

PROGRAMA DE CURSO

Código	Nombre			
CC5702	Bioinformática			
Nombre en Inglés				
Bioinformatics				
SCT	Unidades Docentes	Horas de Cátedra	Horas Docencia Auxiliar	Horas de Trabajo Personal
6	10	3	0	7
Requisitos			Carácter del Curso	
CC30A / Autor				
Resultados de Aprendizaje				
<p>El alumno que apruebe el curso comprenderá los problemas más básicos que se tratan en bioinformática, su motivación biológica, las soluciones algorítmicas más conocidas, y las herramientas bioinformáticas más importantes disponibles.</p>				

Metodología Docente	Evaluación General
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.	Comprender 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	3	
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.		Comprender 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	2	
Contenidos		Resultados de Aprendizajes de la Unidad	Referencias a la Bibliografía
Significado biológico. Modelos. Algoritmos. Heurísticas.		Comprender 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.		Comprender 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.		Comprender 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. [3] 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. Threading de proteínas.		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.	[2] Cap 8.

Bibliografía	
[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:	Gonzalo Navarro