

Tipo de actividad: Asignatura(Bio543)

Créditos: 3

Nombre: Electiva de Profundización: Genómica y Bioinformática.

Intensidad Horaria: 3 Horas semanales.

Requisitos: NA

Correquisitos: NA

## Introducción

Tradicionalmente, la genética se ha ocupado de estudiar la herencia a partir de la observación de los fenotipos, y las leyes genéticas mendelianas y no mendelianas, por el contrario, la genómica, considerada la última frontera de la genética va más allá, ya que incluye al genoma completo, la anotación y la descripción de los genes, la relación con las proteínas que expresan estos genes, sus interacciones y las maneras en que unos genes regulan la transcripción de otros. El reto de enseñar esta nueva frontera de la genética es generar una mentalidad abierta en los estudiantes que les permita el análisis de modelos utilizando la información proveniente de las secuencias de los genomas y las herramientas bioinformáticas, ya que la importancia de su manejo radica en que la información depositada en bases de datos permite descubrir relaciones escondidas. Como es bien sabido los procesos celulares están regidos por un alto número de genes expresados y se necesitan de las herramientas para generar la información genética en paralelo empleando nuevas tecnologías para la extracción del conocimiento, aplicando técnicas que permitan resolver problemas biológicos a nivel de genomas permitiendo así comparar y relacionar la información genética de diferentes seres vivos. Esta formación a futuro motivará a los estudiantes en formación en el Programa de Biología a incursionar en el campo más difícil del conocimiento biológico, la proposición de modelos biológicos que expliquen la relación estructura-función, tema de gran búsqueda actual en las ciencias de la vida.

El conocimiento de la nueva información biológica contenida en las bases de datos de secuencias de genes y genomas que se encuentran a disposición de todos, exige a las personas interesadas en estas áreas, capacitarse a un nivel adecuado para lograr sus objetivos en relación a la profundización en el conocimiento de estos tópicos de punta, para así dar solución a problemas biológicos.

Permitir al estudiante de biología en formación ponerse en el nivel actual de una de las nuevas fronteras de investigación en las ciencias naturales como es la llamada Genómica

## Objetivo General

- Preparar al estudiante de formación en genética, ampliando su conocimiento sobre los genomas; a partir del manejo de las bases de datos disponibles y desarrollar una actitud analítica a partir de la aplicación de herramientas bioinformáticas que le permitan abordar este conocimiento y utilizarlo para obtener hallazgos significativos de gran impacto.

## Objetivos específicos

- Conocer y manejar las bases de datos, para poder desarrollar proyectos a partir de los genomas almacenados en ellas.
- Aprender a utilizar herramientas bioinformáticas y realizar los respectivos análisis a partir de las bases de datos.
- Enseñar la estudiante a proponer proyectos en este campo de la genética que generen impacto en la comunidad científica, que puede ir desde la profundización en el conocimiento de especies y de mecanismos de desarrollo con probable control de enfermedades, además de la profundización de genes y enzimas con utilidad social, como es la

bioprospeccion.

## Contenido

### 1. Genes, genomas y secuenciación

- Genes y proteínas
- Las Omica´s
- Mapa físico
- Mapa genómico de Arabidopsis thaliana, Pan troglodytes, Danio rerio, Drosophyla melanogaster, Saccharomyces cerevisiae, Caenorhabditis elegans, Apis mellifera y Canis familiaris, y Homo sapiens, entre otros.
- Secuenciación de genomas
- Anotación de genomas
- Bases de datos I

### 2. Bases de datos y tipos de analisis

- Bases de datos II
- Alineamiento de secuencias
- Análisis Blast
- Alineamiento múltiple
- Uso del fasta, ppt y gbk

### 3. Aplicaciones y prácticas

- Conocimiento y usos de bases de datos biológicas
- Herramientas para análisis de secuencias
- Búsqueda de genes
- Diseño de Vectores
- Introducción al modelamiento de proteínas
- Análisis integral de información genómica
- Bioinformática, Cáncer y Aplicaciones
- Alcances de las herramientas bioinformáticas

## Bibliografía

1. Applied Biosystems. Sequencing analysis software V.5.1.
2. DNA Star lasergene V. 5. Expert sequence analysis software.
3. Christensen E., Curbera, F. Meredith, G. Weerawarana, S. Web Services Description Language. Texinfo ed. 1.1. 2001
4. Kosik, A., Kosik, I., Ng, G, and Micheltmore, R. Data mining and distance matrix file. How to obtain a distance matrix file from clustalW alignment, FASTA or BLAST search results and use it with GenomePixelizer and PhyloGrapher. <http://www.atgc.org/MatrixMining/>
5. Kumar, S., Tamura, K., Jakobsen, I. B., and Nei. M. (2001). MEGA2, Molecular Evolutionary Genetics Analysis software, Arizona State University, Tempe, Arizona, USA.
6. NCBI (National Center for Biotechnology Information) <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
7. Usama Fayad, Gregory Piatetsky-Shapiro, Padhraic Smyth. From Data Mining to Knowledge Discovery in Databases. 1996
8. Heather Kreger, Web Services Conceptual Architecture. Texinfo ed. 1.0. Mayo 2001.

9. Shivaram Mysore, Securing Web Services - Concepts, Standards, and Requirements. Agosto 2003.
10. Moreno P.A., Vélez P.E., Burgos J.D. Biología Molecular Genómica y Post- Genómica, Pioneros, Principios y Tecnologías. Ed. Universidad del Cauca. 2009.
11. Romero, M. Lenguaje de Consultas para una Multibase de Datos, Capítulo I. 1999.
12. Gibas C. y Jambeck P. 2001. Developing bioinformatics computer skills. O'Reilly & Associates.  
?

