

# Bioinformática

## Grupo de Bioinformática y Biocomputación

### Facultad de Ingeniería

### Universidad del Valle

Código:	750060	Créditos:	3
Tipo de asignatura:	Electiva Profesional	Horas / Semana:	3
Prerrequisito:	Ninguno	Validable:	Si
Tipo de programa:	Postgrado	Habilitable:	No

---

## JUSTIFICACIÓN

---

Bioinformática es una disciplina multidisciplinaria científica definida como la interacción entre dos ciencias: Biología y Computación. Involucra la solución de problemas complejos usando herramientas de sistemas y computación. También incluye la colección, organización, almacenamiento y recuperación de la información biológica que se encuentra en base de datos. Como resultados del análisis y modelado bioinformático se obtienen avances en la detección y tratamiento de enfermedades y la producción de alimentos genéticamente modificados, que puede ayudar a mejorar la condición y calidad de vida humana.

El presente curso introduce al estudiante a los conceptos básicos de la Bioinformática y Biología computacional. Haciendo uso de una siempre creciendo cantidad de datos genéticos y proteicos almacenados en bases de datos de acceso público, se introduce al estudiante a los procesos computacionales para la descripción, análisis y modelación de información biológica, que puede resultar en un mejor entendimiento de muchos procesos biológicos.

---

## OBJETIVOS

---

Introducir a los estudiantes a los conceptos, modelos y algoritmos bioinformáticos desde la perspectiva informática.

Al final del curso, el estudiante está en capacidad de:

- Entender el contexto biólogo en que se aplican los modelos y algoritmos.
- Saber utilizar lenguajes de programación orientados a la bioinformática (*Java—BioJava, Perl—BioPerl, Python—BioPython*)
- Entender el problema general de alineamiento, comparación y búsqueda de secuencias y abordarlo mediante los algoritmos correspondientes.
- Entender el fenómeno de alteraciones en los genes y en las proteínas que expresan y saber aplicar los modelos que permiten cuantificar estos cambios.
- Entender las relaciones filogenéticas entre conjuntos de secuencias y su uso en análisis bioinformáticos; conocer y aplicar los algoritmos que permiten la construcción de árboles filogenéticos

---

## CONTENIDO

---

### Introducción

- Algunos conceptos de la biología molecular
- La informática en la bioinformática
- Los lenguajes de propósito general en Bioinformática

### Alineamiento de secuencias y búsqueda de datos

- El problema de alineamiento
- El problema de búsqueda
- Algoritmos de alineamiento y búsqueda
- Perfiles

### Substitución de patrones

- Conceptos relacionados
- Modelos para la estimación de números de sustitución

### Métodos de la filogenética

- Concepto: árbol filogenético
- Métodos basados en distancias y de maximum likelihood
- Introducción al alineamiento de múltiples secuencias
- Métodos basados en características .

---

## METODOLOGÍA

---

El curso consiste de 3 horas semanales de clases teórico-prácticas. El texto Guía del curso es el libro “Fundamental concepts of Bioinformatics”. En el proyecto final, el estudiante lleva lo aprendido en el curso a la solución de un problema bioinformático, que debe comprender selección de datos, selección de modelos aplicación algorítmica e interpretación de los resultados.

---

## EVALUACIÓN

---

- 30 % Pruebas Individuales
- 40 % Proyecto de curso
- 30 % Controles de lecturas (Ensayos, pruebas cortas)

---

## BIBLIOGRAFÍA

---

- Krane, Dan E. & Raymer, Michael L. 2002. Fundamental Concepts of Bioinformatics. Ed. Benjamin Cummings. (Libro Guía)
- Bergeron, Bryan; 2002. Bioinformatics Computing. Prentice Hall
- Baldi P. & Brunak S.; 2001. Bioinformatics: the machine learning approach. Second edition, MIT Press, Cambridge, MA, 2001.
- Jones, Neil C. & Pevzner, Pavel A.; 2004 An Introduction to Bioinformatics Algorithms (Computational Molecular Biology)

- Durbin, Richard; Eddy, Sean R.; Krogh Anders; Mitchison, Graeme; 1998. *Biological Sequence Analysis: Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids*. Cambridge University Press. Cambridge, New York.
- Mount, David W.; 2004. *Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis*. Cold Spring Harbor Laboratory Press. Cold Spring Harbor, New York.
- Tisdall, James. 2001. *Beginning Perl for Bioinformatics*. O'Reilly, Sebastopol, CA.
- Tisdall, James. 2001. *Mastering Perl for Bioinformatics*. O'Reilly, Sebastopol, CA.