



UNIVERSIDAD DE LA FRONTERA
DIRECCIÓN ACADÉMICA DE POSTGRADO

Programa de la Asignatura

I.- IDENTIFICACIÓN DE LA ASIGNATURA

Nombre de la Asignatura	: APLICACIONES DE BIOINFORMÁTICA EN MICROBIOLOGIA
Código	: PCN32
Programa	: Doctorado en Ciencias de Recursos Naturales
Horas	: 4
Calidad	: Electivo
Tipo de formación	: Especialidad
Carácter	: Teórico/Práctico
Régimen	: Semestral
Académicos participantes	: Milko Jorquera

II.- DESCRIPCIÓN DE LA ASIGNATURA

La bioinformática envuelve la integración de computadores, programas y base de datos, en un esfuerzo para evaluar y responder interrogantes biológicas. Esta plataforma tecnológica permite a los científicos evaluar grandes cantidades de datos producto de diversas iniciativas (estudios genómicos y proteómicos) así como hacer una interpretación de esos datos. Actualmente, diversos científicos están de acuerdo que la bioinformática es un nuevo y excitante territorio en las ciencias biológicas con un gran impacto para la salud humana y la sociedad moderna. Es así como una amplia variedad de herramientas bioinformáticas han sido desarrolladas alrededor del mundo y están disponibles en Internet para uso público.

El presente curso abordará el conocimiento actual en bioinformática y su aplicación en la microbiología moderna. Esto incluye comparación de secuencias de genes y proteínas en bases de datos públicas, procesamiento de datos acompañado de análisis de secuencias, análisis filogenéticos basados en secuencias de ADN, diseño de partidores y sondas, etc. El curso también proveerá al estudiante del conocimiento de algunas técnicas de microbiología molecular utilizadas comúnmente en ciencias ambientales y biotecnológicas. Este curso consistirá en clases teóricas y entrenamiento práctico con el objetivo de aprender y aplicar varias herramientas bioinformática disponibles vía Internet.

III.- OBJETIVOS

- Entregar a los alumnos de doctorados conocimiento sobre la bioinformática y su aplicación en la microbiología moderna.
- Familiarizar a los alumnos de doctorados en el manejo de programas bioinformáticos empleados comúnmente en estudios microbiológicos, y se obtendrán métodos para proyectar

un mercado.

IV.- **RECURSOS METODOLÓGICOS**

Se efectuarán clases expositivas para presentar los contenidos a ser tratados en la asignatura. Estos contenidos serán profundizados a través de discusiones colectivas y trabajos prácticos, permitiendo al estudiante aplicar lo aprendido en clases y abordar interrogantes microbiológicas con el uso de herramientas biotecnológicas disponibles en la Web.

V.- **EVALUACION**

Al final del curso realizara un trabajo teórico-práctico donde el alumno deberá realizar una presentación oral (10 minutos presentación + 10 minutos de preguntas) de un tópico específico de su interés y en la cual el alumno proponga un estudio que se utilicen métodos y técnicas aprendidas en el curso. Esta presentación debe ir acompañada de un escrito, conteniendo los principales puntos de la presentación. El escrito no debe superar las 3 hojas tamaño carta y debe seguir las siguientes indicaciones: letra Arial o New Time Roman 12 pts, espacio interlineado sencillo, márgenes sup., inf, izq, y der. de 2,5 cm.

VI.- **CONTENIDOS**

- Unidad 1. Introducción: Recursos bioinformáticos en la Web.
- Unidad 2. Diseño de partidores y sondas.
- Unidad 3. Análisis de Secuencias y búsqueda de homología.
- Unidad 4. Técnicas de microbiología molecular.
- Unidad 5. Aplicaciones en microbiología ambiental.
- Unidad 6. Aplicaciones en biotecnología.

VII.- **BIBLIOGRAFIA**

BASICA:

- Bansal A.K. (2005) Bioinformatics in microbial biotechnology – a mini review. Microbial Cell Factories, 4:19 doi:10.1186/1475-2859-4-19.
- Selzer P.M., R.J. Marhöfer, A. Rohwer (2008) Applied Bioinformatics-An Introduction. Springer-Verlag Berlin Heidelberg.
- Baxevanis A. D., B. F. Francis Ouellette (2001) Bioinformatics-A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. Second Edition. John Wiley & Sons, Inc.
- Brilli M., R. Fani, P. Lio (2007) Current trends in the bioinformatic sequence analysis of metabolic pathways in prokaryotes. Briefings in Bioinformatics 9: 34-45.
- Binnewies T.T, Y. Motro, P.F. Hallin, O. Lund, D. Dunn, Tom La, D.J. Hampson, M. Bellgard , T.M. Wassenaar, D.W. Ussery (2006) Ten years of bacterial genome sequencing: comparative-genomics-based discoveries. Functional and Integrative Genomics 6: 165–185.

- National Center for Biotechnology Information. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
- European Bioinformatics Institute. <http://www.ebi.ac.uk/>
- DNA Data Bank of Japan. <http://www.ddbj.nig.ac.jp/Welcome.html.en>
- ExPASy Proteomics Server. <http://ca.expasy.org/>
- Bioinformatics links. http://www.icp.ucl.ac.be/bio_links.html
-

RECOMENDADA:

Revistas científicas disponibles en WOS: Briefings in Bioinformatics, Microbial Cell Factories, Functional and Integrative Genomics.