



Aproximaciones ómicas al estudio de los sistemas biológicos. Tecnologías asociadas

Año 2024

Carreras: Doctorado en Cs. Informáticas – Especialización en Bioinformática

Duración total: 55hs.

Docente Responsable: Dr. Lagares, Antonio Jr.

Docentes: Dra. Fabre, Laura
Dr. Guerrero, Leandro
Dr. López, José Luis
Dra. Moreno De Colonna, Silvia
Dr. Reynoso, Mauricio
Dr. Torres Tejerizo, Gonzalo
Dra. Valacco, María Pía

OBJETIVO GENERAL

El objetivo general del curso es introducir a los alumnos al enfoque ómico del estudio de sistemas biológicos, con énfasis en las tecnologías más utilizadas, en el tipo de datos obtenidos, y en el procesamiento e interpretación de la información asociada

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.

PROGRAMA

MÓDULO A. Plataformas de secuenciación de segunda y tercera generación (NGS).

Principios de funcionamiento y principales características de las plataformas actuales de secuenciación de segunda y tercera generación. El foco estará puesto en analizar los fundamentos físicos/químicos asociados a cada una de las tecnologías de secuenciación de DNA. Se analizarán las ventajas y limitaciones de cada plataforma, su complementación y sus usos más frecuentes (genomas, transcriptomas, metilomas). Capacidades y costos relativos.

- Contexto histórico. De los métodos de Sanger y Maxam y Gilbert a las plataformas de NGS.
- Secuenciadores de segunda generación: Ion Torrent PGM. Tecnología Illumina con sus distintas plataformas. Secuenciamiento *paired-end*, secuenciamiento *mate pair*. Capacidades, largo de las secuencias, tasas de error, limitaciones, costos.
- Secuenciadores de tercera generación (*single molecule*): Tecnología PACBIO. Tecnología Oxford Nanopore. Capacidades, tasas de error, largo de las secuencias, limitaciones, costos.

MÓDULO B. Ensamblado de genomas y metagenomas.



Uso de herramientas bioinformáticas para el análisis metagenómicos obtenidos por secuenciación al azar (shotgun). El foco estará puesto en el ensamblado de genomas a partir de metagenomas. Estos métodos permiten ir más allá de la descripción de la composición taxonómica en ecosistemas microbianos, brindando una visión detallada de flujos metabólicos e interacciones microbianas, además de hacer posible el descubrimiento de nuevos linajes y vías metabólicas.

- Archivos de datos. Control de calidad y procesamiento
- Ensamblado de metagenomas
- *Binning*
- Curado de genomas
- Clasificación taxonómica y anotación funcional.
- Estimación de dinámica de replicación bacteriana a partir de datos metagenómicos

MÓDULO C.

Abordaje al uso de herramientas de NGS en estudios de regulación de la expresión génica.

- Niveles de regulación de la expresión génica en eucariotas. Epigenética: estructura cromatina, dominios cromosómicos, código histonas y metilación DNA. Transcripción: Factores de transcripción, *enhancers*, Pioneer TFs, clases de promotores, PolyA alternativos. *Splicing* alternativo. Regulación sobre RNAs.
- (Repaso) Introducción a las secuenciaciones de alto rendimiento (*NGS, Next Generation Sequencing*) y sus aplicaciones en biología molecular. Historia reciente, tipos de secuenciaciones, *long reads*. RNAseq vs *microarrays*.
- Transcriptómica (RNAseq). Preproceso de lecturas (*reads*), filtrado por contaminaciones, calidad y *trimming*. Transcriptoma *de novo* y mapeo a referencia. Estrategias, algoritmos (básico histórico). Limitaciones y requerimientos de secuenciación según objetivo estudio. Cuantificación: *mapping* y *pseudo mapping*, algoritmos (básico), genes/isoformas. Métricas, normalizaciones. Análisis replicas. Análisis expresión diferencial. Gráficos: MAplots, volcano *plots* y *heatmaps*. Estrategias para relacionar genes de-regulados con procesos biológicos. Análisis del *splicing* alternativo, estrategias y limitaciones.
- Estudios de regulación génica por NGS. Técnicas: CHIP-seq, CLIP-seq, ATAC-seq y Hi-C. Fundamentos básicos de comunes a las diferentes técnicas. CHIPseq: wet-lab, mapeo, *input-control*, limitaciones, *peak-calling*, tipos de picos, análisis cuantitativo y cualitativo, *motif discovery*. Estrategias para la integración con transcriptómica. Para las restantes técnicas se dará una visión general: etapa wet-lab, secuenciación requerida, ventajas con técnicas precedentes, procesamiento *in silico*, resultados, visualización e interpretación.
- Visualización en entorno genómico (*Genome Browsers*). Local (IGV) y remoto (UCSC). Información disponible, tipos de pistas (bed, wig, bam, etc), carga de datos propios, compartir resultados y vistas. ENCODE *project*. Ejercicio sobre el *browser*: genes, expresión en tejidos, estructura, sintonía, conservación, estructura secundaria y *splicing* alternativo.

MÓDULO D. Abordaje a estudios proteómicos.



Uso de estrategias de espectrometría de masas para la identificación y cuantificación de proteínas

Proteómica. Conceptos Generales.

- Introducción a la espectrometría de masa y proteómica. Introducción a la técnica - Equipamiento - Ejemplo de espectros. Concepto de masa monoisotópica y promedio. Ionización por MALDI (iones +1); Ionización ESI (iones multicarga). Identificación de proteínas por MS - Fragmentación - MS/MS- Breve introducción al abordaje experimental.
- Bases teóricas de la identificación de proteínas por espectrometría de masa: identificación por MS y MSMS. Proteómica global y dirigida. Conceptos generales: Shotgun vs targeted. Identificación de proteínas puras, mezclas simples y complejas. Introducción a la proteómica cualitativa y cuantitativa emPAI.
- Ejemplos de Usos y aplicaciones: Estrategias de *pull down* y coimmunoprecipitación, Interactómica, PTMs, proteómica diferencial por geles 2D MALDI, Biotyping, biosimilares.
- Programas de análisis de datos - MASCOT y *Proteome Discoverer*. Criterios de búsqueda para identificación - Mostración con datos concretos utilizando Mascot y visualización de datos en PD.

Introducción a la proteómica cuantitativa

- Perspectiva histórica de la proteómica cuantitativa: evolución de metodologías.
- Generalidades de la aproximación actual al estudio cuantitativo del proteoma. Estrategias de separación, identificación y cuantificación de péptidos y proteínas. Abordaje *bottom-up*, separación de péptidos por MD-LC acoplado a su análisis por MSn, adquisición de datos del tipo *shotgun*.
- Origen de los datos cuantitativos. Cuantificación basada en identificación o en señal en MSn. Conceptos de XIC (extracted ion chromatogram) y Spectral Counting.
- Dimensiones de cuantificación: relativa y absoluta. Estrategias de cuantificación relativa con marcaje isotópico o libre de marca. Métodos de marcaje metabólicos y químicos.

Procesamiento informático de los datos crudos de ensayos de proteómica cuantitativa

- Descripción de la arquitectura e interfaz de usuario del software. Descripción del motor de búsqueda integrado Andromeda para la identificación de espectros. Descripción de los algoritmos para la cuantificación relativa y absoluta de péptidos y proteínas identificadas. Interpretación de tablas *output*.
- Procesamiento de datos espectrales crudos. Flujo de trabajo en software MaxQuant para recuperar datos cuantitativos a partir de un dataset de espectros obtenido en un abordaje de proteómica cuantitativa del tipo *shotgun* libre de marca.

Análisis estadístico de datos cuantitativos de un ensayo proteómico

- Introducción al software Perseus y flujo de trabajo. Descripción del software. Carga de datos y anotaciones funcionales. *Workflow* para curado de los datos, imputación de valores nulos, y análisis estadístico de los resultados. Generación de gráficos de correlación, análisis multivariado, diagramas de Venn. Elaboración de volcano-plots.

ACTIVIDADES EXPERIMENTALES y DE INVESTIGACION



Los trabajos experimentales se desarrollarán en una o varias clases en las salas de informática, y mediante conexión remota a los servidores utilizando los lenguajes Bash, R y/o Python. Finalizada cada actividad, habrá una sesión de discusión conjunta donde cada participante comunicará los resultados obtenidos. La evaluación se realizará mediante la entrega de un trabajo final.

METODOLOGIA Y MODALIDAD DE EVALUACION

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.

BIBLIOGRAFÍA BASICA

- Data Analysis and Visualization in Genomics and ProteomicsK (2005). Francisco Azuaje, Joaquin Dopazo (eds). Wiley.
- Cell biology by the numbers (2015). Ron Milos and Rob Phyllips. Garland Science.
- Bioinformatics and Functional Genomics (2015). Pevsner, Jonathan. Tercera edición. Wiley-Blackwell.
- The dictionary of genomics, transcriptomics and proteomics (2015). Guenter Kahl. Wiley-Blackwell.
- Transcriptomics and gene regulation (2016). Jiaqian Wu (eds.). Springer Netherlands.
- Protein bioinformatics: from protein modifications and networks to proteomics (2017). Cathy H. Wu, Cecilia N. Arighi, Karen E. Ross (eds.). Humana Press.
- Transcriptome data analysis: Methods and protocols (2018). Yejun Wang, Ming-an Sun (eds.).
- Genome data analysis (2019). Ju Han Kim. Springer Singapore.