

PRONTUARIO

TÍTULO:	Introducción a la bioinformática molecular: estructura y función de proteínas
CODIFICACIÓN:	BIO 311
PRERREQUISITO:	BIO 223, INF 111; Requisito: Disponibilidad de computadora con acceso continuo al internet
CRÉDITOS:	3 créditos 45 horas contacto 1 término

DESCRIPCIÓN

Introducción a la aplicación y principios de la Bioinformática en el análisis de biomoléculas. El curso está diseñado para estudiantes subgraduados que interesan familiarizarse con las bases de datos y programas disponibles en el Internet para el análisis computacional de biomoléculas. El análisis computacional se hace en el contexto de estudios de casos donde se enfatiza las tecnologías de ADN recombinante y la metodología química en el proceso investigativo de proteínas involucradas en enfermedades. Actividades prácticas incluyen búsquedas de: 1) referencias primarias, 2) secuencias de ácidos nucleicos y proteínas, 3) alineamientos múltiples, 4) relaciones filogenéticas, y 5) dominios estructurales.

JUSTIFICACIÓN

El campo de la bioinformática re-conceptualiza la biología y representa un cambio de paradigma en términos de cómo se obtiene información de las moléculas. En vez de estudiar moléculas experimentalmente, la bioinformática aplica la “informática” (matemática, ciencias de cómputos, estadística) para comparar moléculas de interés con bases de datos de otras biomoléculas similares. La bioinformática se utiliza tanto en los sectores privados y públicos, por lo tanto es importante que nuestros estudiantes subgraduados obtengan entrenamiento en las destrezas cuantitativas y computacionales requeridas para hacer este tipo de análisis. Estudiantes entrenados en Bioinformática tienen una ventaja competitiva al solicitar estudios graduados y trabajo en estos sectores.

COMPETENCIAS

El curso desarrolla en el o la estudiante las siguientes competencias:

- **Cuestionamiento crítico**
- **Emprendimiento e innovación**
- **Investigación y exploración**
- **Comunicación**
- **Sentido ético y justicia social**

OBJETIVOS

Al finalizar el curso el o la estudiante será capaz de:

1. Utilizar programas y bases de datos disponibles para: a) Búsqueda de genes, b) Análisis de homología, c) Predicción de estructura 3D de proteínas, d) Establecer relaciones filogenéticas, etc.
2. Explicar las técnicas utilizadas en el estudio de genomas y proteomas (secuenciación, PCR, “western blots”, inmunofluorescencia, “microarrays”, MALDI-TOF, etc.)
3. Explicar los conceptos matemáticos y estadísticos que se utilizan en el análisis de genomas y proteomas.
4. Discutir la información que se obtuvo del Proyecto del Genoma Humano y sus aplicaciones.
5. Visualizar y analizar la estructura primaria, secundaria y tridimensional de proteínas utilizando programas de computadoras.
6. Desarrollar estrategias investigativas a través de la búsqueda comprensiva de referencias primarias (Pubmed y Pubmed Central) y bases de datos de la Bioinformática para estudiar problemas biomédicos.
7. Investigar los dominios estructurales, y ligandos (ej. Receptores, otras moléculas o proteínas de una proteína de importancia biomédica y relacionar estos con su función (y como se enlace con su ligando(s)).
8. Explicar las capacidades y limitaciones de los modelos de computadoras que existen para entender la organización y expresión de los genomas.
9. Analizar estudios de casos para apreciar cómo se utiliza la bioinformática para solucionar problemas biológicos (ecológicos, biomédicos, evolutivos, diseño de drogas, etc.) y para analizar sus aspectos éticos.

CONTENIDO

- I. Introducción a la Bioinformática Molecular
 - A. Metas y usos
 - 1. Bases de datos y “software”
 - 2. Análisis de genoma y proteínas
 - B. ¿Qué es bioinformática?
 - 1. Multidisciplinaria
 - 2. Ciencia de información
- II. Los bases de datos y sus usos
 - A. NCBI
 - 1. Medline
 - 2. Secuencias de proteínas
 - 3. Genoma
 - 4. Secuencias de nucleótidos
 - 5. Estructuras de moléculas
 - B. Bases de datos de bioinformática
 - 1. Gen Bank, EBI/EMBL
 - 2. SAGEMa, OMIM, KEGG
 - 3. NCI Bio Carta, BIND
 - C. Estudio de caso: “What’s wrong with my child”
 - 1. Pruebas para identificación de la condición
 - 2. Histología
 - 3. Análisis de ligamiento cromosómico
 - 4. Análisis de huella de ADN y cariotipo
 - D. Ejercicio utilizando OMIM
 - 1. Análisis
 - 2. Valor EE
 - E. Entendiendo la condición
 - 1. Características de la condición y las proteínas asociadas
 - 2. Nuevos pacientes
- III. Aminoácidos y proteínas
 - A. Introducción general de los aminoácidos
 - 1. Estructura química y tridimensional
 - 2. Propiedades químicas y enlace peptídico
 - B. Estudio de caso: “What’s wrong with my child”(cont)
 - 1. Análisis de secuencia de aminoácidos con NCBI
 - C. Estructura Proteica

1. Introducción general
 2. Biogénesis y maduración
 3. Visualización y estudio tridimensional de la proteína de la condición utilizando Cn3D. Estudio de caso: "What's wrong with my child" (cont)
- D. Análisis de variaciones genéticas en la estructura proteica de Hemoglobina
1. Estructura y homología
 2. Familias de genes
 3. Lipoproteínas
 4. Evolución de los genes
 5. Expresión de los genes durante el desarrollo humano
 6. Mutaciones y "Sickle RBC"
- IV. Adquisición y análisis de variaciones genéticas
- A. Secuenciación genómica
1. "genome shotgun"
 2. Electroforesis capilar
 3. Uso de Chromat
 4. Práctica de análisis de secuencias de DNA con Ensembl/Blast/BLAT
- B. Uso de internet para estudiar la estructura del gen eucariote
1. Transcripción función y estructura
- C. Genómica comparativa en evolución y medicina
1. Introducción al análisis filogenético
 2. Uso de programas para generar múltiple alineamiento y construir un árbol filogenético
- D. Variaciones genómicas
1. Polimorfismo
 2. Causas de la variabilidad
 3. Métodos para estudiar la diversidad
 - a) "DNA fingerprinting"
 4. Organización genómica eucariótica (Estudio de caso: "Why Can't Just Take a Pill to Lose Weight?")
- V. Proteómica
- A. Proteoma
 - B. Uso de MALDI-TOF
 - C. Interacciones proteicas
 - D. "Protein Arrays"
 - E. Estudio de caso: "Why Can't We Cure More Diseases?"
- VI. Investigación aplicada con "DNA microarrays"

- A. Análisis del genoma
- B. Expresión de genes

METODOLOGÍA

Se recomiendan las siguientes estrategias de la metodología de aprendizaje activo:

- Búsquedas e interpretación de información disponible en bases de datos y programas accesibles por el Internet
- Conferencia
- Trabajo en grupos
- Presentaciones de estudiantes
- Estudios de casos
- Trabajo investigativo escrito

EVALUACIÓN

Participación activa	10%
Exámenes cortos	60%
Presentación de Tecnología/ Metodología	10%
Trabajo escrito de investigación - trabajo final	<u>20%</u>
Total	100%

AVALÚO DEL APRENDIZAJE

Se aplica la rúbrica de avalúo institucional a la actividad central del curso.

BIBLIOGRAFÍA

TEXTO

Campbell, A. M., and Heyer, L. J. (2007). Discovering genomics, proteomics and bioinformatics (2nd ed.). San Francisco, California: Benjamin Cummings.

REFERENCIAS

Agostino, M. (2012). Practical bioinformatics. Taylor & Francis Publishing. Baxevanis, A. D., and Ouellette B. F. F. (2005). Bioinformatics: A practical guide to the analysis of genes and proteins (3rd ed.). Wiley Publishing.

- Claverie, J-M. (2006). *Bioinformatics for dummies* (2nd ed.). Wiley Publishing.
- Lengauer, T. (Ed.). (2007). *Bioinformatics: From genomes to therapies* (3 volumes set). Wiley.
- Mitra, S., & Acharya, T. (2003). *Data mining: Multimedia, soft computing, and bioinformatics [Digital Edition Version]*. Wiley-Interscience. Retrieved from <http://search.ebscohost.com/login.aspx?direct=true&db=nlebk&AN=99029&lang=es&site=ehost-live>
- Mount, D. W. (2001). *Bioinformatics: Sequence and genome analysis [Digital Edition Version]*. Cold Spring Harbor Laboratory Press. Retrieved from <http://search.ebscohost.com/login.aspx?direct=true&db=nlebk&AN=70041&lang=es&site=ehost-live>
- Voet, D., and Voet, G. (2010). *Biochemistry* (4th ed.). Wiley Publishing.
- Watson, J. D., Myers, R. M., Caudy, A. A., and Witkowski, J. J. (2007). *Recombinant DNA: Genes and genomes*. CSHL Press.
- Yadav, B. (2012). *Bioinformatics: A practical guide for molecular biologists*. Lambert Academic Publishing.
- Zvelebil, M., and Baum, J. O. (2008). *Understanding bioinformatics*. Garland Science.

REVISTAS

Bioinformatics – Oxford

BMC Bioinformatics – revista acceso abierto

BMC Genomics – revista acceso abierto

Briefings in Bioinformatics – Oxford

Briefings in Functional Genomics – Oxford

Computational Biology and Chemistry

Genome Biology – BMC (Bio-Medical Central)

Genome Research – (Cold Spring Harbor) CSH Press

Journal of Biomedical Informatics – Elsevier

Nucleic Acids Research – Oxford: revista acceso abierto

OMICS: A Journal of Integrative Biology – Mary Ann Leibert

PLOS Computational Biology – revista acceso abierto

Proteins: Structure, Function, Bioinformatics – Wiley

Proteomics

Puede encontrar más recursos de información relacionados a los temas del curso en la página de la biblioteca <http://biblioteca.sagrado.edu/>

ACOMODO RAZONABLE

Para obtener información detallada del proceso y la documentación requerida, debe visitar la oficina correspondiente. Para garantizar igualdad de condiciones, en cumplimiento de la Ley ADA (1990) y el Acta de Rehabilitación (1973), según enmendada, todo estudiante que necesite servicios de acomodo razonable o asistencia especial deberá completar el proceso establecido por la Vicepresidencia de Asuntos Académicos.

INTEGRIDAD ACADÉMICA

Esta política aplica a todo estudiante matriculado en la Universidad del Sagrado Corazón para tomar cursos con o sin crédito académico. Una falta de integridad académica es todo acto u omisión que no demuestre la honestidad, transparencia y responsabilidad que debe caracterizar toda actividad académica. Todo estudiante que falte a la política de honradez, fraude y plagio se expone a las siguientes sanciones: recibirá nota de cero en la evaluación y/o repetición del trabajo en el seminario, nota de F(*) en el seminario: suspensión o expulsión según se establece en el documento de Política de Integridad Académica con fecha de efectividad de noviembre 2022

CURSOS DE INVESTIGACIÓN

“Este curso puede requerir que los estudiantes practiquen tareas relacionadas al proceso de investigación, tales como: toma de consentimiento o asentimiento informado, administración de instrumentos, realización de entrevistas, observaciones o grupos focales, entre otros. Estas tareas son parte de un ejercicio académico y no se utilizará la información recopilada para compartirla con terceros o divulgar en otros escenarios que no sean el salón de clases junto al profesor que enseña el curso. Todo estudiante que vaya a interactuar con sujetos humanos como parte de su práctica en investigación tiene que estar certificado en ética con sujetos humanos en la investigación por el *Collaborative Institutional Training Initiative (CITI Program)*, al igual que su profesor”.

Derechos reservados | Sagrado | Noviembre, 2022 (2012)