

481 689



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 Agüero, Universidad de San Martín, Norberto Iusem,
Prof. Depto. FBMC, FCEN, UBA

AUXILIARES: Lic. Cristian Rocha-Lic. Rocío Romero Zaliz-Lic. Viviana Cotik

4.- CARRERA de DOCTORADO

5.- AÑO: 2006..... CUATRIMESTRE/S: **2° 2006**

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:

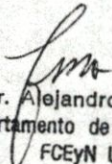
1. Conceptos básicos de biología molecular e introducción a los recursos biológicos. Arquitectura de proteínas. Introducción a la estructura DNA. Genética. Visión de los objetivos del proyecto Genoma. Incumbencias de la bioinformática. Glosario de términos genéticos.
2. Nociones básicas de algoritmos 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-expresion y regulación de genes.
8. MICROARRAY. Métodos de analisis 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 Inteligence 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.


Dr. Alejandro N. Rios
Departamento de Computación
FCEyN UBA

INGRESADO

| | |
|--|-------|
| UNIVERSIDAD DE BUENOS AIRES | |
| FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES | |
| ENTRO | SALIO |
| 13 FEB. 2006 | |