

C. 2009
US



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Planilla a completar para presentación de Cursos de Posgrado

- 1.- DEPARTAMENTO de COMPUTACION.....
- 2.- NOMBRE DEL CURSO: **Introducción a la Biología Computacional**
- 3.- DOCENTES:

RESPONSABLE/S: **Lic. Irene LOISEAU**

COLABORADORES: Fernan Aguero, Universidad de San Martin, Norberto Iusem,
Prof. Depto. FBMC, FCEN, UBA

AUXILIARES: Lic. Cristian Rocha-Lic. Rocío Romero Zaliz-Lic. Viviana Cotik
- 4.- CARRERA de DOCTORADO
- 5.- AÑO: 2005..... CUATRIMESTRE/S: 2° 2005
- 6.- PUNTAJE PROPUESTO PARA CARRERA DE DOCTORADO: 3 (tres) puntos
- 7.- DURACIÓN (anual, cuatrimestral, bimestral u otra): un cuatrimestre
- 8.- CARGA HORARIA SEMANAL:

Teóricas:.....
Problemas:.....
Laboratorio/Práctica: ...3 hs.....
Seminarios: 3 hs.....
Práctica:.....
Salida a Campo:.....
- 9.- CARGA HORARIA TOTAL: 96 hs.....
- 10.- FORMA DE EVALUACIÓN: Seminario, trabajos de laboratorio, trabajo practico final
- 11.- PROGRAMA ANALÍTICO (adjuntarlo).
- 12.- BIBLIOGRAFÍA (indicar título del libro, autor, Editorial y año de publicación)(adjuntada)

Introducción a la Biología Computacional

11.- PROGRAMA ANALÍTICO (adjuntarlo).

Programa:


1. Conceptos básicos de biología molecular e introducción a los recursos biológicos. Arquitectura de proteínas. Introducción a la estructura DNA. Genética. Visión de los objetivos del proyecto Genoma. Incumbencias de la bioinformática. Glosario de términos genéticos.
2. Nociones básicas de algoritmos y bases de datos para alumnos que no son de la carrera de computación.
3. Alineamiento de secuencias. Modelos de scoring, Programación dinámica con modelos complejos, algoritmos heurísticos, modelos de Markov y Hidden Markov. Comparaciones locales y globales. Alineamiento de múltiples secuencias.
4. Comparación de secuencias y predicción de estructuras de proteínas en base de datos biológicas. Algoritmos de programación dinámica en la web. Implementación de Smith-en hardware Kestrel, Decypher. Motores de búsqueda BLAST y FASTA. Bases de Datos de consulta: Genbank, Swiss-Prot, PDB, Medline. Visualización en Biología Molecular: Medical Entity Subject Heading (MESH) Browser, PROSITE database (PRODOC).
5. Computación básica con estructuras biológicas en 3D. Predicción de estructuras terciarias. Protein Folding. Analisis estructural.. Análisis de estructuras RNA. Predicción de estructuras RNA. Modelos de covarianza. Folding RNA. Más Recursos en la web para predicción de estructuras: servidores SCOP, DALI , LOCK, UCLA y Zuker para RNA folding. Recursos FSSP.
6. Construcción de árboles filogenéticos. Construcción de árboles a partir de medidas de distancias, parsimonia, modelos probabilísticos evolutivos, comparación de métodos probabilísticos y no probabilísticos.
7. Redes genéticas. Co-expresión y regulación de genes.
8. MICROARRAY. Métodos de análisis de los datos(Clustering, machine learnig, etc.)

12.- BIBLIOGRAFÍA (indicar título del libro, autor, Editorial y año de publicación)

- P. Baldi, S. Brunak. "Bioinformatics: The Machine Learning Approach". MIT Press, 1998.
- A. Baxevanis, B.F.F. Oullette, "Bioinformatics", Willey & Sons, 2001.
- M. Bishop, C. Rawlings. "DNA and Protein Sequence Analysis". Academic Press, 1996.
- Durbin, Eddy, S., Krogh, A., Mitchison, G., "Biological sequence analysis", Cambridge, 1998
- Gusfield, D. " Algorithms on strings, trees and sequences: Computer science and computational biology", Cambridge, 1997.
- Hunter, L., "Molecular Biology for Computer Scientists". Capítulo 1 del libro "Artificial Intelligence and Molecular Biology", Hunter, L. (ed), AAAI Press, 1993
- Mount, D. W. "Bioinformatics: sequence and genome analysis". Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001.
- Pevzner, P., "Computational Molecular Biology: An Algorithmic Approach". The MIT Press, 2000.
- S. Schulze-Kremer. "Advances in Molecular Bioinformatics". IOS Press, 1994.

- S. Schulze-Kremer. "Molecular Bioinformatics, Algorithms and Applications". Walter de Gruyter, 1996.
- J. Setubal, J. Meidanis. "Introduction to computational molecular biology". PWS Publishing company, 1997.
- Waterman, M., "Introduction to Computacional Biology: Maps Sequences and Genomes", CRC , 2000.

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
 Universidad Nacional de Mar del Plata
 INSTITUTO DE INVESTIGACIONES EN COMPUTACION
 MEMBRU DEL CATEDRA Introducción a la Biología Computacional
 DOCENTES
 RESPONSABLES TUB: TUB LOISEL
 ASISTENTES TUB: TUB LOISEL
 AUXILIARES TUB: TUB LOISEL
 CÁTEDRA DE COMPUTACION
 COMITÉ DE PROMOCIÓN PARA TUB: TUB LOISEL
 COMITÉ DE INVESTIGACIÓN PARA TUB: TUB LOISEL
 COMITÉ DE EVALUACIÓN PARA TUB: TUB LOISEL


 Dr. Alejandro N. Rios
 Departamento de Computación
 FCEvN UPA



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Referencia Expte. N° 481.689/2004

Buenos Aires,

27 DIC. 2004

VISTO:

la nota de fecha 14/12/04 presentada por el Dr. Alejandro Ríos, representante de la Subcomisión de Doctorado en la Comisión de Doctorado de esta Facultad por el Departamento de Computación, mediante la cual eleva la Información y el Programa del Curso de Posgrado "**Introducción a la Biología Computacional**", que será dictado durante el **segundo cuatrimestre de 2005** bajo la responsabilidad de la Lic. Irene Loiseau con la colaboración de Fernan Agüero (Universidad de San Martín), Norberto Iusem y los docentes auxiliares Lic. Cristian Rocha, Lic. Rocío Romero Zaliz, Lic. Viviana Cotik.

CONSIDERANDO:

lo actuado por la Comisión de Doctorado de esta Facultad
lo actuado por la Comisión de Investigación, Publicaciones y Postgrado,
lo actuado por este Cuerpo en la sesión realizada en el día de la fecha,
en uso de las atribuciones que le confiere el Artículo 113° del Estatuto Universitario,

**EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD DE
CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES
RESUELVE:**

Artículo 1°: Autorizar el Dictado del Curso de Posgrado "**Introducción a la Biología Computacional**" de 96 hs. de duración.-

Artículo 2°: Aprobar el Programa del Curso de Posgrado "**Introducción a la Biología Computacional**".

Artículo 3°: Aprobar un puntaje de tres (3) puntos para la Carrera del Doctorado.

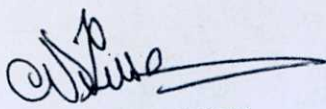
Artículo 4°: Aprobar un arancel de 20 Módulos. Disponer que los montos recaudados serán utilizados conforme a lo dispuesto por Resolución CD N° 072/03.

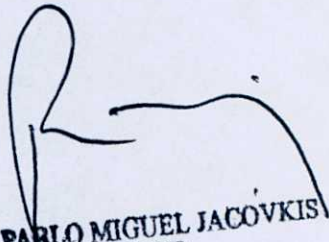
Artículo 5°: Comuníquese al Director del Departamento de Computación, a la Biblioteca de la FCEyN, a la Biblioteca de la FCEyN y a la Subsecretaría de Postgrado (con fotocopia del Programa incluido)

Artículo 6°: Comuníquese a la Universidad de Buenos Aires y a la Dirección de Alumnos (sin fotocopia del Programa).

Resolución CD N°

2447


Dr. NORBERTO D. IUSEM
Secretario de Investigación


Dr. PABLO MIGUEL JACOVKIS
DECANO