

INTRODUCCION A LA BIOINFORMATICA

por ATTWOOD
Isbn 8420535516

Indice del Contenido

Prólogo

Visión general

1. Introducción
2. Redes de información
3. Recursos de información sobre proteínas
4. Recursos de información sobre genomas
5. Análisis de secuencias de DNA
6. Técnicas de alineamiento de pares de secuencias
7. Alineamiento de secuencias múltiples
8. Búsquedas en bases de datos secundarias
9. Construcción de un protocolo para la búsqueda de secuencias
10. Paquetes de análisis

1 Introducción

1.1 Introducción

1.2 EL alba de la secuenciación

1.3 ¿Qué es la bioinformática?

1.4 El déficit secuencia/estructura biológicas

1.5 Proyectos genoma

1.6 Estado del proyecto genoma humano

1.7 ¿Por qué es importante la bioinformática?

1.8 Reconocimiento y predicción de patrones

1.9 El problema del plegamiento

1.10 El papel de las chaperonas

1.11 El análisis de secuencias

1.12 Homología y analogía

1.13 El diablo está en los detalles

1.14 Resumen

1.15 Lecturas adicionales

2 Redes de información

2.1 Introducción

2.2 ¿Qué es Internet?

2.3 ¿Cómo se encuentran unos computadores a otros?

2.4 Servicios empleados en la Internet

2.5 ¿Qué es la World Wide Web?

2.6 Navegadores de la red

2.7 HTTP, HTML y URLS

2.8 La red Europea de Biología Molecular (EMBnet)

2.9 El Centro Nacional para la Información Biotecnológica (NCBI)

2.10 Turismo virtual

2.11 Resumen

2.12 Lecturas adicionales

2.13 Direcciones de la red

3 Recursos de información sobre proteínas

3.1 Introducción

- 3.2 Bases de datos biológicas
- 3.3 Bases de datos primarias de secuencias
- 3.4 Bases de datos compuestas de secuencias proteicas
- 3.5 Bases de datos secundarias
- 3.6 Bases de datos compuestas de patrones proteicos
- 3.7 Bases de datos de clasificación estructural
- 3.8 Resumen
- 3.9 Lecturas adicionales
- 3.10 Direcciones de la red

- 4 Recursos de información sobre genomas
- 4.1 Introducción
- 4.2 Bases de datos de secuencias de DNA
- 4.3 Recursos genómicos especializados
- 4.4 Resumen
- 4.5 Lecturas adicionales
- 4.6 Direcciones de la red

- 5 Análisis de secuencias de DNA
- 5.1 Introducción
- 5.2 ¿Por qué analizar el DNA?
- 5.3 Estructura génica y secuencias de DNA
- 5.4 Características del análisis de secuencias de DNA
- 5.5 Cuestiones en la interpretación de las búsquedas de EST
- 5.6 Dos enfoques para la caza de genes
- 5.7 El perfil de expresión de una célula
- 5.8 Genotecas de cDNA y ESTS
- 5.9 Diferentes enfoques para el análisis de EST
- 5.10 Repercusiones de los datos de EST sobre las bases de datos de DNA
- 5.11 Un ejemplo práctico de análisis de EST
- 5.12 Resumen
- 5.13 Lecturas adicionales

- 6 Técnicas de alineamiento de pares de secuencias
- 6.1 Introducción
- 6.2 Búsquedas en bases de datos
- 6.3 Alfabetos y complejidad
- 6.4 Algoritmos y programas
- 6.5 Comparación de dos secuencias (un caso sencillo)
- 6.6 Subsecuencias
- 6.7 Identidad y similitud
- 6.8 El gráfico de puntos (dotdot)
- 6.9 Similitud local y global
- 6.10 Alineamiento global: el algoritmo de Needleman y Wunsch
- 6.11 Alineamiento local: el algoritmo de Smith Waterman
- 6.12 Programación dinámica
- 6.13 Búsquedas en bases de datos emparejadas
- 6.14 Resumen
- 6.15 Lecturas adicionales

- 7 Alineamiento de secuencias múltiples
- 7.1 Introducción
- 7.2 El objetivo del alineamiento de secuencias múltiples
- 7.3 Alineamiento de secuencias múltiples: una definición
- 7.4 El consenso
- 7.5 Complejidad computacional

- 7.6 Métodos manuales
 - 7.7 Métodos simultáneos
 - 7.8 Métodos progresivos
 - 7.9 Bases de datos de alineamientos múltiples
 - 7.10 Búsquedas en bases de datos con alineamientos múltiples
 - 7.11 Resumen
 - 7.12 Lecturas adicionales
-
- 8 Búsquedas en bases de datos secundarias
 - 8.1 Introducción
 - 8.2 ¿Por qué ocuparnos de las búsquedas en bases de datos