



UNIVERSIDAD NACIONAL DEL SUR  
BAHIA BLANCA - ARGENTINA

DEPARTAMENTO DE: BIOLOGÍA , BIOQUÍMICA Y FARMACIA

CURSO DE POSGRADO: <b>Bioinformática: herramientas básicas y sus aplicaciones</b>		CODIGO
HORAS CLASE		PROFESOR RESPONSABLE
TEORICAS 20	PRACTICAS 25	Dra. Marina Díaz; Dra. Daniela Soresi; Dra. Ingrid Garbus; Dr. Nelson Ferretti

### REQUISITOS

Ser alumno de posgrado de Biología, Agronomía, Bioquímica y disciplinas afines.

### OBJETIVO GENERAL

El objetivo global de la asignatura es ofrecer una visión amplia sobre las aplicaciones bioinformáticas más utilizadas, así como los fundamentos científicos sobre los que se basan.

### OBJETIVOS PARTICULARES

- Familiarizar a los alumnos con los tipos de datos abordados por la Bioinformática, las bases de datos que los comprenden y los criterios para su exploración.
- Mostrar las herramientas y estrategias generales más usadas en Bioinformática, haciendo hincapié en sus alcances y limitaciones.
- Capacitar en el manejo de los programas y otros recursos disponibles, con la posibilidad de aplicación a datos experimentales propios.

### PROGRAMA SINTÉTICO

Módulo 1: Introducción a la Bioinformática

Módulo 2: Obtención, análisis y edición de secuencias

Módulo 3: Técnicas de Biología Molecular

Módulo 4: Bases de datos de secuencias de ADN, ARN y Proteínas

Módulo 5: Alineamientos de secuencias.

Módulo 6: Herramientas bioinformáticas para el análisis de regiones genómicas y cromosomas completos.

Módulo 7: Análisis filogenético de datos moleculares

Módulo 8: Predicción de la estructura de proteínas

## **PROGRAMA ANALÍTICO (incluir actividades, bibliografía y tipo de evaluación)**

### **Módulo 1: Introducción a la Bioinformática**

Bioinformática, avances y perspectivas. Estructura del ADN, ARN y proteínas. ADN nuclear, plastidial y mitocondrial.

### **Módulo 2: Obtención, análisis y edición de secuencias**

Técnicas de secuenciación manual y automática (Primera Generación). Métodos de secuenciación de segunda y tercera generación: Pirosecuenciación, Illumina, Ion Torrent, Nanopore, SMRT. Preparación de las muestras e interpretación de los resultados. Formato FASTA de secuencias. Análisis de cromatogramas. Construcción de secuencias consenso. Identificación de ORF (Open Reading Frame - Marco Abierto de Lectura). Programas de edición de secuencias: BIOEDIT, Ugene, y Gene Runner.

### **Módulo 3: Técnicas de Biología Molecular**

Enzimas y mapas de restricción. Mapas de restricción *in silico*. Clonado de secuencias: vectores. PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa) convencional. Softwares para el diseño de primers: Primer 3, Primer-BLAST, Oligo.net, NetPrimer.

### **Módulo 4: Bases de datos de secuencias de ADN, ARN y Proteínas.**

Organización de las bases de datos biológicos y bibliográficos. Bases de datos primarias y secundarias: GenBank, ENA (European Nucleotide Archive), DDBJ (DNA Data Bank of Japan), PubMed, TAIR (The Arabidopsis Information Resource), GO (Gene Ontology), PROSITE, Pfam (Protein Family). Búsqueda de secuencias en bases de datos: servidores de acceso público: NCBI (National Center for Biotechnology Information) y EBI (European Bioinformatics Institute). Base de Datos Barcode of Life Data System.

### **Módulo 5: Alineamientos de secuencias.**

Alineamiento de 2 secuencias (BLAST y sus derivados), parámetros de calidad del alineamiento: E-value y score. Alineamientos múltiples (Clustal W, Muscle). Identificación de regiones conservadas: MEME (Multiple Em for Motif Elicitation). Matrices de sustitución (PAM, BLOSUM). Penalizaciones.

### **Módulo 6: Introducción al manejo de secuencias mediante funciones de comandos.**

Análisis mediante BLASTX de regiones de gran tamaño conteniendo más de un gen por comparación de bases de datos locales. Extracción de secuencias de interés desde una región genómica para su posterior análisis y caracterización. Comparación de secuencias genómicas en relación a la sintenia y a su contenido de genes.

### **Módulo 7: Análisis filogenético de datos moleculares.**

Introducción y conceptos generales del análisis Filogenético. Relación entre el alineamiento múltiple y el análisis filogenético. Búsqueda de particiones y modelos evolutivos. Métodos filogenéticos basados Parsimonia, Máxima Verosimilitud e Inferencia Bayesiana. Construcción de árboles filogenéticos mediante TNT, IQTree y Mr. Bayes. Métodos de soporte y estima de confiabilidad.

### **Módulo 8: Predicción de la estructura de proteínas.**

Estructuras de proteínas: estructura 1ª, 2ª, 3ª y 4ª. Dominios. Funciones específicas. Métodos experimentales de determinación de la estructura de proteínas: Rx, RMN, Cryo-EM. Exploración

de la base PDB (Protein Data Bank). Programas para la visualización de estructuras. Servidores para la predicción de la estructura secundaria de las proteínas. Predicción de dominios. Determinación de la estructura 3ª y 4ª: métodos ab initio y modelado por homología. Servidores y programas: SWISS-MODEL, HHpred, MODELLER. Validación y análisis de calidad de las estructuras modeladas.

#### ACTIVIDADES PRÁCTICAS

**Actividad N°1:** Exploración de Bases de Datos de ADN, ARN y proteínas

**Actividad N°2:** Edición y comparaciones de secuencias de ADN y proteínas, alineamientos de dos o más secuencias. Parámetros de alineación.

**Actividad N°3:** Exploración de la base del BARCODE OF LIFE DATA SYSTEM v4

**Actividad N°4:** Diseño de primers para PCR.

**Actividad N°5:** Alineamientos con bases de datos locales. Análisis de regiones genómicas.

**Actividad N°6:** Construcción de Árboles Filogenéticos.

**Actividad N°7:** Predicción de estructuras de proteínas y modelado

#### BIBLIOGRAFÍA

- Bleidorn C. (2017) Phylo-genomics. Springer. Suiza
- Brown T. (2008). Genomas. Editorial Médica Panamericana. Buenos Aires. Argentina 3er. Edición
- Claverie J.M., Notredame C. (2007). Bioinformatics for dummies. Dummies Series, Wiley Publishing New York. USA.
- Pevsner J. (2015). Bioinformatics and Functional Genomics. Wiley Blackwell (3rd edition).
- Rashidi H. Buehler L. (2000). Bioinformatics Basics. Applications in Biological Science and Medicine. CRC Press LLC. Florida USA
- Salinas J., Lisbona F. (2016). Manual de Prácticas de Bioinformática. Textos Docentes. Editorial Universidad de Almería, España.
- Watson J., Baker T., Bell S., Gann A., Levine M., Losick. (2006). Biología Molecular del Gen. Editorial Médica Panamericana. España. 5ta. Edición.

#### EVALUACIÓN

Consiste en una exposición oral en la que se explica la aplicación de las herramientas vistas en el curso a un proyecto propio o provisto por los docentes.