

UNIVERSIDAD DISTRITAL FRANCISCO JOSÉ DE CALDAS
FACULTAD DE CIENCIAS Y EDUCACIÓN
PROYECTO CURRICULAR LICENCIATURA EN BIOLOGÍA
PROGRAMA ACADÉMICO

NOMBRE DEL DOCENTE: LUIS FRANCISCO BECERRA GALINDO

IDENTIFICACIÓN

CARRERA:	LICENCIATURA EN BIOLOGIA		
CAMPO:	FORMACION CIENTIFICA, INVESTIGATIVA, COMUNICATIVA		
NÚCLEO TEMÁTICO:	ELECTIVO –PROFUNDIZACION		
EJE TEMÁTICO:	FORMACIÓN PROFESIONAL		
ESPACIO ACADÉMICO:	Análisis Bioinformático de Secuencias Biológicas.		
CÓDIGO			CRÉDITOS
INTENSIDAD SEMANAL	HORAS TEÓRICAS	1	HORAS PRÁCTICAS
			2

INTRODUCCIÓN

El desarrollo científico, en lo teórico y lo metodológico, ha llevado a conformar una estructura de trabajo que se ha evidenciado en los procesos investigativos, teóricos y prácticos. Las ciencias naturales y biológicas han sido unas de las más estructuradas en este aspecto, y en las disciplinas biológicas. Dado el desarrollo de la bioinformática y la creciente dependencia que de esta tienen todos los investigadores que manejan datos biológicos, es importante que estén familiarizados con las herramientas disponibles y sus alcances. Es necesario para este tipo de investigadores comprender cómo localizar y usar sistemas de cómputo que faciliten el análisis de sus datos. El curso tendrá énfasis en las aplicaciones directas que derivan de la genómica y la bioinformática en el ámbito científico. Se abordará un amplio espectro de conceptos básicos y algunos conceptos avanzados de bioinformática, tanto de sus fundamentos como de sus aplicaciones. Se analizarán las principales herramientas bioinformáticas que involucren el análisis y predicción de secuencias, su estructura y función. Por tratarse de tecnologías informáticas es necesaria una aproximación teórico – práctica y al finalizar el curso los estudiantes estarán en capacidad de entender cómo las herramientas bioinformáticas pueden aplicarse para resolver problemas biológicos.

OBJETIVO GENERAL

- Comprender los conceptos de bioinformática, tanto de sus fundamentos como de sus aplicaciones.
- Adquirir una visión introductoria pero global sobre el estado del arte en análisis bioinformático y genómica estructural y funcional. Adquirir destrezas en programación básica para aplicaciones en bioinformática

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Explorar las principales herramientas bioinformáticas que involucren el análisis y predicción de secuencias, estructuras y función
- Entender cómo y cuándo usar las herramientas disponibles y a entender la teoría y algoritmos sobre los cuales éstas se basan, de manera que los alumnos puedan comprender cómo funcionan y ser capaces de realizar un análisis crítico, al estar en conocimiento de sus alcances y limitaciones.
- Conocer cómo se organizan las diversas bases de datos que contienen información biológica,

<p>en qué consisten los algoritmos utilizados para generarlas y cómo utilizar eficientemente las herramientas para extraer información útil a partir de ellas.</p> <ul style="list-style-type: none"> Los estudiantes tendrán una visión global de la importancia que ha tenido la integración de la biología y la informática, y el posible potencial para el futuro. Serán capaces de generar hipótesis y diseñar experimentos dirigidos a dilucidarlo a partir del análisis computacional de secuencias. 		
NUCLEOS PROBLÉMICOS		PREGUNTAS ORIENTADORAS
Presentación del programa, organización de grupos y desarrollo del tema. Que es Bioinformática?	¿ Cuales son los conceptos de bioinformática que se tiene en este momento en Colombia, a cuantas y cuales bases de Datos se pueden acceder, antecedentes ?	
Busqueda de Informacion en Bases de Datos de Importancia Biologica	Como se recuperan datos para analisis en base de datos de interes biologico ? Como y cuando debo recuperar o anotar una secuencia biologica? Que criterios se tienen en cuenta para la formulación de Alineamientos?	
Como se analizan secuencias Genomicas y proteomicas.	Que criterios se tienen en cuenta para el analisis de secuencias genomicas y proteomicas?	
Que pasos puedo seguir para el Análisis de Secuencias	Que Diseño debo seguir para solucionar un problema con secuencias Biologicas ?	
¿Qué son y cómo se interpretan arboles filogeneticos	Cuales son los Fundamentos esenciales de Filogenia y Árboles Filogenéticos:	
Cuales son las formas de Expresión de genomas	Como se lleva acabo el silenciamiento de genes	
Para que puedo Aplicar un analisis de Microarreglos	Cuales son los Fundamentos de Análisis de microarreglos Utilizacion en Medicina y Agricultura	
Es posible realizar analisis de Genómica comparativa	Como puedo establecer analisis Metabolomicos y Ortologia de Genes	
EXAMEN FINAL.	Sustencion de posibles propuestas de investigación.	
PROGRAMACIÓN POR SEMANAS ACADÉMICAS		
Semana 1	Presentación del programa, organización de grupos y desarrollo del temas para seminarios	
Semana 2	Genómica Genómica –introducción: Secuenciación de genomas y análisis	
Semana 3	Evolución de genomas y Variaciones Genómicas (introducción a los SNPs)	
Semana 4	Bioinformática y genomas (Bases de datos: ADN, proteínas (secuencia y estructura), genomas)	
Semana 5	Expresión de genomas: Introducción a los ESTs y técnicas de SAGE y microarreglos	
Semana 5	PRIMER PARCIAL	
Semana 6	Expresión de genomas: silenciamiento de genes, TILLING, phage display, Mutantes	
Semana 7	Aplicación de microarreglos: medicina y agricultura	
Semana 8	Análisis de microarreglos	
Semana 9	SEGUNDO PARCIAL	
Semana 9	Genómica comparativa-Proteómica y metabolómica	
Semana 10	-Teoría de básica sobre HMMs (Hidden Markov Models)	
Semana 11	Alineación de Secuencias SNPs: bases de datos y análisis Alineación con Penalidades (Gap)—FASTA---BLAST	

Semana 12	Análisis de Secuencias Introducción -Diseño de Primers -Cálculos de estructura secundaria
Semana 13.	Análisis Filogenético Fundamentos esenciales de Filogenia Árboles Filogenéticos: ¿Qué son y cómo se interpretan?
Semana 14.	Programas de Filogenia Consideraciones Practicas
Semana 14	Software para análisis de micro arreglos.
Semana 15..	Bases de datos de microarreglos: usos
Semana 16	SGN y TIGR: usos de sus bases de datos
Semana 17.	Manipulación de Secuencias de ADN (Conversión a formato FASTA, limpieza y filtrado de vectores y adaptadores usando Perl, Crossmatch)
Semana 18	EXAMEN FINAL. Sustenacion de posibles propuestas de investigación.

**COMPROMISO PRAXEOLÓGICO
DESEMPEÑOS**

COMPETENCIA	INDICADORES DE COMPETENICA
-Interpretativas.	-Es capaz el estudiante de apropiarse de conceptos que deberá aplicar en la comprensión de las características de las diferentes tipos de investigación en Genomica y Proteomica
-De análisis.	-Identifica las diferencias entre los diferentes tipos de analisis para secuencias de Interes Biologico –Proteomas y Genomas
-De relación.	-Relaciona y analiza Diferentes programas para analisis de secuencia Biologicas
-Argumentativas.	-Propone las posibles rutas para el analisis de las secuencias obtenidas tras una rutina de laboratorio o despues de una recuperacion en las bases de datos.
-Propositivas.	-Es capaz de generar hipotesis a partir de una pregunta de Investigacion bioinformatica que ayudra a sustentar un proceso de investigación
-De desempeño.	-Sustenta con dominio y capacidad de persuasión, lo referente a la investigacion en silico o investigacion bioinformatico

ACTIVIDADES METODOLÓGICAS

-Clases Magistrales : Aplicando la elaboración conjunta en la orientación de los contenidos, utilizando los pre-conceptos como estrategia para la construcción del conocimiento.

-Talleres paracticos Salas de Biocomputo: Se aplicará la estrategia basada en preguntas problémicas, contribuyendo al desarrollo en nuestros estudiantes en la solución de los problemas planteados, formulando las preguntas de investigación que les permita dar solución de los mismos.

El curso será dictado por clases magistrales (40%) con material audiovisual. Se realizarán sesiones prácticas (60%) en la sala de computadores, donde los alumnos serán dirigidos para llevar a cabo tareas puntuales utilizando las herramientas y el software disponible en Internet y los computadores de la Universidad Distrital. Los estudiantes contarán con el apoyo del Profesor y un monitor.

Se estimulará la participación individual y colectiva, proponiendo el análisis y discusión de cada uno de los problemas planteados.

EVALUACIONES PARCIALES Y EXAMEN FINAL				
N	TIPO DE EVALUACIÓN	CRITERIOS DE EVALUACIÓN	SEMANA	PORCENTAJE
	Talleres-Seminarios	Dominio de las características .	4,6,9,12,15.	35%
	Exámenes Parciales	Aplicación del método de investigación en la cual defines su planteamiento y análisis de situaciones propias y/o nuevas.	4, 5, 7, 9, 11, 13	35%
	Examen Final Teórico-Practico	Capacidad de integración y aplicación de conceptos.	17 y 18	30%
BIBLIOGRAFÍA				
TEXTO GUÍA				
Bioinformatics for Geneticists. Edited by Michael R. Barnes and Ian C. Gray Copyright 2003 John Wiley & Sons, Ltd. ISBNs: 0-470-84393-4 - 0-470-84394-2				
TEXTOS COMPLEMENTARIOS				
Information Theory in Molecular Biology. Adami, C. and S.W. Thomsen 2004. Predicting protein-protein interactions from sequence data. In: Hicks MG, editor. The Chemical Theatre of Biological Systems. Proceedings of the Beilstein-Institute Workshop.				
Andrade, E. (2000). From external to internal measurement: A form theory approach to evolution. BioSystems 57: 49-6				
Theoretical Evolutionary Genetics Joseph Felsenstein 2003, 2005. Department of Genome Sciences and Department of Biology University of Washington.				
Mathematics of genome Analysis. And DNA Microarray Data Analysis				
DIRECCIONES DE INTERNET				
ftp://ftp.ebi.ac.uk/pub/				
www.ncbi.gov				

PROFESOR

Luis Francisco Becerra Galindo

Licenciado en Biología Universidad Distrital Francisco Jose de Caldas, Maestria en Ciencias –Microbiología UA -2005,Candidato Maestria en Genetica UN -Estudinate Doctorado en Ciencias Bioquímicas en la UN-UN / Estudios adicionales en Biología Computacional y Computación Científica en el departamento de Ingeniería de Sistemas y en el de Matemáticas UN. Se ha interesado principalmente en la predicción de las "funciones biológicas" de los genes, en genómica comparativa, Filogenia así como también en genómica funcional. Su experiencia laboral la ha desarrollado en el Centro de Excelencia CORPOGEN y en del Instituto de Genetica de la Universidad Nacional de

Colombia como asistente de investigación, dando soporte técnico en la parte de bioinformática a los diversos proyectos servicios de bioinformática (SRS, EMBOSS, NCBI-BLAST, Phred/Phrap/Consed, parallel BLAST etc.) y de sistemas generales. Adicionalmente ha desarrollado diferentes herramientas computacionales entre las que se encuentran, rutinas para batch BLAST, interfase para capturar y procesar los resultados del BLAST en un cliente/servidor denominado (prettyBlast), diseño de primers y rutinas básicas de BASH para ayudar a la instalación automática de LION SRS en los servidores del Instituto. Así mismo, se ha destacado como docente en diferentes cursos de bioinformática. Se ha destacado por la coordinación de talleres y/o cursos a escala internacional con énfasis en computación y bioinformática, como el "2nd Workshop: New Frontiers of Bioinformatics in Latin America"