

Bioinformática: Conceptos básicos y metodología

Programa

1- Teoría Evolutiva y Molecular Biology: in a nutshell

- 1.1 Breve Historia de la bioinformática y la biología molecular
- 1.2 Cells
- 1.3 Moléculas clave de la biología molecular: DNA, RNA, Proteínas
- 1.4 Dogma central de la biología

2- Problemas y métodos computacionales en *secuencias* genéticas y proteicas

- 2.1 Motivation, porque se necesita comparar secuencias
- 2.2 Divide & Conquer y Programacion Dinamica
- 2.3 Problema de la subsecuencia común mas larga
- 2.4 Problema del alineamiento de secuencias global
- 2.5 Problema del alineamiento de secuencias local
- 2.6 BLAST & FASTA
- 2.7 Alineamiento Múltiple de Secuencias
- 2.8 ClustalW

3- Problemas y métodos computacionales en *estructuras* genéticas y proteicas

- 3.1 Motivación, porque se necesita comparar estructuras
- 3.2 Métodos tradicionales de comparación de estructuras de proteínas
- 3.3 DALI
- 3.4 LGA
- 3.6 SCOP
- 3.7 Max-CMO
- 3.8 Comparación de estructuras usando complejidad de Kolmogorov
- 3.9 El servidor Procksi

4- Predicción de Estructuras de Proteínas

- 4.1 Motivación, porque se necesita predecir la estructura de proteins
- 4.2 Modelación por Homologia
- 4.3 Modelación ab-initio
- 4.4 Modelos simplificados de proteínas
- 4.6 Problemas relacionados a la prediction de la estructura de proteinas

5- Metodologías emergentes para "systems biology"

- 5.1 Que se entiendo por systems biology
- 5.2 Que tipo de herramientas se usan en SB
- 5.3 P-systems
- 5.4 BioAmbients
- 5.5 Algebraic Models