

BIOINFORMÁTICA



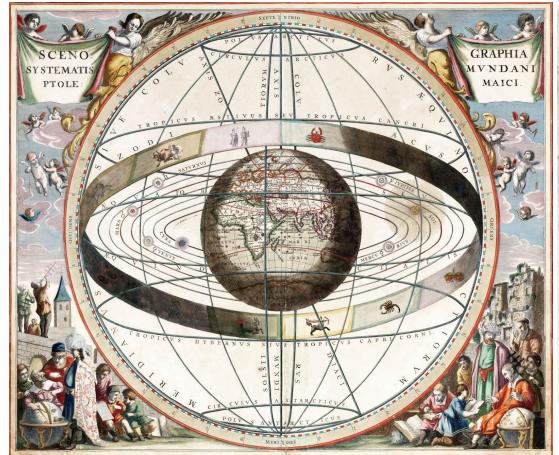
Prof. Ana Julia Velez Rueda Grupo de Bioinformática Estructural (SBG)







Stonehenge es un monumento ritual prehistórico situado en Inglaterra, fechado entre los últimos periodos del neolítico (finales de la edad de piedra) y los primeros de la edad del bronce (2400 y el 2200 a.C). Las piedras están alineadas siguiendo patrones astronómicos. En el solsticio de verano, el sol salía justo atravesando el eje de la construcción.





Izq. Esquema de la teoría geocéntrica de Plotomeo de Alejandía (100 D.C) . Der. Dibujo del Homúnculo.

SCIENCE

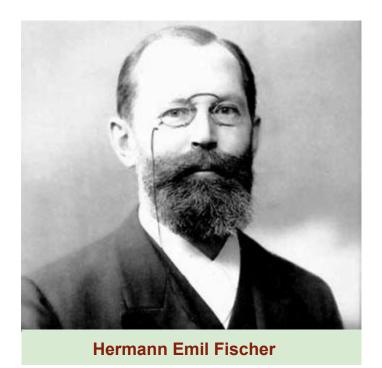




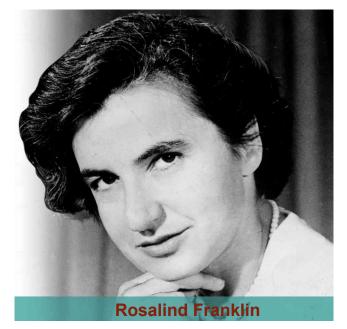
"Para entender los sistemas biológicos se debe lograr un mayor conocimiento

de las sustancias que se encuentran en los seres vivos."

Jean Rostand



1902 descripción del enlace peptídico



Determinación del modelo de la doble hélice del ADN en 1953



Proyecto Genoma Humano Se inicia en 1990 y finaliza en 2016.

La difusión de las nuevas técnicas para secuenciar el ADN y las proteínas, así como el volumen cada vez mayor de secuencias almacenadas en los bancos de datos, hicieron necesaria la creación de algoritmos a fin de catalogar y comparar secuencias.

¿Qué es la Bioinformática? ¿Y cuál es su objetivo?

Sabemos que buscar patrones y estructuras inherentes a los datos biológicos.

Existen múltiples definiciones:

"El uso de computadores para la adquisición, manejo y análisis de la información biológica"

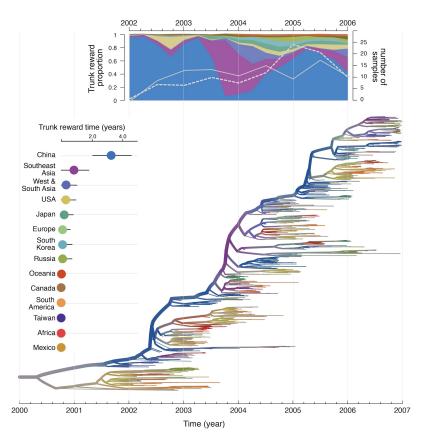
"Se podría afirmar que es el campo de la ciencia que se ocupa del manejo computacional de todas las clases de información biológica, bien sea de genes o sus productos, de organismos o aun de ecosistemas"



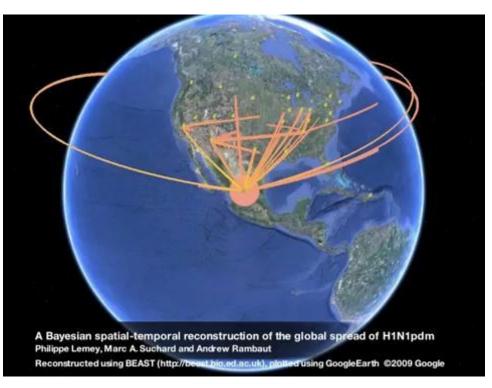
Margaret Oakley Dayhoff
Se la reconoce como pionera.

"Atlas de secuencia y estructura
de proteínas" (1965)

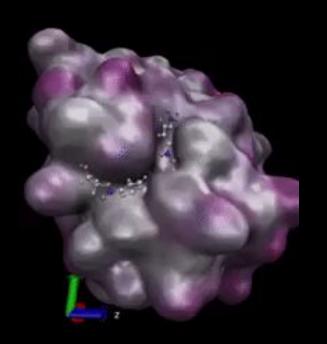
Dayhoff desarrolló métodos computacionales para comparar secuencias proteicas y a partir de los alineamientos entre ellas investigar las relaciones y por tanto la historia evolutiva entre los diferentes reinos, phyla y taxa biológicos.



Unifying Viral Genetics and Human Transportation Data to Predict the Global Transmission Dynamics of Human Influenza H3N2. Lemey et.al. Plos Pathogens.



A Bayesian spatial-temporal model for the global spread of H1N1. Lemey et.al. Plos Pathogens. Lemey et.al.Plos Current Influenza.



¿Qué nos proponemos en la materia?

- Obtener una visión general de la Bioinformática, así como sus campos de aplicación: Introducción a la Bioinformática.
- Incorporar herramientas computacionales y tecnológicas básicas para el análisis de datos genómicos y/o proteómicos para su aplicación: Biología en bits.
- Presentar y analizar algoritmos que permiten abordar problemas Biológicos y que sean de aplicación real: Sistemas Biológicos y su análisis.
- Problematizar y repensar la Ciencia de datos a la luz del pensamiento científico: Ciencia de Datos o Ciencia con datos.

¿Y uds qué se proponen?