

BT750/CC72F: **Bioinformática**

Introducción: La información obtenida a partir de la secuenciación de varios genomas bacterianos y eucariontes, en conjunto con la tecnología de análisis de expresión génica a gran escala desarrollada en los últimos años, ha generado un cambio radical en la forma de estudiar muchos fenómenos biológicos. La bioinformática es la metodología computacional que ha venido a organizar, analizar e interpretar la gran cantidad de datos que actualmente se están generando en este campo.

Descripción: Curso teórico-práctico destinado a alumnos de Postgrado en Ciencias de la Computación, Ingeniería, Biología y de últimos años de licenciatura de programas afines.

Objetivo: Entregar fundamentos computacionales, matemáticos y biotecnológicos para el análisis e interpretación de secuencias de macromoléculas biológicas.

Metodología: 12 clases teóricas (ó teórico-prácticas), 1 seminario y 2 pruebas parciales, 15 sesiones en total. Examen optativo.

Horario y Lugar: Miércoles de 4:15 a 7:15PM en la Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas, Blanco Encalada 2120, sala a anunciarse.

Evaluación: 2 pruebas parciales (70 %) y notas por tareas asignadas en clases teóricas (30 %). Ambas evaluaciones deberán ser aprobadas en forma independiente.

Coordinador: - Juan A. Asenjo (Ingeniería)

Profesores: - **Fc. Ingeniería:** Juan A. Asenjo, Ricardo Baeza, Alvaro Olivera, Iván Rapaport
- **Fc. Ciencias:** Octavio Monasterio, Herman Silva, Carlos Jeréz, José Jaime Arbildua
- **INTA:** Mauricio Gonzalez

Profesor Auxiliar: Fernando Reyes (fereyes@ing.uchile.cl)

Calendario **(23/7/2004)**

versión

CLASE Nº	DÍA	Título	Resumen de Contenidos	Profesor
1	28.07	Presentación y generalidades.	-¿Para qué hacemos bioinformática?. Organización del curso. Genómica y Proteómica. Descripción de algunos recursos en la WWW.	JAA y AO (Ing)
2	04.08	Revisión de biología molecular y Proyecto Genoma	- Revisión breve de conceptos básicos en biología molecular. - Aplicación de Bioinformática al Proyecto Genoma Vegetal.	HS (Bio)
3	11.08	Fundamentos informáticos I	-Similitud, identidad y homología entre secuencias. Alineación de una secuencia contra una base de datos. -Rutinas de programación dinámica. Nociones sobre algoritmos y matrices para alineación. Dotplots. Matrices que asignan puntaje y penalización. PAM, BloSum, otras. - Nociones de ensamblaje de fragmentos de secuencias. Alineación múltiple. Alineación global y local.	RBY (Ing)
4	18.08	BD Biológicas, BLAST (NCBI) y otras herramientas	- Estructura y manejo de bases de datos. Reportando una secuencia. Entrez, SRS Genbank, PDB, Swissprot, otros. -Usos y comparación entre BlastP, BlastN, BlastX,	AO (Ing)

			TblastN y Psi-Blast. (Otros...)	
5	25.08	Fundamentos informáticos II	- ¿Para qué comparamos varias secuencias entre sí? Filtración y secuencias de baja complejidad. Ensamblaje de fragmentos - Secuencias homólogas, ortólogas y parálogas. - Construcción de árboles filogenéticos. Distancias.	RBY (Ing)
6	01.09	Prediciendo la función de una macromolécula. Bases de datos de clasificación estructural	- ¿Para qué estudiamos estructura de macromoléculas? Conceptos elementales sobre estructura de proteínas y ácidos nucleicos. Métodos experimentales. - Las bases SCOP, CATH, FSSP, NDB. Características	OM (Bio)
7	08.09	PRIMERA PRUEBA PARCIAL		
8	22.09	Modelaje de estructuras y de unión de ligandos a macromoléculas	- Termodinámica y cinética del plegamiento de macromoléculas. Modelaje estructural comparativo. Minimización de energía. Dinámica molecular.	OM (Bio)
9	29.09	SEMINARIO	El programa Modeller de la RU. Aplicaciones	JJA (Bio)
10	13.10	Fundamentos informáticos III	-Rearreglos de genomas -Predicción de estructura secundaria -Calculando con ADN	RBY(Ing)
11	20.10	Realizando un análisis celular global	Proteómica. Proyectos de secuenciación de genomas. Anotación y “ <i>data mining</i> ”. Recursos WWW para predecir organización y estructura de genes.	CJ (Bio)
12	27.10	Aplicaciones en biotecnología	Ingeniería de proteínas. Mutagénesis sitio-dirigida en base a modelos 3-D obtenidos de secuencia, homología y bases de datos. Ingeniería metabólica: uso de microarrays para validar análisis de flujo metabólico en síntesis de proteínas.	JAA (Ing)
13	3.11	Tópicos avanzados	Algoritmos para encontrar señales en secuencias de ADN	IR (Ing)
14	10.11	Tecnologías de análisis a gran escala	Expresión global de genes. Microarrays y Macroarrays. El programa MAExplorer del NCI	MG (INTA)
15	17.11	SEGUNDA PRUEBA PARCIAL		
16	24.11	EXAMEN		

e-Mail alumnos:

mleyton@dcc.uchile.cl, triquelm@dim.uchile.cl, gespinoz@dim.uchile.cl, tcorrea@cec.uchile.cl, gcabrera@cec.uchile.cl, jacevedc@puc.cl