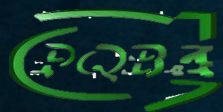




I TALLER DE BIOINFORMÁTICA: DISEÑO
Y ANÁLISIS DE PRIMERS E INFERENCIA
FILOGENÉTICA MOLECULAR

Diciembre 16 - 19 de 2019. Chiclayo, Perú

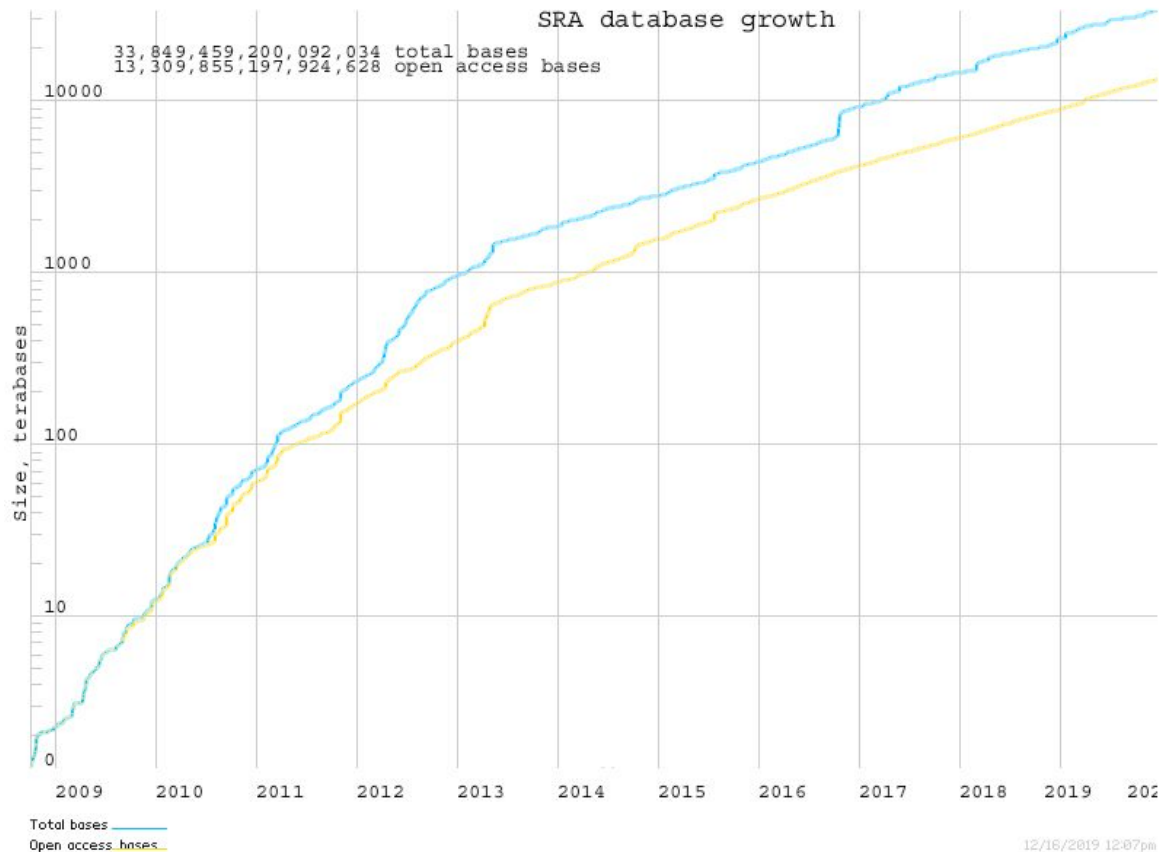


¿ Qué es la Bioinformática?

Fernanda Luz P Costa

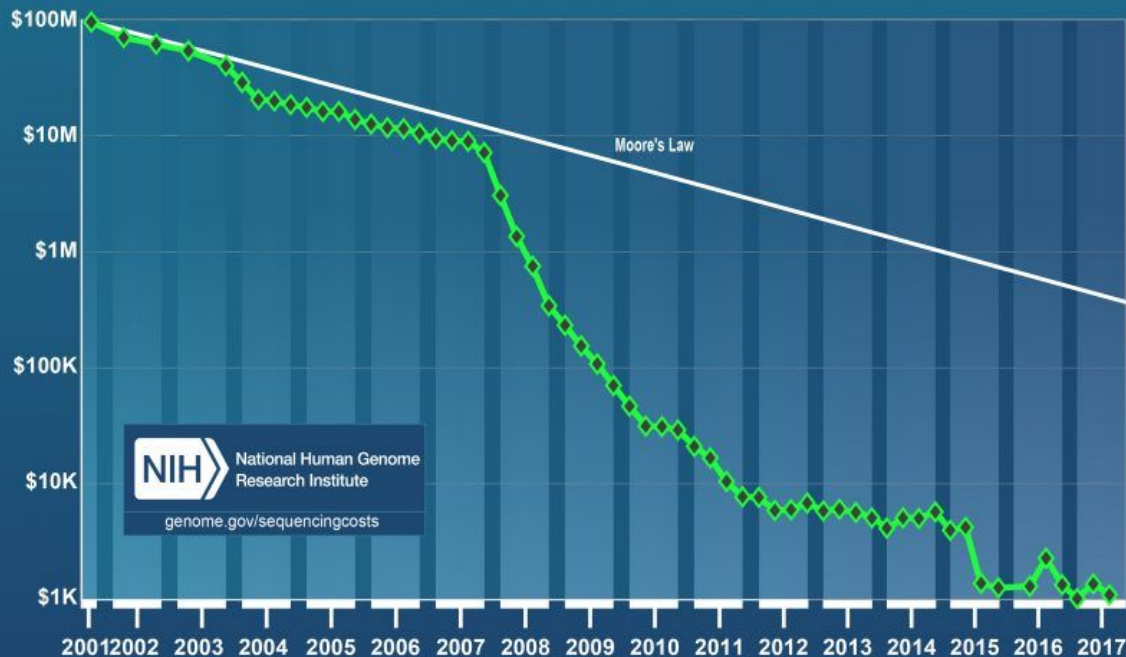
“Un libro escaneado normal de 200 a 300 páginas ocuparía 1 megabyte. En nuestro laboratorio tenemos un espacio de almacenamiento de 100 terabytes, serían 100 millones de libros.”

João Setubal

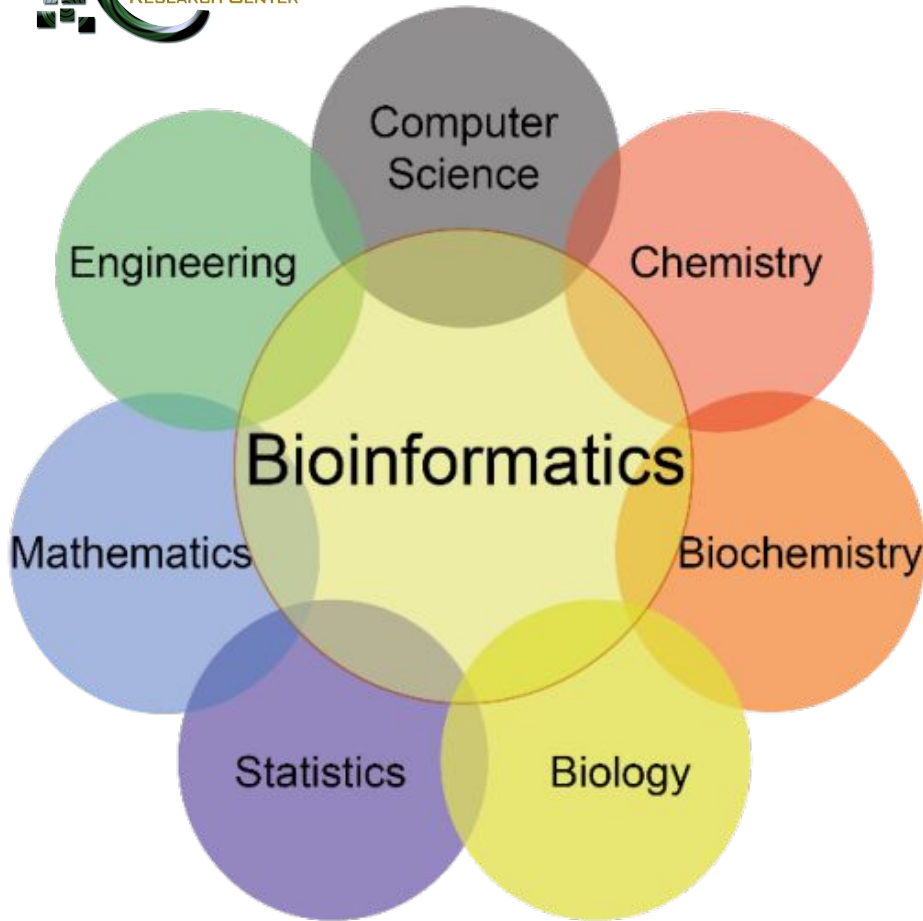


12/16/2019 12:07pm

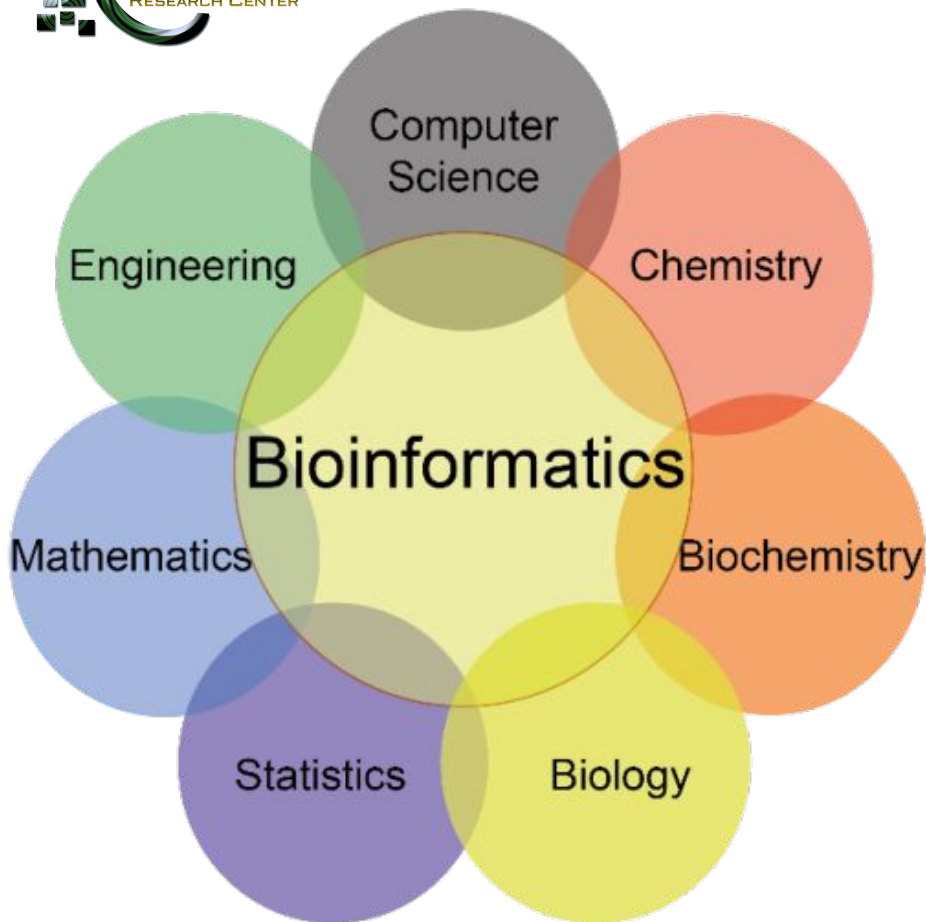
Cost per Genome



A principios de la década de 2000, “para secuenciar el genoma de una bacteria, el costo era de \$ 1 por base, es decir, de \$ 5 millones a \$ 5 millones de bases. Hoy en día, esta misma secuencia cuesta 100 dólares para ser secuenciada”, ejemplifica.



La bioinformática es conceptualizar la biología en términos de macromoléculas (en el sentido de la química física) y luego aplica técnicas de "informática" (derivadas de disciplinas como las matemáticas aplicadas, la informática y la estadística) para comprender y organizar la información asociada con estas moléculas, a gran escala



“Es un matrimonio feliz entre
las áreas.”

João Setubal

Tres partes de la bioinformática

1. Creación de bases de datos

La organización, el almacenamiento y la gestión de los conjuntos de datos biológicos

2. Desarrollo de algoritmos y estadísticas

Desarrollo de herramientas y recursos para determinar la relación entre los miembros de grandes conjuntos de datos

3. **Análisis de datos e interpretación**

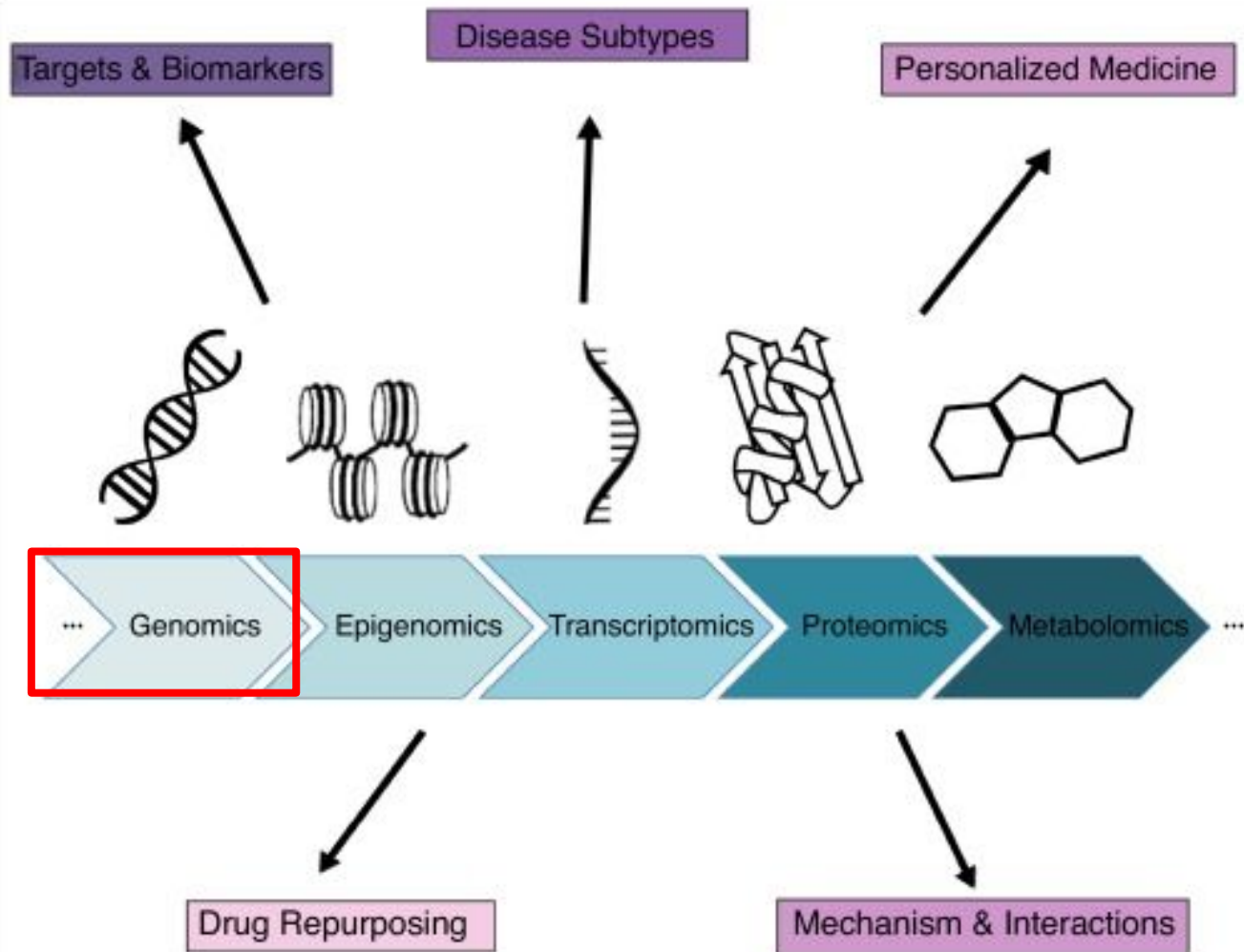
El uso apropiado de las partes 1 y 2 para analizar los datos e interpretar los resultados de una manera biológicamente significativa

Tipos de datos

Estructuras macromoleculares, secuencias del genoma y los resultados de experimentos de genómica funcional (por ejemplo, datos de expresión). La información adicional incluye el texto de artículos científicos y "datos de relación" de rutas metabólicas, árboles de taxonomía y redes de interacción proteína-proteína.

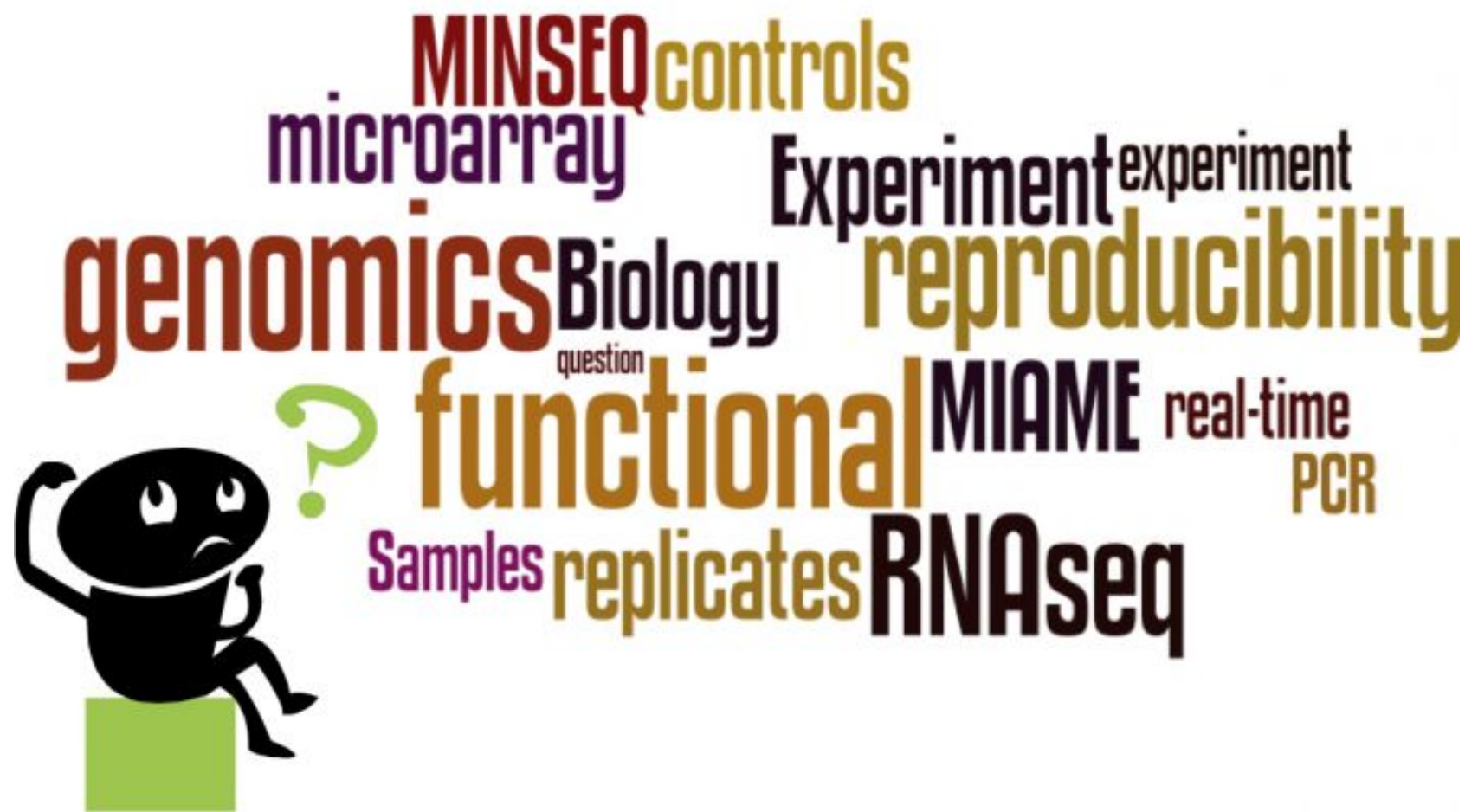
Biologia
Molecular
+
Big Data
=
OMICS

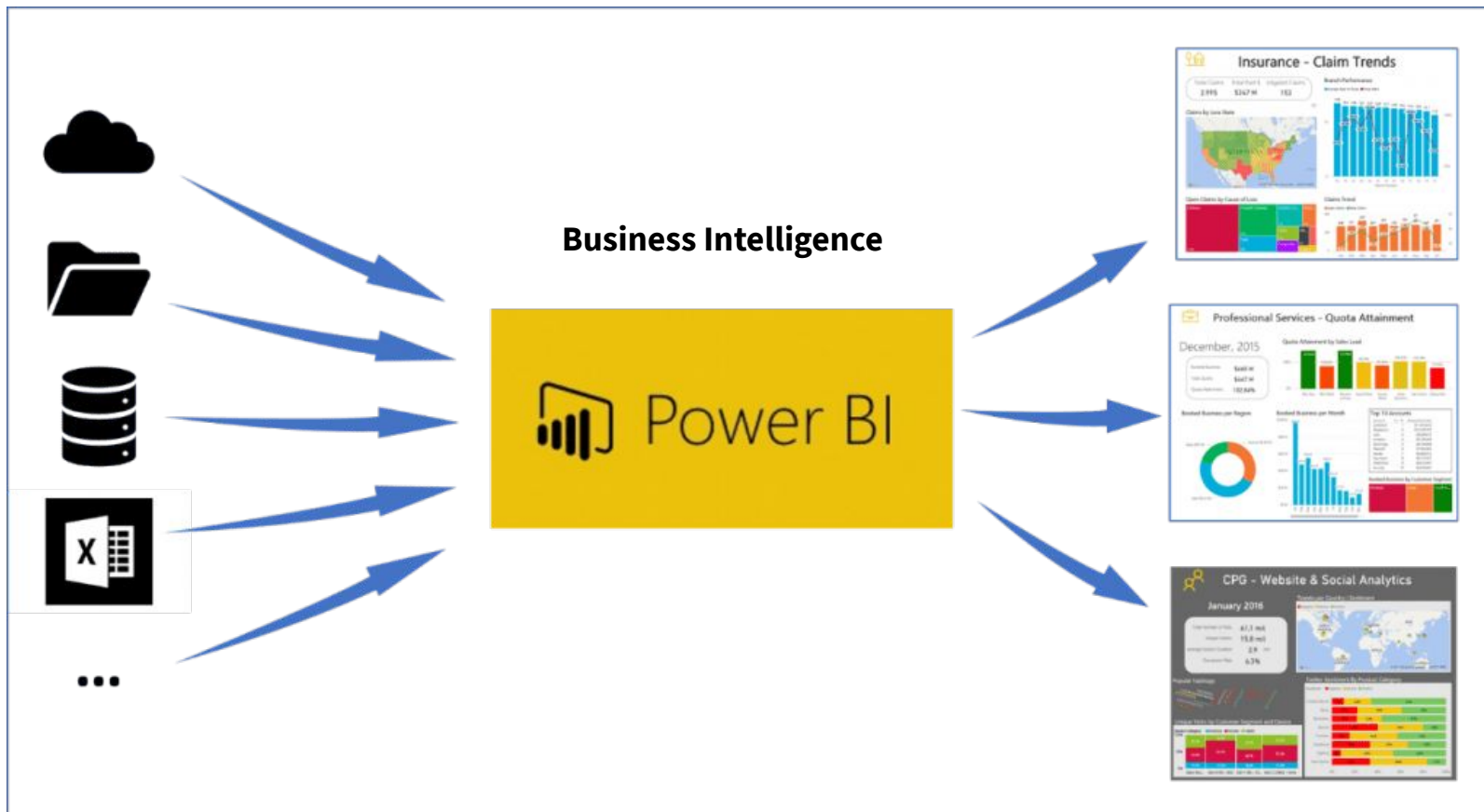
Kedaigle y Fraenkel, 2018



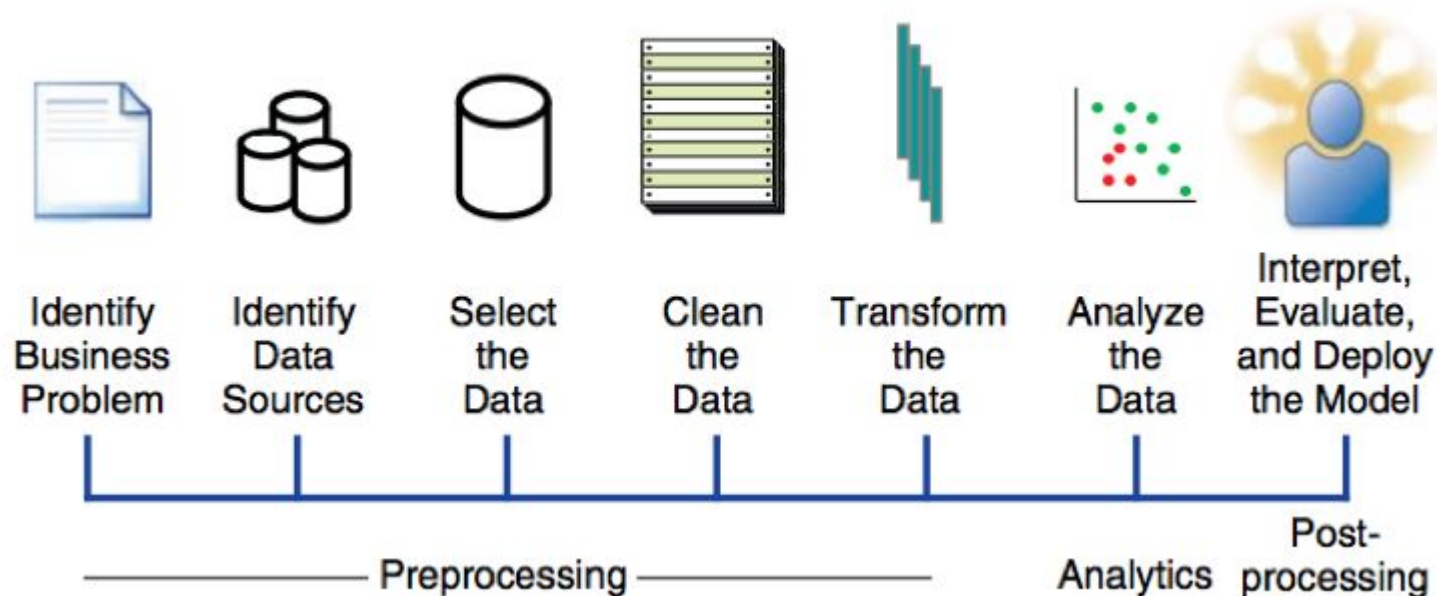
El proceso de Análisis de Datos

Fernanda Luz P Costa





Overview of the Analytics Process Model

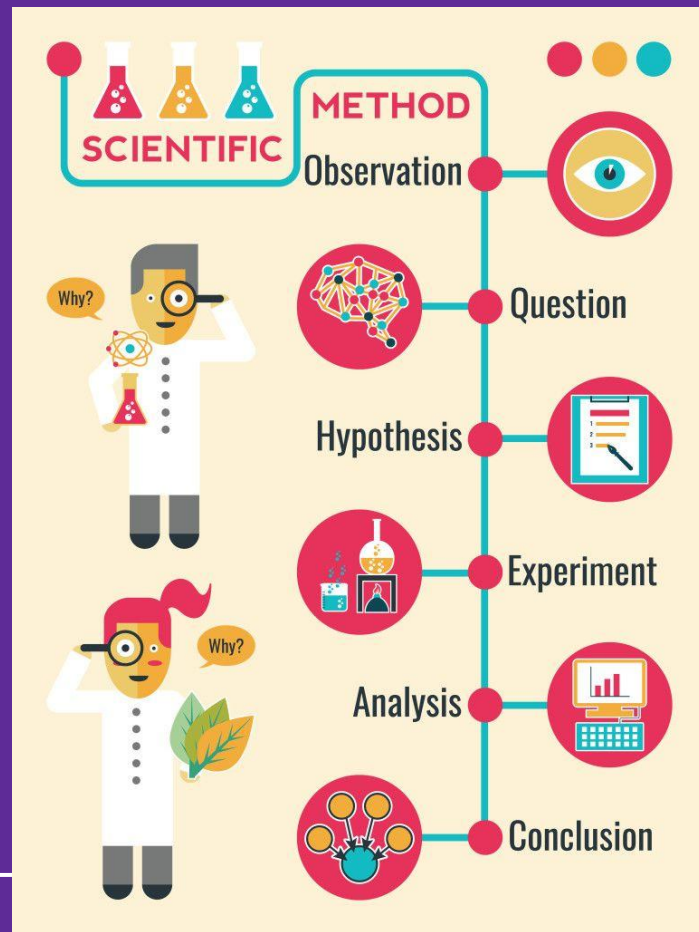
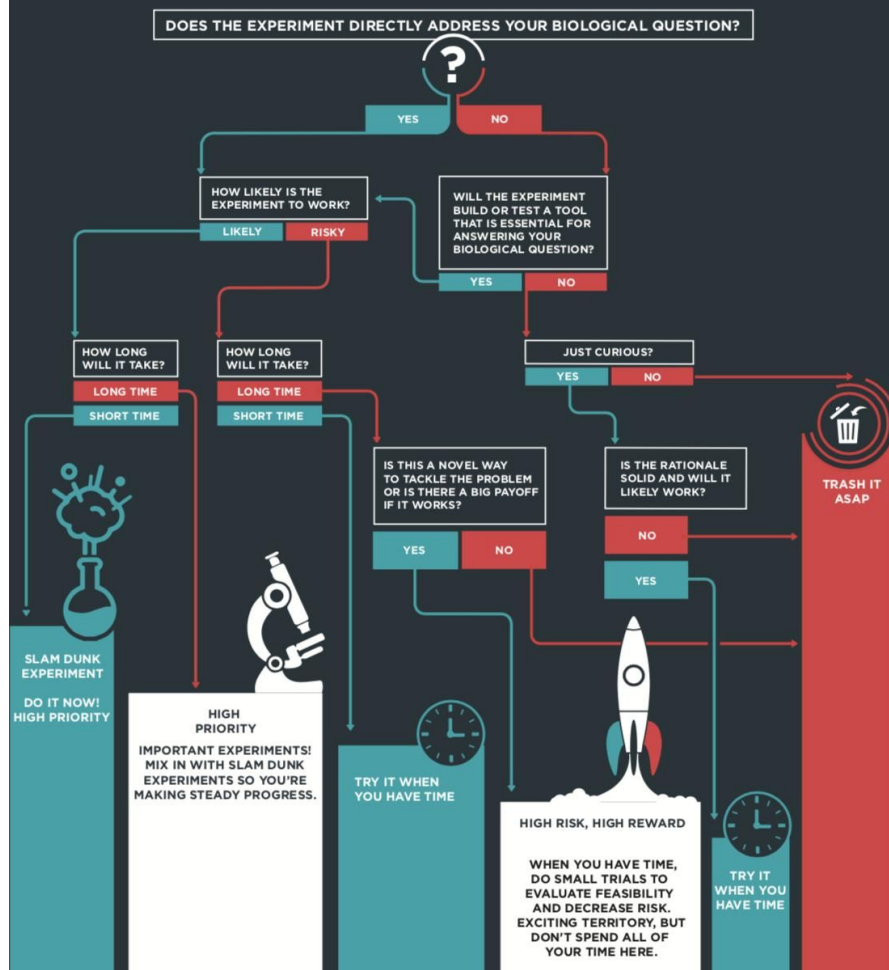




¿Cómo aplicar los
métodos de inteligencia
empresarial a la
bioinformática?

WHAT EXPERIMENT TO DO NEXT

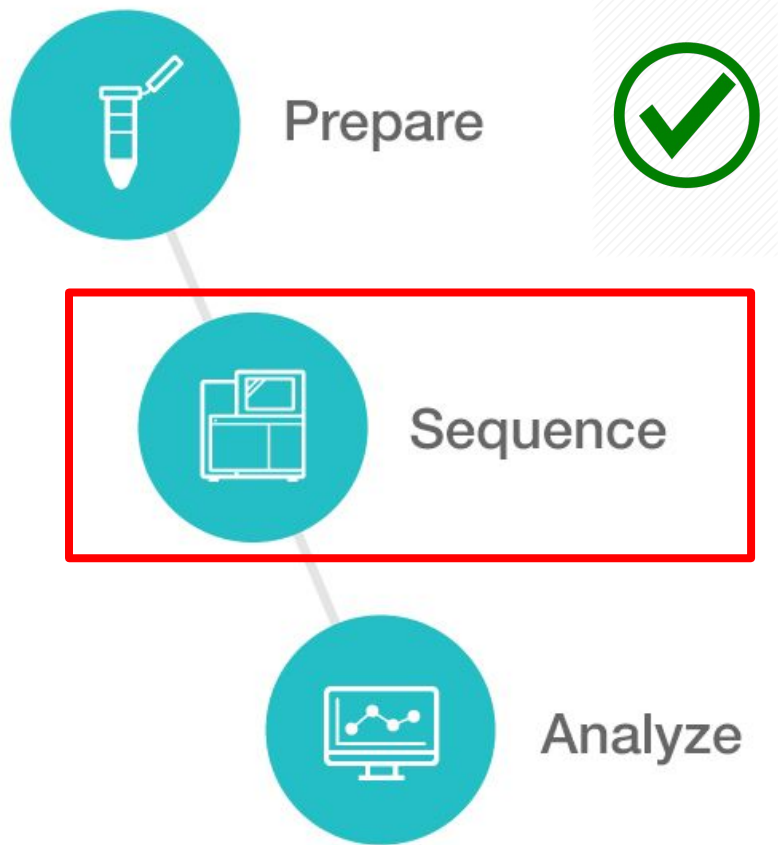
ADAPTED FROM "ON PRIORITIZING EXPERIMENTS" BY P. AVASTHI



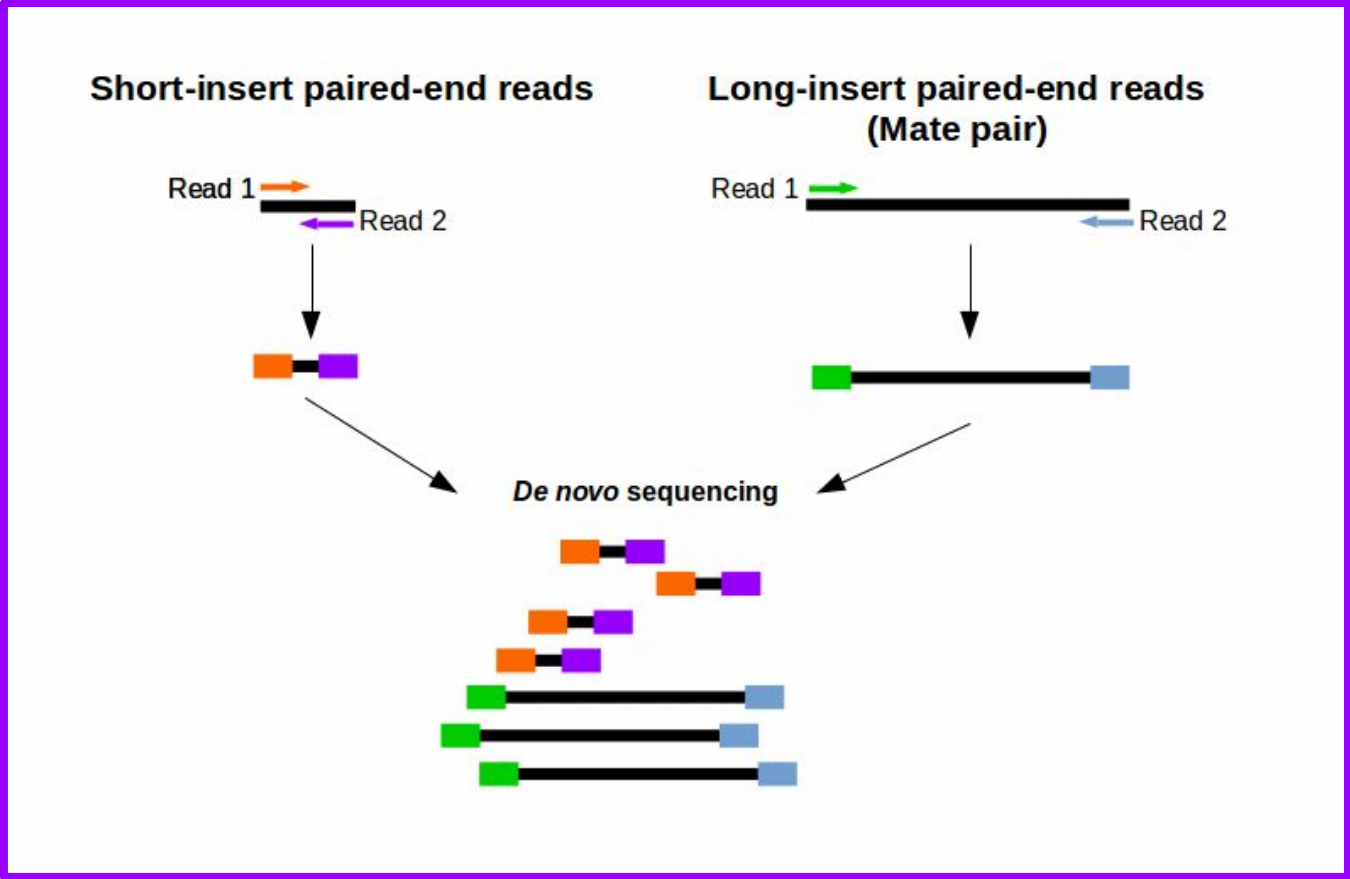
Conceptos básicos de secuenciación masiva

Fernanda Luz P Costa



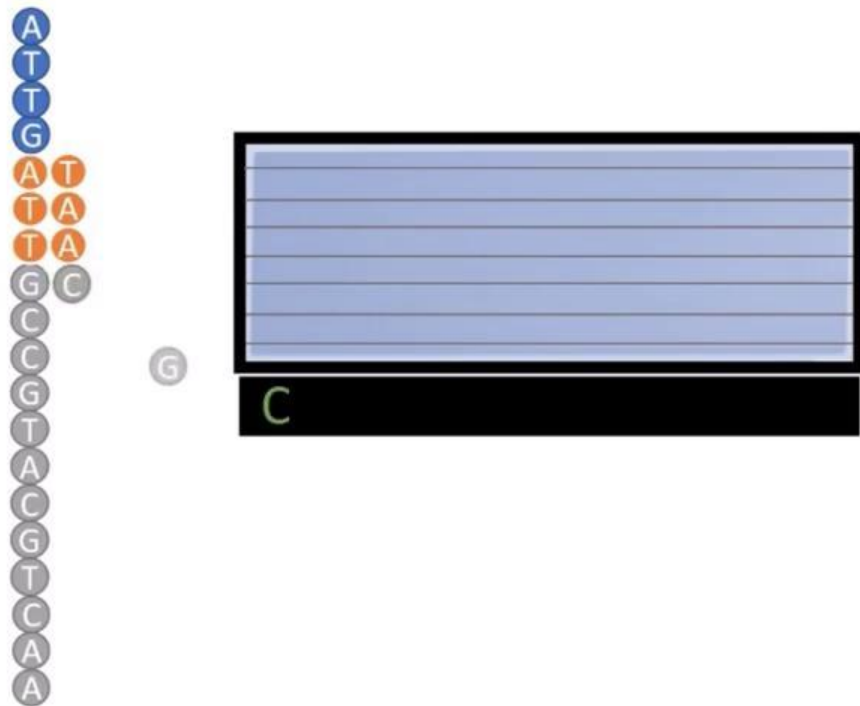


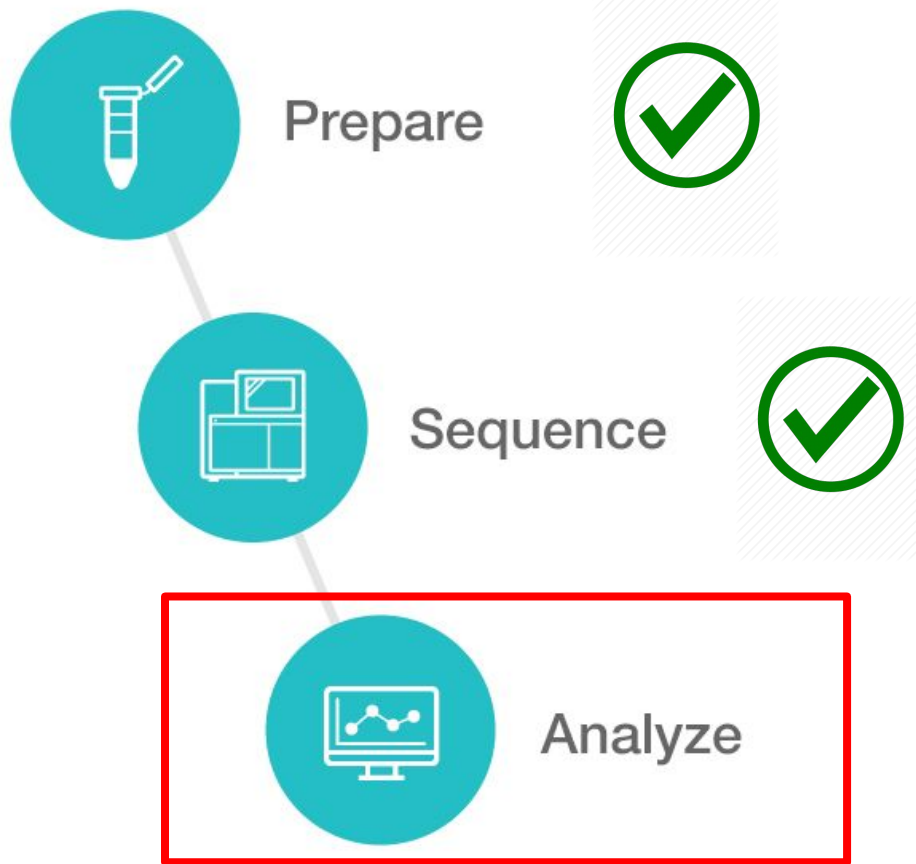
Para recordar ...



4 Principales pasos

Secuenciación





Ensamblaje de genomas

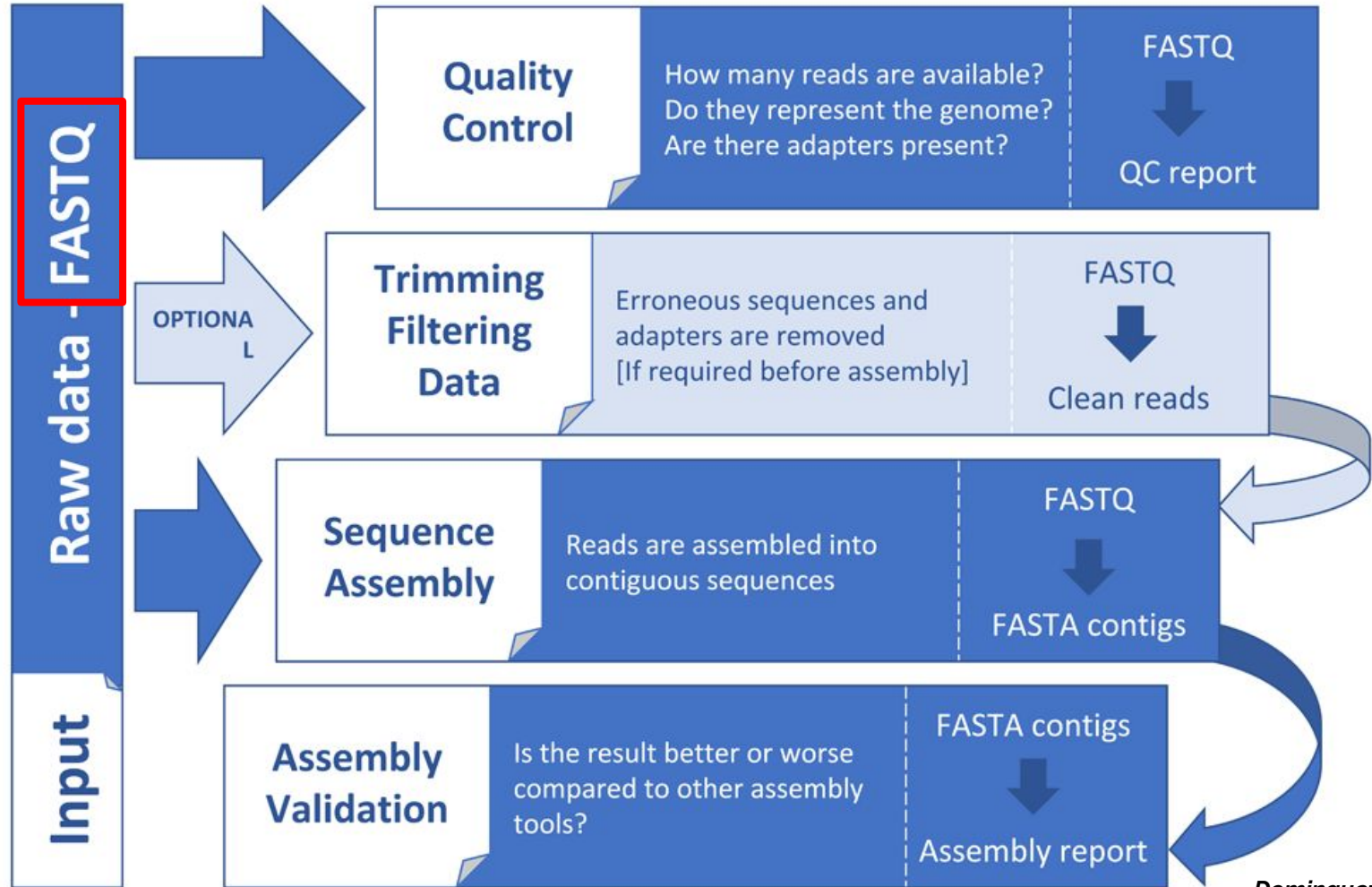
Fernanda Luz P Costa

PHASE : INTERPRETATION
TWO :

SEIDMAN The Star Ledger

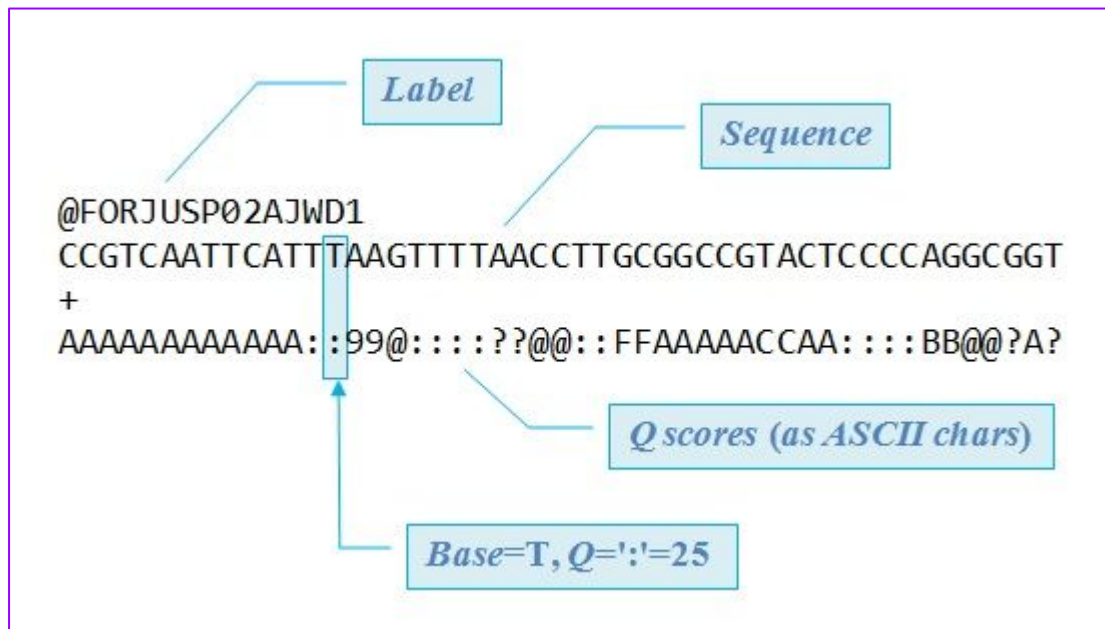


??



Archivo FastQ

Secuencia y
calidad por base



Phred Score

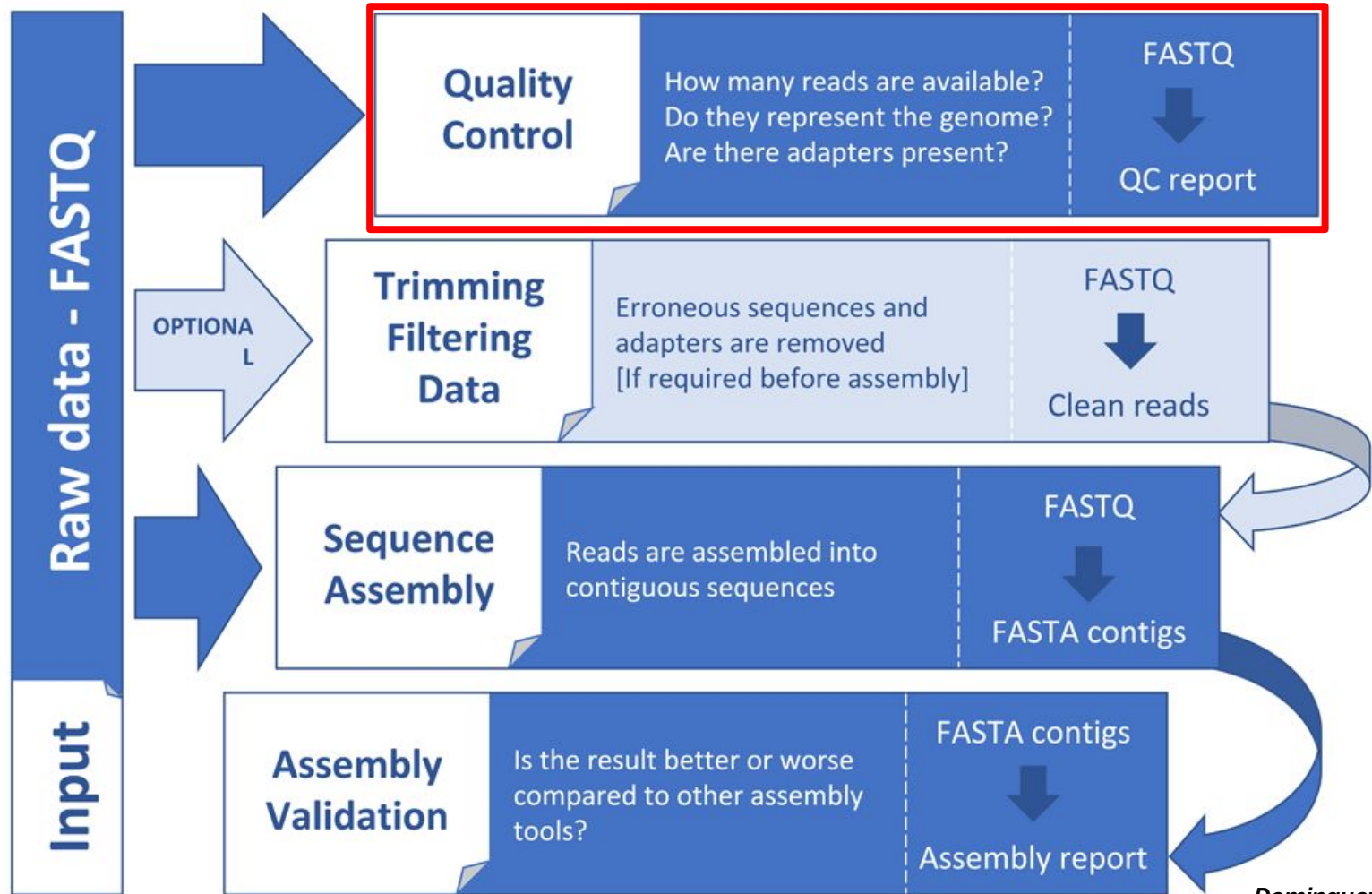
Calidad de las bases de los fragmentos (reads)

```
+SEQ_ID
! ' ' * ( ( ( * * * + ) ) % % % + + ) ( % % % % ) . 1 * *
```

A quality value Q is an integer representation of the probability p that the corresponding base call is incorrect.

$$Q = -10 \log_{10} P \quad \longrightarrow \quad P = 10^{-\frac{Q}{10}}$$

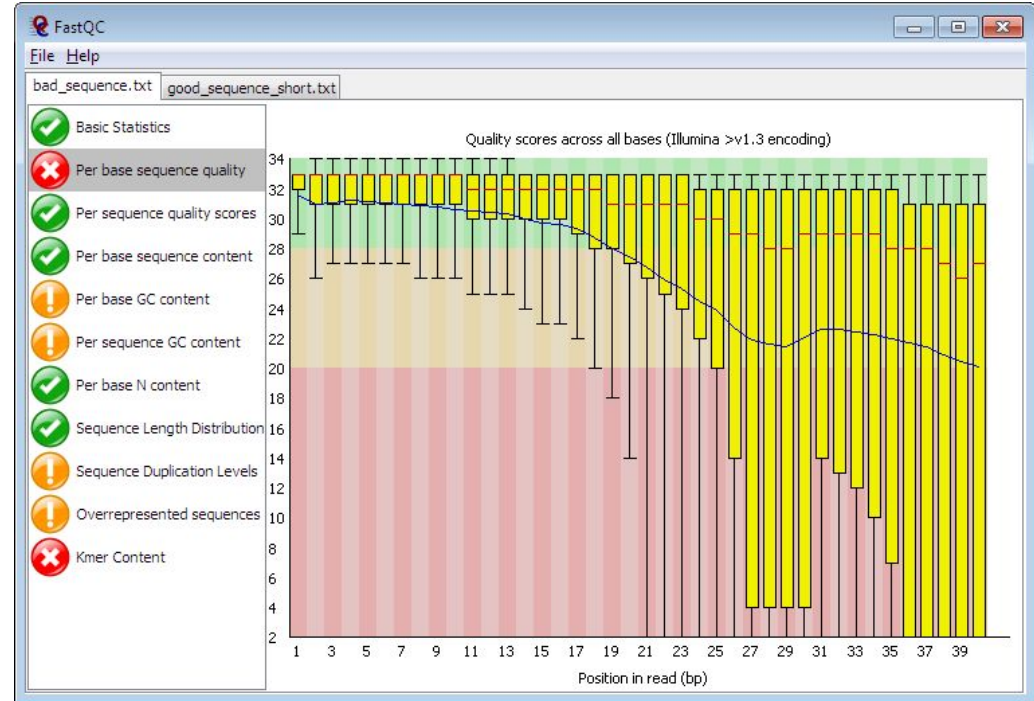
Phred Quality Score	Probability of incorrect base call	Base call accuracy
10	1 in 10	90%
20	1 in 100	99%
30	1 in 1000	99.9%
40	1 in 10000	99.99%
50	1 in 100000	99.999%

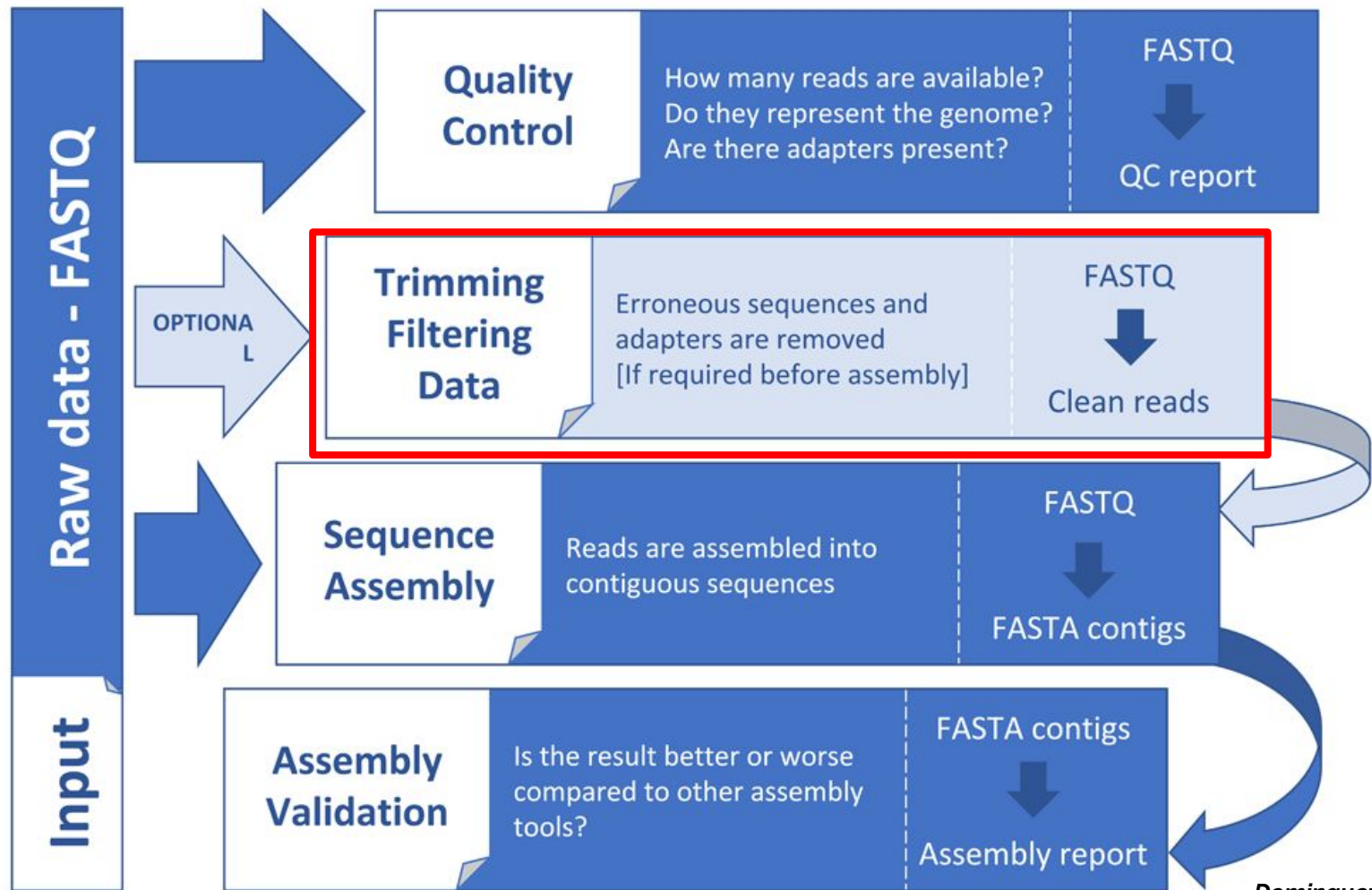


Actividad 2 - FastQC

Instalar FastQC

<https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>

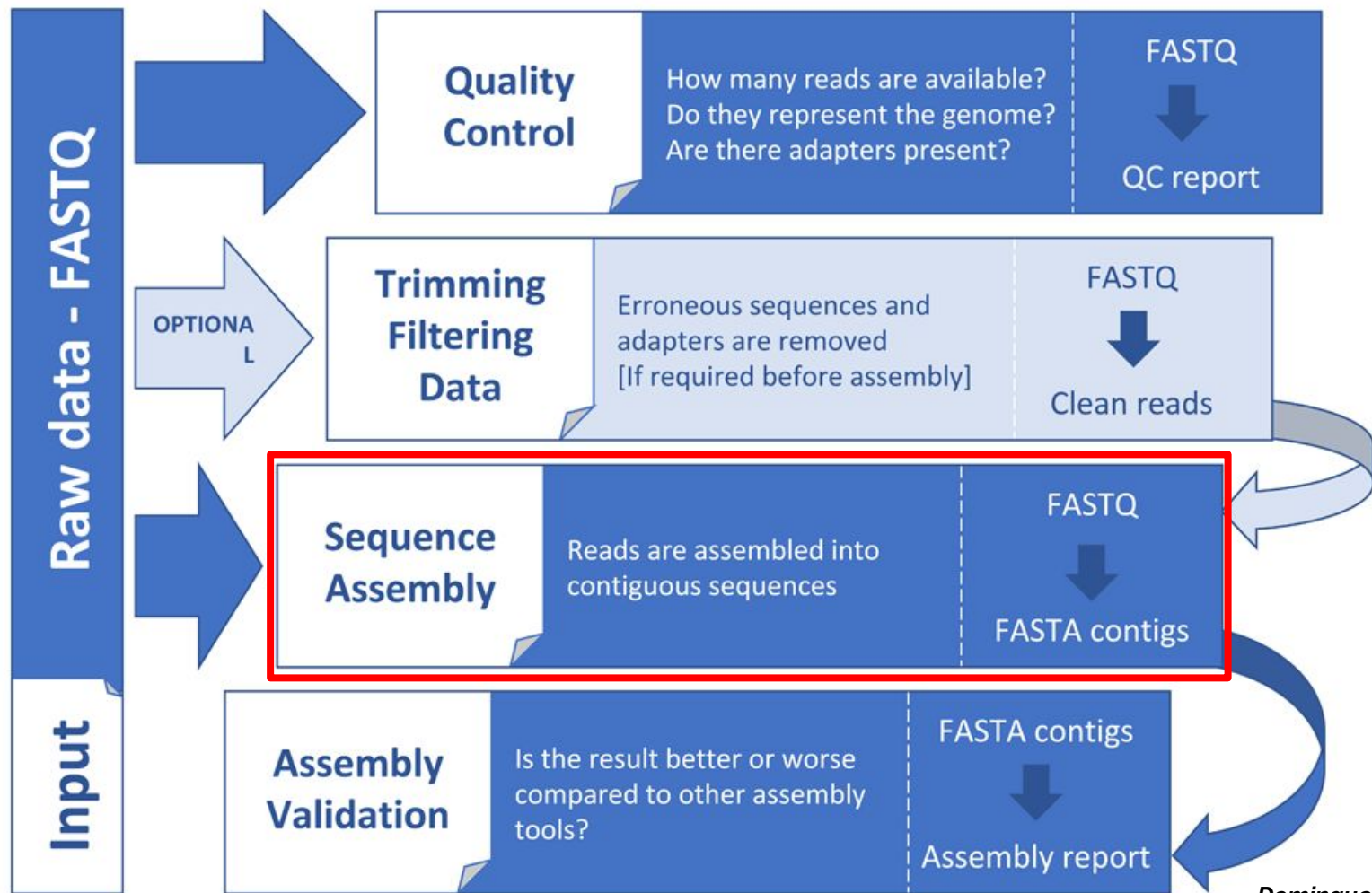


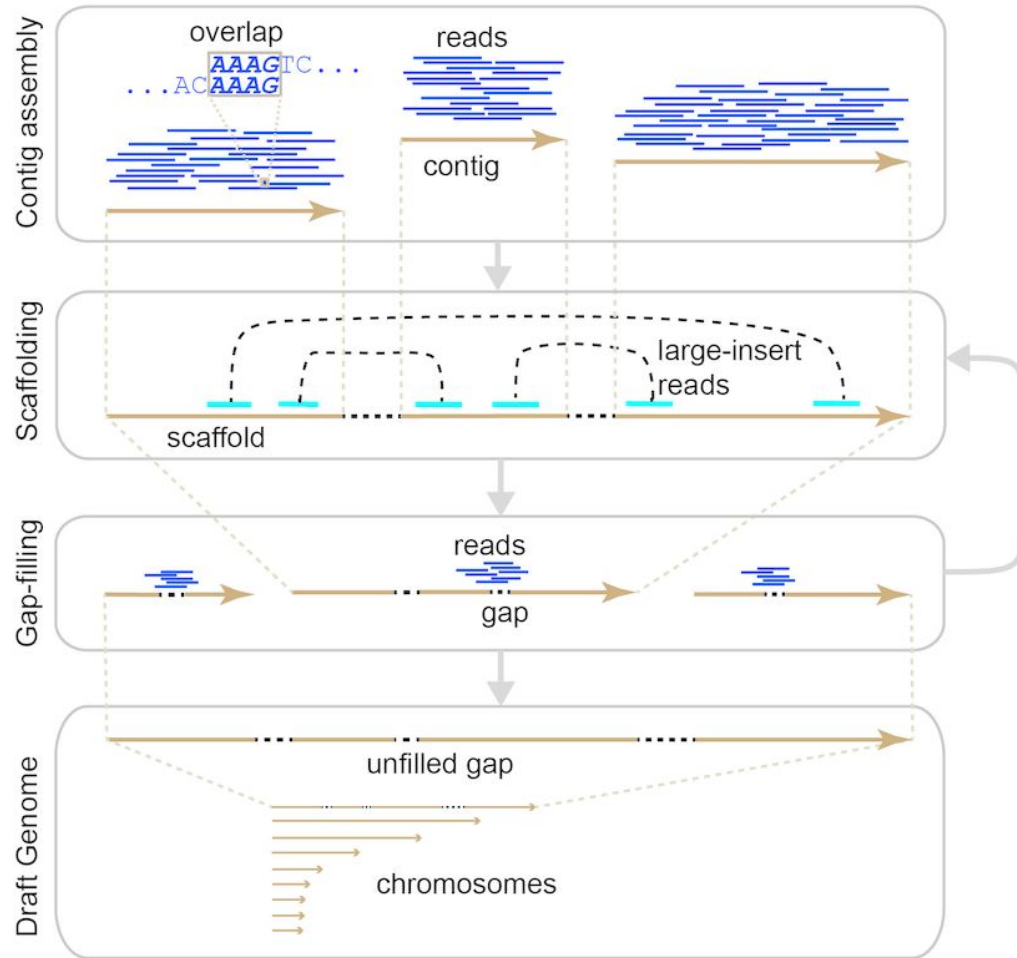


Trimmomatic

A flexible read trimming tool for Illumina
NGS data

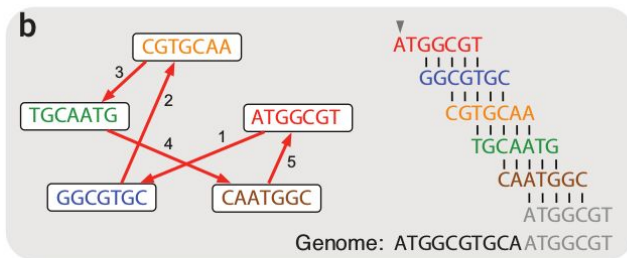
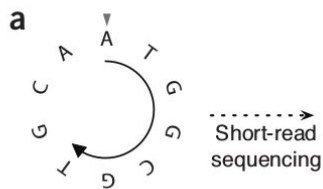
<http://www.usadellab.org/cms/?page=trimmomatic>





De Novo Ensamblaje

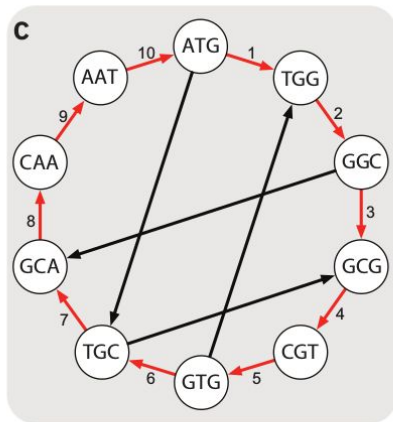
¿Cuáles son las ventajas y limitaciones de esta técnica?



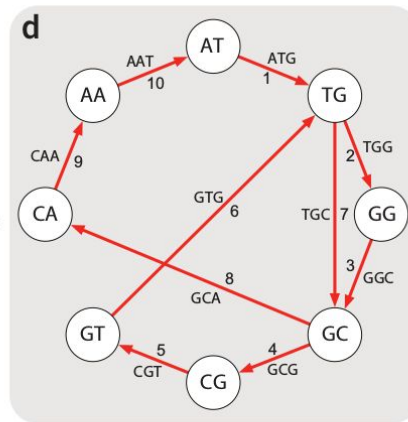
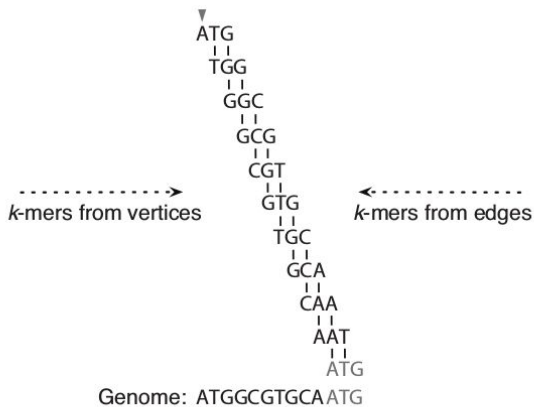
Grafos de Bruijn

Vertices are k -mers
Edges are pairwise alignments

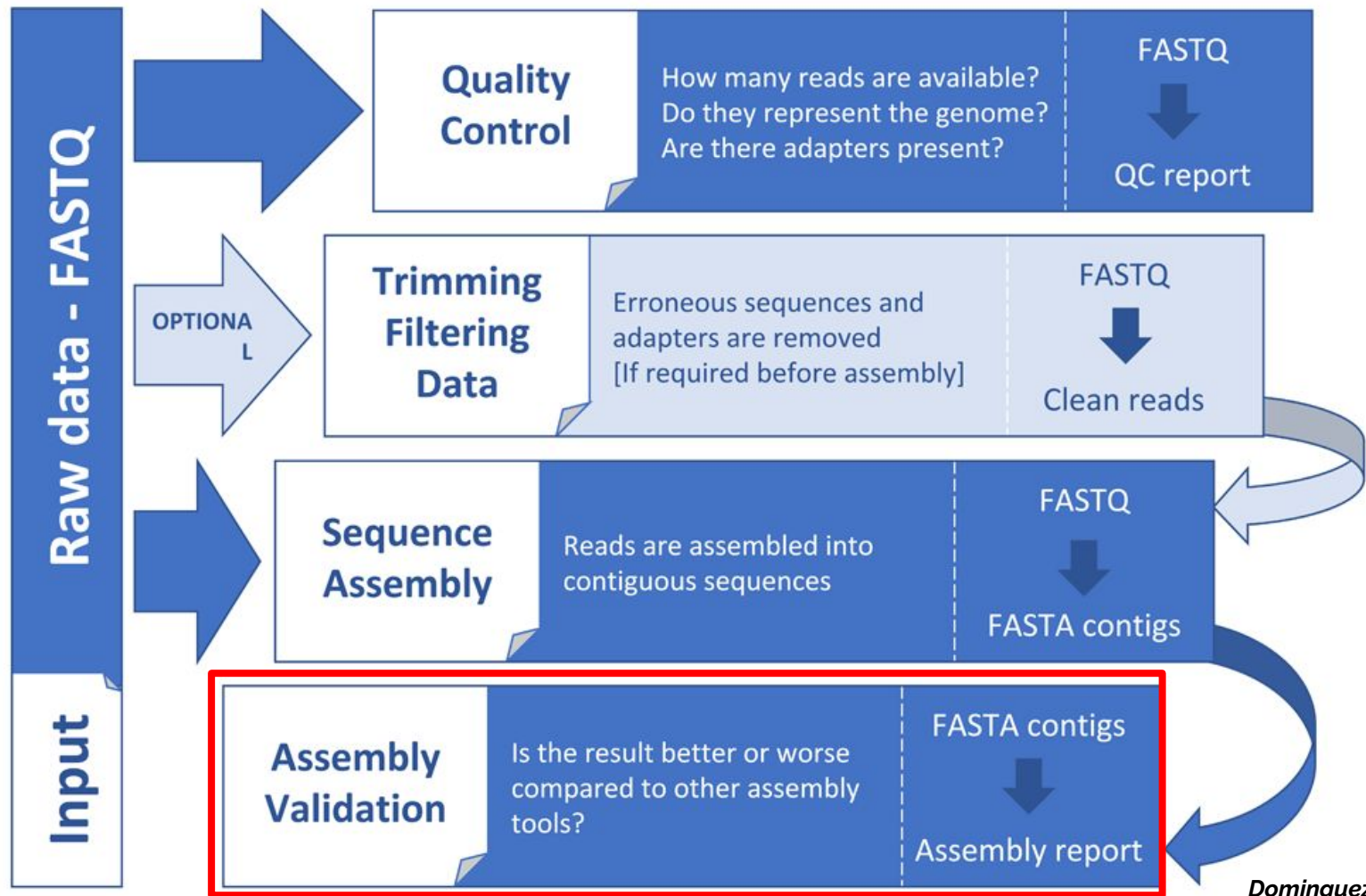
Vertices are $(k-1)$ -mers
Edges are k -mers



Hamiltonian cycle
Visit each vertex once
(harder to solve)



Eulerian cycle
Visit each edge once
(easier to solve)



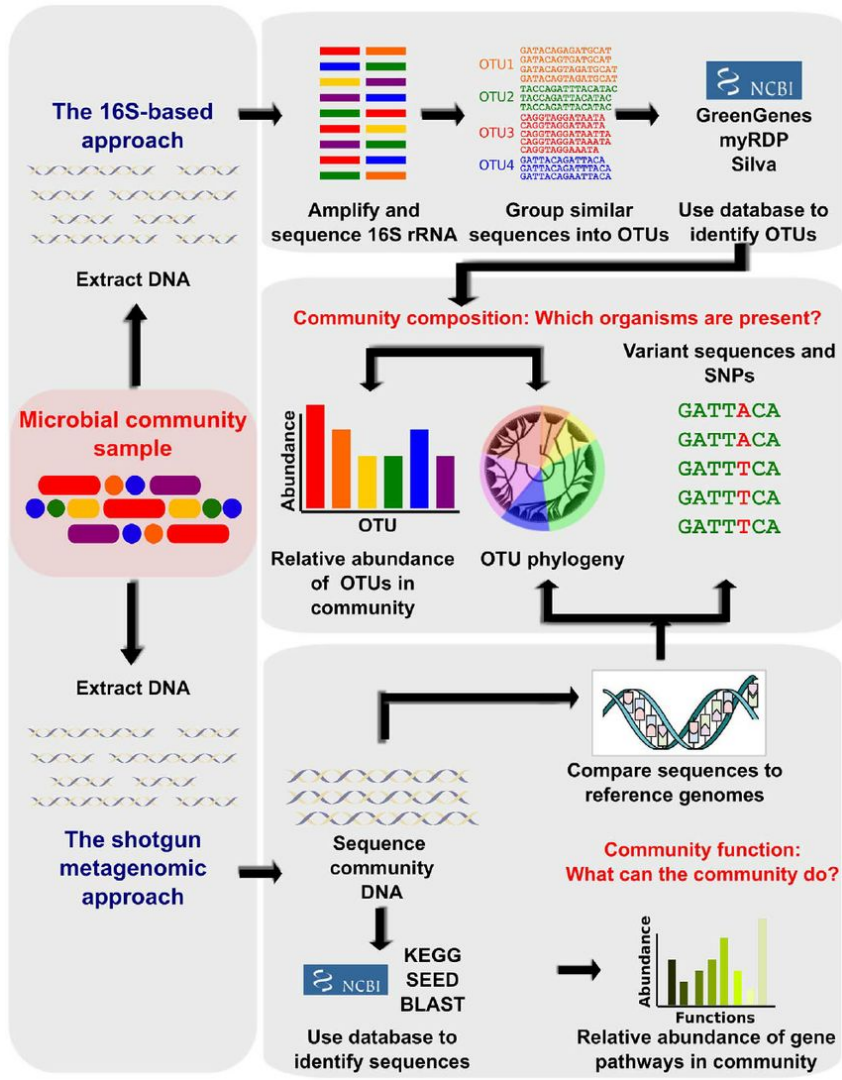
QUAST

Quality Assessment Tool for Genome
Assemblies

<http://bioinf.spbau.ru/quast>

Introducción al análisis de Metagenómica

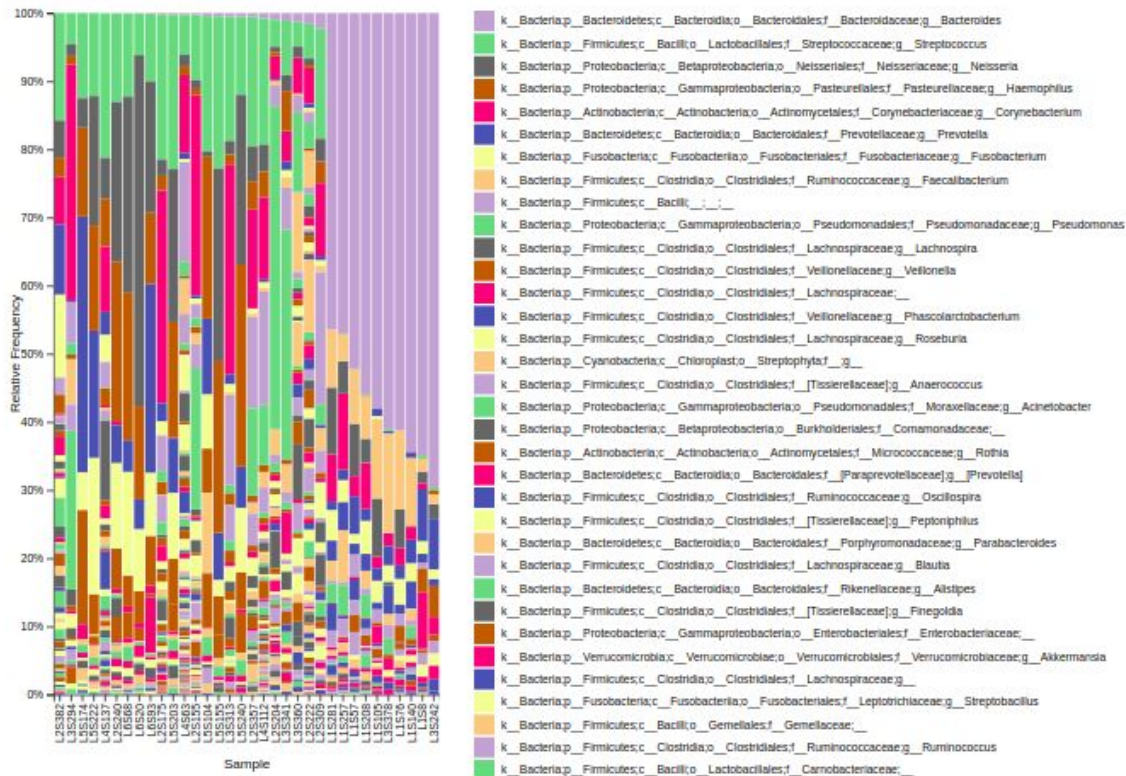
Fernanda Luz P Costa



- diversidad de la vida;
- nuevas moléculas de utilidad biotecnológica como biomarcadores, nuevos antibióticos, nuevos medicamentos naturales;
- comportamiento microbiótico y su huésped o entorno;
- identificación de nuevas especies.



qiime2docs





Fernanda Luz P Costa

fernandalpcosta@gmail.com
consultoriabiocom@gmail.com



Biocom

<https://www.consultoriabiocom.com/>

Referencias Bibliograficas

- Dominguez Del Angel V, Hjerde E, Sterck L *et al*. Ten steps to get started in Genome Assembly and Annotation [version 1; peer review: 2 approved]. *F1000Research* 2018, 7(ELIXIR):148 (<https://doi.org/10.12688/f1000research.13598.1>)
- Luscombe NM, Greenbaum D, Gerstein M. What is bioinformatics? A proposed definition and overview of the field. *Methods Inf Med*. 2001;40(4):346–358.
- Kedaigle A, Fraenkel E. Turning omics data into therapeutic insights. *Current Opinion in Pharmacology*. 2018; 4:95-101.
- Sohn, jang-il & Nam, Jin-Wu. (2016). The present and future of de novo whole-genome assembly. *Briefings in Bioinformatics*. 19. bbw096. 10.1093/bib/bbw096.
- Morgan, Xochitl & Huttenhower, Curtis. (2012). Chapter 12: Human Microbiome Analysis. *PLoS computational biology*. 8. e1002808. 10.1371/journal.pcbi.1002808.