



Especialización en Bioinformática

Taller de aplicaciones básicas de bioinformática

Año 2022

Duración total: 70hs.

Responsable: Facultad de Ciencias Exactas y Facultad de Informáticas

Docente Responsable: Dr. Enzo Rucci

Docentes: Dr. Mauricio Lozano
Dr. Adrian Pousa

OBJETIVO GENERAL

La bioinformática es un área multidisciplinar que involucra, principalmente, conocimientos de los campos de la biología, informática, física y matemática.

Como objetivo general de este curso nos planteamos promover la interacción entre alumnos provenientes de distintas áreas disciplinares para la resolución de problemas bioinformáticos sencillos.

Objetivos específicos:

- Brindar a los alumnos los conocimientos básicos de bioinformática con base en los cursos 1 y 2 de la Especialidad. Se profundizará principalmente en el análisis de datos secuenciales, revisando los algoritmos de los programas más utilizados y las bases de datos de mayor importancia.
- Brindar las herramientas básicas para la resolución de problemas bioinformáticos sencillos mediante la utilización de diferentes programas y mediante la escritura de programas simples y scripts. Se fomentará el trabajo en equipo y la interacción entre alumnos provenientes de diferentes áreas

COMPETENCIAS A DESARROLLAR EN RELACION CON EL OBJETIVO DE LA CARRERA

C. 1 - Poder analizar problemas de BioInformática con conocimiento de los fundamentos biológicos e informáticos, para luego resolverlos seleccionando los métodos y herramientas más adecuadas/eficientes para cada caso.

C. 2 - Utilizar distintas técnicas de procesamiento de datos biológicos para su representación/visualización y análisis eficiente, mediante algoritmos de software ejecutados sobre plataformas adecuadas para el tipo y volumen de datos en cuestión.



PROGRAMA

Módulo 1

Introducción. Información Genética en Bioinformática. Contenido de información en la secuencia [Genoma – genes – mRNA – proteína (niveles estructurales, dominios, motivos secuenciales)]. Bases de datos de secuencias. Tipos de bases de datos. Formatos de archivos (fasta, genbank). Bancos de datos (NCBI-Genbank, Uniprot). Análisis de secuencias. Alineamientos de secuencias (ADN y proteínas). Homología, Identidad y similitud. Alineamiento de a pares (local, ¿semi-global?, global). Alineamientos múltiples. Métodos y algoritmos. Heurísticas. Matrices de sustitución.

Módulo 2

Búsqueda por similitud secuencial. Blast (variantes y uso). Profiles (PSIBlast y RPSBlast). HMM (Concepto y uso. HMMER). Búsqueda de ortólogos (BBH, Cog triangles, otros). Bases de datos basadas en profiles y HMM (CDD, COG, pfam). Bases de datos de genes ortólogos (EDGAR, EGGNOG, ORTHODB, OMA).

Módulo 3

Estimación de la estructura de ARN. Estimación de la estructura de proteínas. Estimación de segmentos transmembrana, estructuras coiled coil y estructura secundaria. Alineamiento estructural de proteínas. Estimación de la estructura terciaria. Métodos basados en homología y métodos ab initio. Bases de datos estructurales (PDB, CATH, SCOP) Librerías para aplicaciones bioinformáticas (Bio-Python, Bio-Perl, Bio-R, etc).

METODOLOGIA Y MODALIDAD DE EVALUACION

La metodología se basa en clases presenciales combinadas con actividades experimentales en el Aula y/o Laboratorio para aplicar los conceptos teóricos y que así el alumno adquiera las competencias y habilidades sobre cada uno de los temas que forman parte del contenido de la asignatura.

Para aprobar el curso se requiere un 80% de asistencia a las clases presenciales (teóricas y prácticas).

La evaluación se realizará mediante un examen escrito al final de las clases del curso para evaluar el grado de conocimientos del alumno (20%), el proyecto/desarrollo experimental que deberá entregar el alumno al final de las horas programadas (70%) y la participación y aportaciones de calidad/excelencia a las soluciones propuestas (10%). El proyecto/desarrollo experimental consistirá en un reporte técnico (símil artículo científico) producto de un estudio teórico o experimental específico.

ACTIVIDADES EXPERIMENTALES y DE INVESTIGACION

Los trabajos experimentales se desarrollarán en una o varias clases. Parten de una consigna explicada en clase por el docente, seguida del trabajo individual, o en grupos (máximo 3 alumnos, y priorizando la mezcla de alumnos provenientes de las áreas informáticas y biológicas), en el que lxs alumnxs resuelven un problema experimental concreto relacionado con la temática. Estos trabajos pretenden desarrollar y/o fortalecer las aptitudes de opinión crítica en los temas relativos del curso. Lxs alumnxs deberán sintetizar su comprensión de los temas, al realizar correctamente la tarea experimental propuesta. También se pretende



desarrollar la capacidad de comunicar y transmitir los resultados, en presentaciones pautadas a lo largo del curso.

En general, finalizada cada actividad, hay una sesión de discusión conjunta donde los participantes comunicarán sus opiniones e intercambiarán los distintos puntos de vista. La evaluación se realizará mediante la entrega de un trabajo final.

BIBLIOGRAFÍA BASICA

- Biological sequence analysis. Probabilistic models of protein and nucleic acids (1998). R. Durbin, S. Eddy, A. Krogh and G. Mitchison. Cambridge University Press.
- Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis (2004). 2da edición. CBS Publishers.
- Bioinformatics and molecular evolution (2005). Paul G. Higgs and Teresa K. Attwood. Blackwell Science.
- Introduction to bioinformatics (2008). Lesk, A.M. 3rd Ed., Oxford University Press.
- Bioinformatics Algorithms. Design and Implementation in Python (2018). Miguel Rocha, Pedro G. Ferreira. Elsevier.