



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Departamento de Química Biológica

DEPARTAMENTO DE QUÍMICA BIOLÓGICA

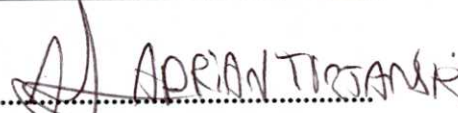
CURSO DE POSTGRADO O SEMINARIO

AÑO: 2011

- 1) NOMBRE DEL CURSO/SEMINARIO: ~~Introducción a la Bioinformática Molecular~~
- 2) NOMBRE Y APELLIDO DEL RESPONSABLE: Turjanski Adrian
- 3) DOCENTES QUE COLABORAN EN EL DICTADO DEL CURSO: Marcelo Marti, Nicolas Pregi.
- 4) FECHA DE INICIACIÓN: 23-03-2011 FECHA DE FINALIZACION: 8-07-2011
- 5) CANTIDAD DE HORAS TOTALES DE DICTADO: 120
 - a) TEORICAS:
 - b) SEMINARIOS:
 - c) LABORATORIO:
 - d) CLASES TEORICAS-PRACTICAS: 120
- 6) FORMA DE EVALUACIÓN: 2 Parciales
- 7) LUGAR DE DICTADO: Laboratorios de Computacion
- 8) PUNTAJE QUE OTORGA PARA EL DOCTORADO: 5
- 9) Nº DE ALUMNOS: Mínimo: 5 Máximo: 40
- 10) ARANCEL PROPUESTO: 20
- 11) PROGRAMA ANALÍTICO Y BIBLIOGRAFÍA DEL CURSO: Adjuntado


.....
VºBº Del Departamento


Dra. ADALI PECCI
DIRECTORA
Dpto. QUÍMICA BIOLÓGICA
F.C.E. y N. - U.B.A.


.....
Firma del Responsable


.....
VºBº de la Subcomisión de Doctorado

no folia

3


Usin
Fechados



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Departamento de Química Biológica
Pabellón II 4° piso, Ciudad Universitaria
(1428) Buenos Aires, Argentina

PROGRAMA ANALÍTICO – ~~Bioinformática Molecular~~ Bioinformática

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,



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Departamento de Química Biológica
Pabellón II 4° piso, Ciudad Universitaria
(1428) Buenos Aires, Argentina

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.



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Departamento de Química Biológica
Pabellón II 4° piso, Ciudad Universitaria
(1428) Buenos Aires, Argentina

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 expresion, 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.



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Departamento de Química Biológica
Pabellón II 4° piso, Ciudad Universitaria
(1428) Buenos Aires, Argentina

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.



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Referencia Expte. N° 495.500/2008

Buenos Aires, 25 JUL 2011

VISTO:

la nota de fecha 23/02/2011 presentada por la Dra. Adali Pecci Directora del Departamento de Química Biológica, mediante la cual eleva al Señor Decano información del curso de posgrado **BIOINFORMÁTICA**, que dicta el Dr. Adrián Turjanski; en el primer cuatrimestre de 2011 (23/03/2011 al 08/07/2011) en el Departamento de Química Biológica con la colaboración de Marcelo Martí y Nicolás Pregi

CONSIDERANDO:

lo actuado por la Comisión de Doctorado de la FCEN del 21/06/2011

lo actuado por la Comisión de Enseñanza, Programas, Planes de Estudio y Posgrado,

lo actuado por este cuerpo en Sesión Ordinaria realizada en el día de la fecha,

en uso de las atribuciones que le confiere el Artículo N° 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 **BIOINFORMÁTICA**, de 120 hs. de duración.

Artículo 2°: Aprobar el programa (obrante a fs 22) del curso de posgrado **BIOINFORMÁTICA**

Artículo 3°: Ratificar un puntaje máximo de cinco (5) puntos para la Carrera del Doctorado.

Artículo 4°: Aprobar un Arancel de 20 Módulos. Disponer que los fondos recaudados por el dictado del curso deberán ser utilizados según lo dispuesto en la Resolución 072/2003.

Artículo 5°: Comuníquese a la Dirección del Departamento de Química Biológica, a la Subsecretaría de Postgrado y a la Biblioteca de la FCEN con fotocopia del programa incluida. Cumplido Archívese.

Resolución CD N°
SP/med/21/06/2011

1727

u

Dr. JAVIER LÓPEZ DE CASENAVE
SECRETARIO ACADEMICO

Dr. JORGE ALIAGA
DECANO