



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

CO - 2489 - 16.

DEPARTAMENTO DE QUÍMICA BIOLÓGICA

CURSO DE POSTGRADO O SEMINARIO

AÑO: 2016

- 1) NOMBRE DEL CURSO/SEMINARIO: Bioinformatica
- 2) NOMBRE Y APELLIDO DEL RESPONSABLE: Adrian Turjanski/Marcelo Marti
- 3) DOCENTES QUE COLABORAN EN EL DICTADO DEL CURSO: Patricio Craig/Ana Cahuerff
- 4) FECHA DE INICIACIÓN: 8/03/2016 FECHA DE FINALIZACION: 8/07/2016
- 5) CANTIDAD DE HORAS TOTALES DE DICTADO: 96
 - a) TEORICAS:
 - b) SEMINARIOS:
 - c) LABORATORIO:
 - d) CLASES TEORICAS-PRACTICAS: 96
- 6) FORMA DE EVALUACIÓN: 2 Parciales
- 7) LUGAR DE DICTADO: Aula de la facultad/Laboratorio de Computacion
- 8) PUNTAJE QUE OTORGA PARA EL DOCTORADO: 5
- 9) Nº DE ALUMNOS: Mínimo: 5 Máximo: 30
- 10) ARANCEL PROPUESTO: 600 módulos
- 11) PROGRAMA ANALÍTICO Y BIBLIOGRAFÍA DEL CURSO:
PROGRAMA ANALÍTICO – 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, 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

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 NGS: 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.

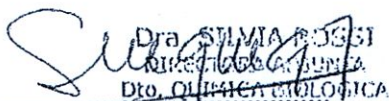
Interacción proteína-ligando: Docking proteína ligando: (Caso real inhibición Kinasas). Comparación de algoritmos.

BIBLIOGRAFIA

- e) Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. Andreas D. Baxevanis, B. F. Francis Ouellette.
- f) Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. David W. Mount.
- g) Structural Bioinformatics (Methods of Biochemical Analysis, V. 44) Philip E. Bourne, Helge Weissig
- h) Developing Bioinformatics Computer Skills. Cynthia Gibas, Per Jambeck.

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

- i) Statistical Methods in Bioinformatics. Warren J. Ewens, Gregory R. Grant
- j) Protein Structure Prediction - A Practical Approach, M. J. E. Sternberg editor, Oxford University Press, 1996.
- k) Introduction to Protein Structure, C. Branden and J. Tooze Garland Publishing, Inc. New York and London, 1999.

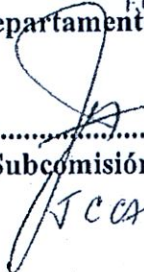

Dra. SILVIA BOGGI
DIRECTORA GENERAL
Dpto. QUÍMICA BIOLÓGICA
F.C.E.N. - U.B.A.

.....
VºBº Del Departamento



.....
Firma del Responsable

.....
VºBº de la Subcomisión de Doctorado


JCCAW

