

### PROGRAMA DE CURSO

<b>Código</b>	<b>Nombre</b>			
BT750	Bioinformática			
<b>Nombre en Inglés</b>				
Bioinformatics				
<b>SCT</b>	<b>Unidades Docentes</b>	<b>Horas de Cátedra</b>	<b>Horas Docencia Auxiliar</b>	<b>Horas de Trabajo Personal</b>
6	10	3	0	7
<b>Requisitos</b>			<b>Carácter del Curso</b>	
CC30A/Autor			Electivo	
<b>Resultados de Aprendizaje</b>				
El alumno que apruebe el curso será capaz de formular soluciones a los problemas más básicos que se tratan en bioinformática, justificar su motivación biológica, y evaluar las soluciones algorítmicas más conocidas, así como las herramientas bioinformáticas más importantes disponibles.				
<b>Metodología Docente</b>			<b>Evaluación General</b>	
Clases teóricas y trabajo práctico del alumno.			Un examen teórico y un trabajo práctico individual, ponderados 50% y 50%, que deben aprobarse separadamente.	

## Unidades Temáticas

Número	Nombre de la Unidad	Duración en Semanas
1	Conceptos básicos de biología molecular	1.5
Contenidos	Resultados de Aprendizajes de la Unidad	Referencias a la Bibliografía
Vida. Proteínas. Ácidos nucleicos (ADN, ARN). Los mecanismos de la genética molecular. Cómo se estudia el genoma. Bases de datos de secuencias.	Analizar los conceptos elementales de biología necesarios para adquirir elementos de bioinformática.	[1] Cap 1. [2] Cap 1. [3] Cap 1.

Número	Nombre de la Unidad	Duración en Semanas
2	Conceptos básicos de computación	1.5
Contenidos	Resultados de Aprendizajes de la Unidad	Referencias a la Bibliografía
Repaso al concepto de algoritmo y programa. Seudocódigo, estructuras de datos y recursión. Cadenas, hashing, secuencias, árboles y grafos.	Comprender los conceptos elementales de computación necesarios para adquirir elementos de bioinformática.	[1] Cap 2. [2] Cap 8,

Número	Nombre de la Unidad	Duración en Semanas
3	Comparación y búsqueda de secuencias	1.5
Contenidos	Resultados de Aprendizajes de la Unidad	Referencias a la Bibliografía
Formas de comparar secuencias (global, local, semiglobal). Algoritmos básicos y extensiones. Comparación de múltiples secuencias. Matrices PAM, heurísticas FAST y BLAST.	Utilizar los algoritmos básicos de alineamiento de secuencias y búsqueda de homologías.	[1] Cap 3. [2] Cap 8-10 [3] Cap 6-7.

Número	Nombre de la Unidad	Duración en Semanas
4	Ensamblado de fragmentos de ADN	1.5
Contenidos	Resultados de Aprendizajes de la Unidad	Referencias a la Bibliografía
Significado biológico. Modelos. Algoritmos. Heurísticas.	Distinguir los conceptos de ensamblado de ADN y los algoritmos que se utilizan.	[1] Cap 4. [2] Cap 7. [3] Cap 2.

Número	Nombre de la Unidad	Duración en Semanas
5	Mapeo físico de ADN	1.5
Contenidos	Resultados de Aprendizajes de la Unidad	Referencias a la Bibliografía
Significado biológico, Modelos, Algoritmos, Heurísticas.	Distinguir los conceptos de mapeo físico de ADN y los algoritmos que se utilizan.	[1] cap 5. [2] Cap 6. [3] Cap 3-4.

Número	Nombre de la Unidad	Duración en Semanas
6	Árboles filogenéticos	2
Contenidos	Resultados de Aprendizajes de la Unidad	Referencias a la Bibliografía
Significado biológico. Caso de caracteres binarios. Caso de dos caracteres. Parsimonia y compatibilidad. Algoritmos para matrices de distancias. Acuerdo entre filogenias.	Justificar la motivación del problema de reconstruir árboles filogenéticos y los algoritmos que se utilizan,	[1] cap 6. [2] Cap 14.

Número	Nombre de la Unidad	Duración en Semanas
7	Reorganización de Genomas	1.5
Contenidos	Resultados de Aprendizajes de la Unidad	Referencias a la Bibliografía

Significado biológico. El caso de bloques orientados. El caso de bloques no orientados.	Comprender la motivación de los problemas de reorganización de genomas y los algoritmos que se utilizan,	[1] cap 7. [2] Cap 10.
---	--	---------------------------

Número	Nombre de la Unidad	Duración en Semanas
8	Predicción de estructura molecular	1
Contenidos	Resultados de Aprendizajes de la Unidad	Referencias a la Bibliografía
Significado biológico. Predicción de la estructura secundaria del ARN. El problema de plegado de proteínas. Threadins de oroteínas.	Comprender la motivación de los problemas de predicción de estructura molecular y los algoritmos utilizados.	[1] cap 8. [2] Cap 13.

Número	Nombre de la Unidad	Duración en Semanas
9	Herramientas Bioinformáticas	1
Contenidos	Resultados de Aprendizajes de la Unidad	Referencias a la Bibliografía
Bases de datos públicas de ADN (ej. GenBank), de proteínas (ej. Swissprot), y otras herramientas bioinformáticas para búsqueda en secuencias, predicción de estructura, visualización, etc.	Conocer las herramientas y bases de datos más importantes para solución de problemas bioinformáticos.	[1] cap 8.

### Bibliografía General

- [1] Joao Setubal and Joao Meidanis. Introduction to Computational Molecular Biology. PWS Publishing Company, 1997.
- [2] Michael Waterman. Introduction to Computational Biology. Chapman & Hall, 1995.
- [2] Pavel Pevzner. Computational Molecular Biology. MIT Press, 2000.

Vigencia desde:	2010/2
Elaborado por:	
Revisado por:	Gonzalo Navarro