

C. 1997

(5) ✓

UNIVERSIDAD DE BUENOS AIRES
FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES

1. DEPARTAMENTO: Computación
 2. CUATRIMESTRE: Segundo de 1997.
 3. ASIGNATURA: BIOLOGIA MOLECULAR COMPUTACIONAL
 4. CARRERA: Licenciatura en Ciencias de la Computación
 5. CARACTER DE LA MATERIA: Optativa
 6. NUMERO DE CODIGO DE CARRERA: 18
 7. NUMERO DE CODIGO DE MATERIA:
 8. PUNTAJE: 1 punto (planes 87 y 93)
 9. PLAN DE ESTUDIOS AÑO: 1987 y 1993.
 10. DURACION DE LA MATERIA: Semanal
 11. HORAS DE CLASE SEMANAL:
a) TEORICAS 18 HS. c) PROBLEMAS HS.
b) LABORATORIO d) SEMINARIOS
 12. CARGA HORARIA TOTAL: 18 HORAS
 13. ASIGNATURAS CORRELATIVAS: Nociones elementales de algoritmos
 14. FORMA DE EVALUACION: Examen Final
 15. PROGRAMA Y BIBLIOGRAFIA: Adjuntas a esta hoja
- FECHA: 1/11/97


Dra. Dannie Durand
Firma y Aclaración
del Profesor Titular


Firma del Director
y Sello Aclaratorio

Lic. IRENE LOISEAU
DIRECTORA
DEPTO. DE COMPUTACION
F.C.E. y N. UBA



M1 "BIOLOGIA MOLECULAR COMPUTACIONAL"

PROFESORES:

El curso sera dictado por 4 investigadores de primer nivel en el area de Biologia Molecular Computacional, todos activos participantes en el DIMACS Focus in Mathematical Support for Molecular Biology. Todos tienen amplia experiencia en investigacion en ciencias de la computacion y en resolver problemas de computacion que aparecen en la biologia molecular. Tienen numerosas publicaciones en estos temas y en temas de optimizacion combinatoria y algoritmos en general.

- La Dra. Dannie Durand obtuvo su PhD en Ciencias de la Computacion en la Universidad de Columbia, USA, y su BS en Fisica en el MIT, se incorporo al grupo de biologia en la Universidad de Pennsylvania despues de 5 años de investigacion aplicada en computacion paralela. Sus intereses actuales incluyen multiple secuencia alignment y genetica de poblaciones computacional.

- El Dr. Martin Farach se ha doctorado en Ciencias de la Computacion en la Universidad de Maryland y en Medicina en la John Hopkins University School of Medicine. Es profesor en el Departamento de Computacion de la Universidad de Rutgers y organizador del DIMACS Focus en Soporte Matematico para Biologia Molecular; Se ha destacado en el desarrollo de algoritmos para la construccion de arboles evolucionarios y comparacion de secuencias.

- El Dr. R. Ravi obtuvo su PhD en Ciencias de la Computacion en la Brown University y es Profesor de Investigacion Operativa en la Universidad de Carnegie Mellon. Es uno de los pioneros en algoritmos aproximados basados en PROGRAMACION entera y ha aplicado tecnicas de aproximacion a problemas en alineacion de secuencias multiples y prediccion de estructuras de RNA.

- La Dra. Mona Singh se ha doctorado en Ciencias de la Computacion en el Massachusetts Institute Technology y obtuvo su Master en la Universidad de Harvard. Es actualmente investigadora en la Universidad de Princeton. A partir de su formacion en teoria de aprendizaje computacional en el MIT, se ha dedicado a aplicar su experiencia a la produccion de la estructura de proteinas.

PROGRAMA:

The advent of recombinant DNA technology during the 1970s has led to an inundation of biological sequence data. The compilation and analysis of DNA and protein sequences is now a fundamental task in molecular biology. Computational Molecular Biology is the field of computer science that has emerged to solve algorithmic problems in determining sequences and analysing them. Specific research efforts in this area include sequencing and mapping, pairwise and multiple sequence comparison, protein structure determinations and evolutionary tree reconstruction. Solutions to these problems contribute both to basic scientific research and product development in the biotechnology industry. We have designed a course to give a basic introduction to the major algorithmic research areas in computational biology. The course includes some preliminar instruction in biology and string algorithms.



Lic. IRENE LOISEAU
DIRECTORA
DEPTO. DE COMPUTACION
F. C. E. y N. UBA

SUBJECT OUTLINE:

1. Introductory material
 - a) General Biology
 - i. Biological sequences: DNA, RNA and Proteins
 - ii. Mutations
 - iii. Gene and genome structure
 - b) General Algorithms
 - i. Notation
 - ii. Exact string matching
 - iii. Dynamic programming: global and local pairwise sequence alignment
2. Sequence Analysis
 - a) Pairwise alignment revisited: los-odds statistics, substitution matrices, gap penalty functions
 - b) Database searching: BLAST, FASTA
 - c) Multiple sequence alignment
3. Sequencing and Mapping
 - a) Recombinant DNA technology
 - b) Sequence assembly
 - c) Physical mapping
4. Protein Structure
 - a) Introduction to structural classification
 - b) Tertiary protein structure prediction
 - c) Prediction of secondary structure
 - d) Motif recognition: statistical and computational learning methods
 - e) Protein folding and lattice models
5. Evolutionary Trees
 - a) Molecular evolution: paralogy, gene trees, mutational models
 - b) Multiple sequence alignment and tree reconstruction
 - c) Phylogeny construction: maximum likelihood estimation and distance methods
6. Optional Special Topics
 - a) Gene parsing
 - b) Identifying repeated sequences
 - c) Genome rearrangements
 - d) Phylogeny comparison



Lic. IRENE LOISEAU
DIRECTORA
DEPTO. DE COMPUTACION
F. C. E. y N. UBA