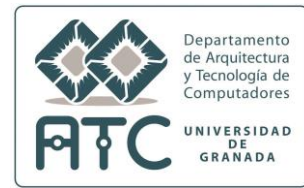




Biología Computacional: Análisis de inmensas cantidades de datos ómicos



Centro Mediterráneo de la Universidad de Granada

www.centromediterraneo.com

Con la colaboración de:

Departamento de Arquitectura y Tecnología de Computadores y el
Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC)

Almuñécar, 21 a 25 de julio de 2014.

El desarrollo de la informática ha incidido extraordinariamente en el avance de las ciencias, de tal forma que en la actualidad el método científico puede considerarse que se compone de cuatro fases: observación sistemática, medición-experimentación, **computación** y formulación teórica.

La **Biología Computacional** trata del desarrollo de algoritmos y el uso de computadores para facilitar el conocimiento de la biología, y puede considerarse una materia interdisciplinar en la que confluyen materias tales como la biología, la informática, la química, la medicina la bioquímica, las matemáticas, la ingeniería de sistemas, la física o la estadística.

El presente curso se refiere a aspectos de la Biología Computacional que tratan con datos biológicos básicos y a pequeña escala (por ejemplo, bases de ADN, ARN o proteínas), aspectos que con frecuencia se agrupan bajo el término de **Bioinformática**. En definitiva se trata de almacenar, organizar, recuperar y analizar grandes cantidades de datos biológicos que permitan realizar operaciones tales como búsquedas o alineamiento de secuencias, predicción de expresiones genéticas, montaje genómico, alineamiento y predicción estructural de proteínas, interacciones proteína-proteína, y modelado de la evolución. El concepto fundamental de la Biología Computacional consiste en la utilización de recursos computacionales para solucionar o investigar problemas biológicos en escalas y cantidades de datos que sobrepasan la capacidad humana.

El curso trata de presentar una introducción general, pero no por ello con falta de rigor, al análisis de inmensas cantidades de datos ómicos (genómica, proteómica, transcriptómica, etc), incluyendo secuenciación de siguiente generación (NGS), análisis molecular y funcional, visualización gráfica de datos ómicos, y bases de datos ómicas. Se impartirá de forma eminentemente práctica, incluyendo presentaciones magistrales, talleres y seminarios y estando orientado a personas con formación en campos tales como la biología, biotecnología, la informática, las matemáticas, la medicina, o la química.

CONTENIDOS

- 1 **Introducción a la biología computacional y al análisis de datos ómicos voluminosos**
(6:30 horas)
 - 1.1 Introducción a la biología computacional y desafíos actuales. (00:30 horas), *Ignacio Rojas*
 - 1.2 Introducción a la biología para informáticos (3:00 horas):

- 1.2.1 Introducción a la biología molecular: DNA, RNA, proteínas, dogma central, genes, cromosomas, haplotipos, estructura de la cromatina, transcripción, regulación, acoplamiento, interacción molecular, funciones celulares, etc. *Fuencisla Matesanz*
- 1.2.2 Introducción a la genética de poblaciones: selección natural, deriva genética, mutación, flujo genético, recombinación, subdivisión de poblaciones, estructura y mixtura de poblaciones, desequilibrio de ligamiento, etc. *Francisco Perfectti*
- 1.3 Introducción a la informática para biólogos (3:00 horas):
 - 1.3.1 Interfaz de usuario de texto y procesamiento por lotes: introducción a Linux. *María del Mar Abad y Víctor Potenciano* (1:30 horas)
 - 1.3.2 Lenguajes de guiones para estadística y aprendizaje automático: introducción a R. *Maribel García Arenas* (1:30 horas)

2 **Secuenciación de Nueva Generación. Análisis de datos** (4 horas)

Javier Pérez Florido, Antonio Rueda.

- 2.1 Introducción a las tecnologías NGS
- 2.2 Análisis de calidad y preprocesamiento de secuencias
- 2.3 Mapeo de secuencias: herramientas de mapeo, visualización y análisis de calidad
- 2.4 Identificación y anotación de variantes genómicas
- 2.5 Análisis de datos de RNA-Seq

3 **Gestión de datos ómicos, representación visual y extracción de conocimiento**

(4:00 horas). *Pedro Carmona y Luis Javier Martínez*

- 3.1 Introducción a las bases de datos ómicas
- 3.2 Tipos de datos, búsquedas y recuperación de información
- 3.3 Uso de datos públicos: Técnicas de meta-análisis e integración de datos heterogéneos
- 3.4 Análisis funcional y extracción de información en experimentos de alto rendimiento
- 3.5 Visualización gráfica de datos ómicos

4 **Taller de introducción a Bioinformática Estructural de Proteínas.** (4 horas). *Hilario Ramírez*

- 4.1 Las reglas del Puzle: Algunos conceptos básicos de la geometría y dinámica de las proteínas.
- 4.2 Predicción versus diseño o “la pregunta del millón” de la Ingeniería de Proteínas.
- 4.3 Taller de “modelado-3D” al alcance de todos: el Proyecto “Fold-It”
- 4.4 Hurgando en la caja de herramientas de un bioinformático estructural: Vectores, matrices y recetas; muchas, muchas recetas... (Un paseo vertiginoso por BioPython)
- 4.5 Un ejemplo sencillo de Origami molecular: confeccionando un estereodiagrama.
- 4.6 Otro ejemplo todo-lo-contrario de Origami molecular: mecánica y dinámica molecular de proteínas.

5 **Aplicaciones** (3 horas);

- 5.1 Aplicaciones de la bioinformática: a large scale genome projects; *Roderic Guigó*
- 5.2 Importancia de la Biología Computacional en la Investigación Biomédica, *José Antonio Lorente*
- 5.3 Mesa redonda sobre aplicaciones y recapitulación sobre el curso (*Roderic Guigó, Eduardo Pareja, Víctor Potenciano, Ignacio Rojas, y Fuencisla Matesanz*).

HORARIO

Lunes, 21 Julio	Martes, 22 Julio	Miércoles, 23 Julio	Jueves, 24 Julio	Viernes, 25 Julio
10:00 -14:00 16:00 – 19:30	9:30-14:00	9:30-14:00	9:30-14:00	9:30-13:00
7h 30 m	4h 30m	4h 30m	4h 30m	3h 30m
Módulo I Introducción	Módulo II NGS	Módulo III Gestión de datos	Módulo IV Análisis mol. Y func.	Módulo V Aplicaciones

PROFESORADO

Nombre	Afiliación	Localidad
M ^a del Mar Abad Grau	Dto. de Lenguajes y Sistemas Informáticos, UGR	Granada
Pedro Carmona,	Director de la Uni. Bioinformática – Centro de Investigación de Genómica y Oncología (GENYO).	Granada
María Isabel García Arenas	Departamento de Arquitectura y Tecnología de Computadores. UGR	Granada
Roderic Guigó	Coordinador del Grupo de Biología Computacional de procesamiento de ARN, Centro de Regulación Genómica (CRG). Unv. Pompeu Fabra.	Barcelona
José Antonio Lorente Acosta	Director de la Estrategia de Investigación e Innovación en Salud de la Consejería de Salud (CISPS). Director Científico del Centro de Investigación de Genómica y Oncología (GENYO)	Granada
Luis Javier Martínez	Responsable de Genómica del Centro de Investigación de Genómica y Oncología (GENYO)	Granada
Fuencisla Matesanz del Barrio	Instituto de Parasitología y Biomedicina López-Neyra (IPBLN), CSIC	Granada
Eduardo Pareja	CEO - ERA 7,	Granada
Javier Pérez Florido	Genomics & Bioinformatics Platform of Andalusia (GBPA)	Sevilla
Francisco Perfectti	Departamento de Genética, GR	Granada
Víctor Potenciano	CEO - Poten Dynamics,	Granada
Hilario Ramírez	Dpto. de Bioquímica.	Granada
Antonio Rueda	Genomics & Bioinformatics Platform of Andalusia (GBPA)	Sevilla
Ignacio Rojas Ruiz	Dto. de Arquitectura y Tecnología de Computadores, UGR	Granada

DIRECCIÓN Y COORDINACIÓN DEL CURSO

- **Alberto Prieto Espinosa**, *catedrático del departamento de Arquitectura y Tecnología de Computadores.*
- **María del Mar Abad Grau**, *profesora titular del departamento de Lenguajes y Sistemas Informáticos.*
- **Ignacio Rojas**, *catedrático del departamento de Arquitectura y Tecnología de Computadores de la Universidad de Granada y Director del Centro de Investigación TIC de la Universidad de Granada (CITIC-UGR).*
- **Fuencisla Matesanz del Barrio**, *investigadora del Instituto de Parasitología y Biomedicina López-Neyra (IPBLN) de Granada, CSIC.*

OTRAS CONSIDERACIONES ADMINISTRATIVAS

Inscripción: 120 € (Se puede solicitar beca de inscripción hasta el 23 de junio; hasta el 15% de alumnos matriculados).

Este curso es reconocido en la UGR con 3 créditos de libre configuración en titulaciones a extinguir.

Toda la información administrativa sobre el curso puede encontrarse en: www.centromediterraneo.com