

## Introducción

Apreciando el creciente desarrollo de la Bioinformática y su amplia aplicabilidad en las investigaciones que involucran el manejo de datos biológicos, resulta indispensable conocer cada una de las herramientas computacionales disponibles y los alcances que estas puedan llegar a tener, comprender como utilizar los sistemas de cómputo facilitaría el análisis de las secuencias de ADN, de ARN, así como el análisis de la secuencia y estructura de las proteínas.

El curso brindará las pautas para que los investigadores de diferentes áreas de las ciencias biológicas, pueda localizar y emplear los recursos bioinformáticos, destinados para este fin.

## Programa

### Día 1. Junio 12

#### Introducción a la Bioinformática

¿Qué es Bioinformática?

Principales bases de datos en bioinformática: NCBI, EBI, SIB, EMBL

Manejo de ENTREZ, aplicaciones y búsqueda

Fundamentos de UNIX/Linux

### Día 2. Junio

#### Alineamiento de secuencias

Búsqueda y alineamiento de secuencias

Alineamientos basados en estructuras 3D

Métodos de alineamiento de secuencias

BLAST

#### Almuerzo

#### Análisis de secuencias

Conceptos básicos

Diseño de primers

Herramientas para el diseño de PCRs

Programas para descarga y uso local

### Día 3. Junio 14

#### Recursos del NCBI para genómica

Identificación de genes con herramientas del NCBI

Asignación de funciones para genes

Datos de variación (SNPs)

Análisis de información sobre SNPs, haplotipos y estudios de asociación

#### Almuerzo

#### Ácidos nucleicos y proteínas

Ácidos nucleicos - conceptos básicos

Micro-arreglos de ADN, qué son y cómo trabajan?

Aplicaciones

Proteínas - conceptos básicos

De la secuencia a la estructura

Predicción y caracterización de la función

### Día 4. Junio 15

#### Construcción de dendrogramas (primera parte)

Conceptos básicos

Arboles filogenéticos ¿Qué son y cómo se interpretan?

Métodos de distancia

#### Almuerzo

#### Construcción de dendrogramas (segunda parte)

Modelos de sustitución (ácidos nucleicos y proteínas)

Análisis de datos: RFLP, AFLP, RAPD, PFGE

Programas de filogenia

### Día 5. Junio 16

#### Consideraciones finales

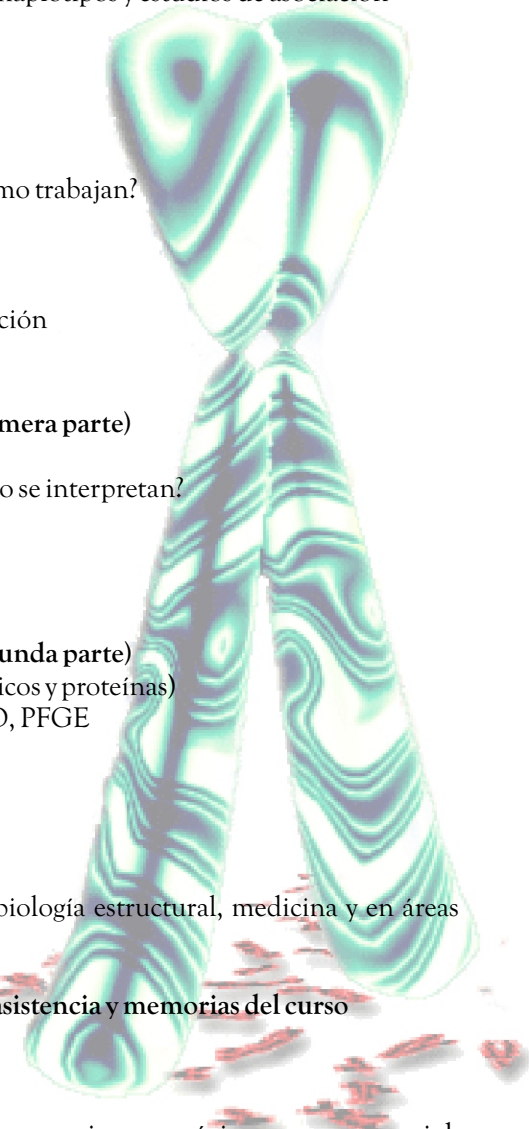
Genómica y Bioinformática

Aplicación de la bioinformática en biología estructural, medicina y en áreas afines

Clausura - entrega de certificado de asistencia y memorias del curso

## Metodología

El curso se desarrollará en cuatro sesiones teóricas, con material audiovisual y de forma magistral e igual número de sesiones prácticas. Los alumnos realizarán tareas específicas complementarias a la instrucción teórica previa, valiéndose de los recursos bioinformáticos disponibles en Internet. El curso tendrá una intensidad de 24 horas.



## Dirigido a

Estudiantes de pregrado y posgrado, docentes, investigadores y demás profesionales de las diferentes áreas de las ciencias biológicas, las matemáticas y la estadística involucrados en el manejo de datos biológicos e interesados en el manejo de las principales herramientas bioinformáticas.

## Inversión

\$300.000. El valor del curso incluye el derecho a refrigerios, memorias y certificado de asistencia. CUPO LIMITADO.

## Patrocina



## Organiza

Grupo de Investigaciones Biomédicas y Biología Molecular  
Facultad de Ciencias de la Salud - UNISINU

### Coordinadores:

Milton Quintana Sosa  
Vanessa Otero Jiménez  
Manolo Jaramillo García

**Contacto:** Telefax (4) 784 19 61

Email: [cursobioinformatica2007@unisinu.edu.co](mailto:cursobioinformatica2007@unisinu.edu.co)

# CURSO DE BIOINFORMATICA

## “Fundamentos para el manejo y uso de datos Biológicos”



Conferencista:

**LEONARDO MARIÑO-RAMIREZ Ph.D.**

Staff Scientist

Computational Biology Branch  
National Center For Biotechnology  
Information, NLM, NIH.

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/CBBresearch/Marino/>

**12 - 16 de Junio de 2007**



UNIVERSIDAD DEL SINU  
Elías Bechara Zainúm



GRUPO DE INVESTIGACION  
BIOMEDICA Y BIOLOGIA MOLECULAR