

FORMULARIO DE PRESENTACIÓN DE CURSOS DE POSGRADO

1.1. Indique la denominación del curso propuesto:

Bioinformática

1.2. Inserto en una carrera de posgrado

Sí

No

1.3. En caso de que el curso ya sea dictado en otra carrera indique la siguiente información:

Carrera	Tipo de dictado	Modalidad	Carácter

2. Equipo docente.

2.1. Responsable a cargo.

Apellido: Bustos

Nombre: Diego Martin

Correo electrónico: dbustos@mendoza-conicet.gob.ar

2.2. Integrantes del equipo docente (repetir cuantas veces sea necesario)

Apellido: Barrera

Nombre: Exequiel Ernesto

Correo electrónico: exequielerbar@gmail.com

3. Fecha probable de dictado

Semestre

~~1er~~

2do

mes: Septiembre a Noviembre

4. Número máximo y mínimo de alumnos

Max: 10 Min: 1

5. Carga horaria propuesta

5.1. Exprese la carga horaria relacionada al dictado de la actividad en horas reloj.

Modalidad	Carga teórica	Carga práctica	Total	Porcentaje
-----------	---------------	----------------	-------	------------

Presencial	16	16	32	75
No presencial	0	10	10	25
Total	16	16	42	

6. Objetivos (máx. 2000 caracteres).

Se espera que los alumnos adquieran un conocimiento general de los conceptos, problemas y desafíos de la bioinformática actual, y que adquieran las herramientas básicas para desarrollar investigación en ese campo de las ciencias biológicas y la interrelación con otras disciplinas biológicas. A su vez se espera introducir al alumno en las aplicaciones de la bioinformática que se emplean en el entorno biológico. Para ello en el curso se realizará un recorrido por los diferentes conceptos y especialidades de la biología molecular y genética.

7. Contenidos (máx. 2000 caracteres).

Unidad 1: Introducción a la Bioinformática

Aspectos básicos de los sistemas biológicos. Fundamentos de química y biología aplicables a la bioinformática. Concepto de Genética. Código genético. Traducción y transcripción genética. Fundamentos de Biología Molecular. Concepto de ADN.

Unidad 2: Bases de datos en bioinformática

Revisión de conceptos de bases de datos. Modelo jerárquico. Modelo en red. Modelo orientado a objetos. Modelo declarativo. Descomposición y normalización. Biología de visualización de datos. Bases de datos biológicas.

Unidad 3: Secuencias de ADN

Concepto de secuencias. Análisis de secuencias. Formato FASTA. Secuencias reguladoras. BLAST y NCBI Entrez. Algoritmos genéticos. Algoritmos de clustering. Secuenciación masiva de genomas. FASTq.

Unidad 4: Genes

Características del código genético. Splicing. Marco abierto de lectura. Modelos estocásticos. Modelo oculto de Markov. Predicción de genes. Browser de genomas.

Unidad 5: Secuencias y proteínas

Alineamiento de secuencias local/global. Alineamiento múltiple de secuencias. Clustal Omega. Transcripción/traducción "in silico". Proteínas y proteómica. UNIPROT

Unidad 6: Árboles filogenéticos

Métodos de construcción de árboles filogenéticos, neighbor-joining, máxima parsimonia, máxima verosimilitud.

Unidad 7: Estructuras biológicas

Estructura de ADN. Estructura del ARN. Estructura de proteínas. Protein Data Bank. Folding de proteínas. Alineamiento de estructuras. Modelado por homología. Alpha fold, colab-fold.

Unidad 8: Dinámica molecular

Campos de fuerzas "all atoms", grano grueso. Caja de reacción. Condiciones periódicas. VMD. Análisis de trayectorias de dinámicas moleculares.

8. Describa las actividades prácticas desarrolladas, indicando lugar donde se

desarrollan y modalidad de supervisión (Si corresponde). (máx.2000 caracteres)

Las clases prácticas se realizarán en simultáneo a las clases teóricas, las cuales se desarrollarán en el aula de informática de la Fac de Cs Exactas y Naturales. La supervisión se realizará por parte de los docentes del curso.

9. Bibliografía propuesta (máx.2000 caracteres).

Bibliografía Básica

BIOINFORMATICS

A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins
Second Edition
Andreas D. Baxevanis
A John Wiley & sons, inc., Publication

Bibliografía Complementaria

BIOINFORMATICS:

Concepts, Methodologies, Tools, and Applications
Information Resources Management Association

STATISTICAL BIOINFORMATICS

A Guide for Life and Biomedical Science Researchers
Edited by
Jae K. Lee
A John Wiley & sons, inc., Publication

STATISTICAL BIOINFORMATICS WITH R

Sunil K. Mathur
University of Mississippi
Academic Press

10. Modalidad de evaluación y requisitos de aprobación y promoción (2000 caracteres)

Metodología de enseñanza: El curso consistirá de clases teórico/prácticas, y elaboración de trabajo final basado en un problema de cuya resolución requiera el uso de herramientas de bioinformática (10 horas no presenciales).

Evaluación: La evaluación se realizará en base al trabajo final.

Participar al menos del 80% de las clases teórico/prácticas y las discusiones de artículos, y aprobar el trabajo final con al menos el 60% del puntaje máximo posible.

11. Ingrese toda otra información que considere pertinente, incluidos requisitos específicos si corresponde (máx.1600 caracteres).