

## 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**

<b>CLASE Nº</b>	<b>DÍA</b>	<b>Título</b>	<b>Resumen de Contenidos</b>	<b>Profesor</b>
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	<b>Fundamentos informáticos II</b>	- ¿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	<b>Prediciendo la función de una macromolécula.</b> <b>Bases de datos de clasificación estructural</b>	- ¿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	<b>PRIMERA PRUEBA PARCIAL</b>		
8	22.09	<b>Modelaje de estructuras y de unión de ligandos a macromoléculas</b>	- Termodinámica y cinética del plegamiento de macromoléculas. Modelaje estructural comparativo. Minimización de energía. Dinámica molecular.	OM (Bio)
9	29.09	<b>SEMINARIO</b>	El programa Modeller de la RU. Aplicaciones	JJA (Bio)
10	13.10	<b>Fundamentos informáticos III</b>	-Rearreglos de genomas -Predicción de estructura secundaria -Calculando con ADN	RBY(Ing)
11	20.10	<b>Realizando un análisis celular global</b>	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	<b>Aplicaciones en biotecnología</b>	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	<b>Tópicos avanzados</b>	Algoritmos para encontrar señales en secuencias de ADN	IR (Ing)
14	10.11	<b>Tecnologías de análisis a gran escala</b>	Expresión global de genes. Microarrays y Macroarrays. El programa MAExplorer del NCI	MG (INTA)
15	17.11	<b>SEGUNDA PRUEBA PARCIAL</b>		
16	24.11	<b>EXAMEN</b>		

e-Mail alumnos:

[mleyton@dcc.uchile.cl](mailto:mleyton@dcc.uchile.cl), [triquelm@dim.uchile.cl](mailto:triquelm@dim.uchile.cl), [gespinoz@dim.uchile.cl](mailto:gespinoz@dim.uchile.cl), [tcorrea@cec.uchile.cl](mailto:tcorrea@cec.uchile.cl), [gcabrera@cec.uchile.cl](mailto:gcabrera@cec.uchile.cl), [jacevedc@puc.cl](mailto:jacevedc@puc.cl)