



Universidad de Santiago de Chile
Facultad de Química y Biología
Departamento de Biología



PROGRAMA DE DOCTORADO EN BIOTECNOLOGIA

CURSO: "TÓPICOS AVANZADOS DE BIOINFORMÁTICA Y BIOTECNOLOGÍA APLICADA"

AÑO 2012

Coordinador: Dr. Rodrigo Vidal Soto; email: ruben.vidal@usach.cl

Horario: A definir a comienzos de Semestre

Objetivos del curso: Entregar herramientas teóricas y prácticas de bioinformática para su aplicación en diversas áreas de la biotecnología. Objetivos específicos del curso: Entregar conocimientos básicos y avanzados para el manejo y análisis de bases de datos biológicas, secuencias de proteínas y ADN, genética de poblaciones, filogenética, diversidad y evolución molecular, modelado de proteínas, anotación genómica, proyectos de secuenciación, genómica funcional y proteómica

Modalidad: Se realizarán sesiones teóricas y prácticas, por cada tópico.

Evaluación: Se realizarán dos pruebas teórico-prácticas de ponderación 30% cada una, más una nota correspondiente al promedio de tareas, presentaciones e informes de los prácticos con una ponderación de 40 %. La nota mínima de aprobación del curso corresponde a 4,0. Previo a cada tópico, el profesor, si lo estima necesario, asignará artículos de lectura obligatoria.

1- Introducción a la bioinformática y a la biotecnología aplicada. Bases de datos biológicas.

Introducción a la bioinformática, definición y solución de un problema bioinformático, aspectos generales de biología molecular y líneas de investigación actuales en

bioinformática. Uso avanzado de Entrez y SRS, bases de datos de secuencias, análisis de estructura primaria de proteínas.

2- Alineamiento de pares de secuencias y Genomas

Conceptos generales de alineamientos de secuencias. Concepto de homología. Programación dinámica. Dotplot. Alineamiento de a pares, global y local. Algoritmos de alineamiento (Smith-Waterman y Needleman-Wunsch). Matrices de sustitución. Gaps y penalidades. Programación heurística. Algoritmos Fasta y Blast. Significado estadístico de un alineamiento

3- Mecánica molecular, dinámica molecular y modelado por homología - Métodos de simulación de docking proteína-ligando.

Introducción a los principales métodos de cálculos utilizados en simulación molecular de proteínas, campos de fuerza, topología de aminoácidos. Estrategias de cálculo para construir modelos de estructuras de proteínas sin información estructural de datos cristalográficos. Uso del programa MODELLER. Introducción a los principales algoritmos de docking: Monte Carlo, Algoritmo Genéticos y Algoritmo Genético Lamarckiano. Uso de los programas Autodock e ICM.

4- Anotación genómica

Introducción al genoma, secuenciamiento de genomas, alineamientos de genomas, anotación genómica

5- Filogenómica y genómica comparativa

Mecanismos de evolución molecular, modelos de sustitución de DNA y proteínas, reconstrucción de árboles filogenéticos (métodos basados en distancias, parsimonia, maximum likelihood, técnicas bayesianas), modelos avanzados de sustitución de nucleótidos, análisis estadístico de hipótesis biológicas.

6- Transcriptómica y genómica funcional

Mecanismos de expresión y regulación génica en eucariontes. Real time PCR. Conceptos generales de microarrays, análisis de bases de datos de microarrays. Aplicaciones Biotecnológicas.

Online Reference

References compiled by Sándor Pongor, Subbiah Parthasaraty and Kristian Vlahovišek for the course: "Bioinformatics: Computer methods in molecular biology" Trieste, Italy, (1998)
<http://www.icgeb.trieste.it/net/courseware/biorithms/chapter3.htm>

Some References in Computation Molecular Evolution
compiled by William R. Atchley and Jeffrey Thorne
North Carolina State University
<http://dexter.gnets.ncsu.edu/lab/References.html>

SeqAnalRef: The Sequence analysis bibliographic reference database
Swiss Institute of Bioinformatics, Geneva, Switzerland
<http://expasy.hcuge.ch/sprot/seqanalr.html>

ExPasy list of books on bioinformatics
Swiss Institute of Bioinformatics, Geneva, Switzerland
<http://www.expasy.ch/seqanalref/bioinfbo.html>

References from the course "Principles of Protein Structure Using the Internet"
Birkbeck College, London, UK
<http://www.pdb.bnl.gov/PPS2/course/refs.html>

Book References

- Kanehisa, M. [2000]. Post-Genome Informatics. Oxford University Press.
- Campbell, A.M. and L.J. Heyer [2006]. Discovering Genomics, Proteomics and Bioinformatics (2nd Edition). Benjamin Cummings.
- Palsson, B.O. [2006]. Systems Biology : Properties of Reconstructed Networks. Cambridge University Press.
- Gentleman, R., V. Carey, W. Huber, R. Irizarry, S. Dudoit (Eds.) [2005]. Bioinformatics and Computational Biology Solutions Using R and Bioconductor. Springer.
- Baldi. P. and S. Brunak [2001]. Bioinformatics: The Machine Learning Approach (second edition). MIT Press.
- Wada, A. [2000]. Bioinformatics: the necessity of the quest for 'first principles' in life. Bioinformatics. V. 16, pp. 663-664.