

Bioinformática: herramientas básicas y sus aplicaciones

(Curso de actualización)

Docente/s Responsable/s:

Dra. Ingrid Garbus (Dpto de Ciencias de la Salud)
Dra. Marina L. Díaz (Dpto de Biología, Bioquímica y Farmacia)

Carga Horaria del Curso:

20 hrs.

Destinatarios del Curso:

Licenciados en Biología
Bioquímicos
Licenciados en Computación
Ingenieros Agrónomos
Farmacéuticos
Profesores de Ciencias Naturales
Otros Profesionales de la Salud

Propuesta Sintética del Curso

(Objetivos, Contenidos, Modalidad, Evaluación, Etc.)

Objetivos:

- Familiarizar a los alumnos con los tipos de datos abordados por la Bioinformática, las bases de datos que los comprenden y el acceso mediante Internet a estas bases.
- Mostrarles las herramientas y estrategias generales usadas más frecuentemente en Bioinformática, así como los criterios empleados dentro de los objetivos particulares de investigación.
- Capacitarlos en el manejo de los programas y herramientas disponibles, con la posible aplicación a datos experimentales propios.

Contenidos:

Módulo 1: Conceptos básicos de Biología Molecular

Módulo 2: Herramientas de Bioinformática

Módulo 3: Análisis filogenético de datos moleculares

Módulo 4: Predicción de la estructura de proteínas.

Modalidad: Presencial

Evaluación: Se realizará una evaluación final teórico-práctica.

Programa Analítico y Bibliografía Sintética:

Módulo 1: Conceptos básicos de Biología Molecular:

Estructura del ADN, ARN y proteínas. Concepto de gen y estructura: secuencias regulatorias, exones e intrones. Código Genético: codones y repetitividad. Mutaciones. Métodos de secuenciación de ADN y proteínas: manuales y automáticos. Herramientas y Técnicas de Biología Molecular: PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa) y RT-PCR (Transcripción reversa-PCR), enzimas y mapas de restricción. Clonado de secuencias: vectores, genotecas de ADN genómico y ADN complementario. Softwares para el diseño de primers. Marcadores Moleculares.

Módulo 2: Herramientas de Bioinformática

Introducción a la Bioinformática: Experimentos *in vivo* e *in vitro* versus análisis *in silico*. Organización de las bases de datos biológicas. PubMed; Genbank; TAIR (The Arabidopsis Information Resource), DDBJ(DNA Data Bank of Japan). Búsqueda de secuencias en bases de datos. Servidores de acceso público (NCBI; EBI). Alineamiento de 2 secuencias (BLAST y sus derivados), parámetros de calidad del alineamiento: E-value y score. Alineamientos múltiples (Clustal W). Identificación de regiones conservadas. Gene Ontology (GO). Edición de secuencias: BioEdit. Ensamblado de secuencias: CAP3. Contigs, Singletons y Unigenes. Análisis de la expresión diferencial de genes (Test de Audic y Claverie).

Módulo 3: Análisis filogenético de datos moleculares

Introducción y conceptos generales del análisis Filogenético. Relación entre el alineamiento múltiple y el análisis filogenético. Métodos filogenéticos basados en la medición de distancias, Máxima Parsimonia y Máxima Verosimilitud. Construcción de árboles filogenéticos mediante el programa Mega 4 (Molecular Evolutionary Genetic Analysis). Confiabilidad de las predicciones filogenéticas: Prueba de bootstrap.

Módulo 4: Predicción de la estructura de proteínas.

Introducción a la predicción de la estructura de proteínas. Clasificación de proteínas. Niveles de estructura. Descripción de los componentes estructurales de proteínas. Análisis cristalográfico. Bases de datos de clasificación de estructuras. Introducción a los métodos de predicción de estructura de proteínas. Métodos 1D, 2D y 3D.

Bibliografía:

1. Brown T. (2008). Genomas. Editorial Médica Panamericana. Buenos Aires. 3er. Edición
2. Claverie J.M., Notredame C. (2003). Bioinformatics for dummies. Dummies Series, Wiley Publishing New York. USA.
3. Echenique V., Rubinstein C., Mroginski L (2004). Biotecnología y Mejoramiento Vegetal. Ediciones INTA. Buenos Aires.
4. Lemey P., Salemi M., Vandamme A. (2009). The phylogenetic Handbook. Cambridge University Press. Inglaterra
5. Watson J., Baker T., Bell S., Gann A., Levine M., Losick. (2006). Biología Molecular del Gen. Editorial Médica Panamericana. España. 5ta. Edición
6. Baxevanis A., Ouellette F. (2001). Bioinformatics. Wiley Interscience. New York. 2da. Edición USA.