeck.
- Statistical Methods in Bioinformatics. Warren J. Ewens, Gregory R. Grant
- Protein Structure Prediction - A Practical Approach, M. J. E. Sternberg editor, Oxford University Press, 1996.
- Introduction to Protein Structure, C. Branden and J. Tooze Garland Publishing, Inc. New York and London, 1999.