

Bioinformática

Contenido

Bloque 1: Introducción a la bioinformática estructural

1. Visualización estructural, comparación y clasificación

Bloque 2: Introducción a las bases de datos biológicas

1. ¿Qué es una base de datos?
2. Tipos de base de datos
3. Plataformas de base de datos biológicas
4. Convención de formatos de secuencia

Bloque 3: Alineamiento de pares de secuencia

1. Alineamiento pareado
2. Homologías por secuencia y similitud
3. Similitud en la secuencia vs identidad de la secuencia
4. Alineamiento global y local
5. Método de programación dinámica
6. Penalización por vacíos

Bloque 4: Generación de modelos computacionales de proteínas

1. Predicción de motivos y dominios en las proteínas
2. Base de datos de familias de proteínas

Bloque 5: Estudios de asociación molecular

1. Formación de complejos proteína-proteína
2. Predicción de interacciones basada en la fusión de dominios
3. Predicción de interacciones basada en genes vecinos
4. Predicción de interacciones basada en homología por secuencia
5. Predicción de interacciones basada en información filogenética
6. Predicción de interacciones utilizando métodos híbridos
7. Formación de complejos fármaco-proteína

Bloque 6: Simulación computacional de macromoléculas

1. Bioinformática estructural
2. Predicción de estructuras secundaria y terciaria de las proteínas

3. Predicción de estructura del RNA

Fuentes de información

Básicas

Stephen A. Krawetz and David D. Womble. Introduction to bioinformatics: A theoretical and Practical Approach. Human Press

David J. Barnes and Dominique Chu. Introduction to Modeling for Biosciences. 2010, Springer
ExPASy Bioinformatics resources portal; www.expasy.org/tools/

Complementarias

Wageningen Bioinformatics Webportal; www.bioinformatics.nl