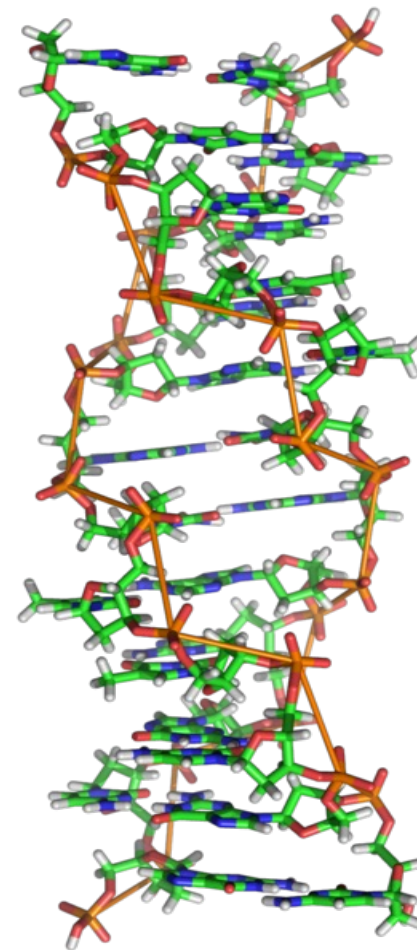
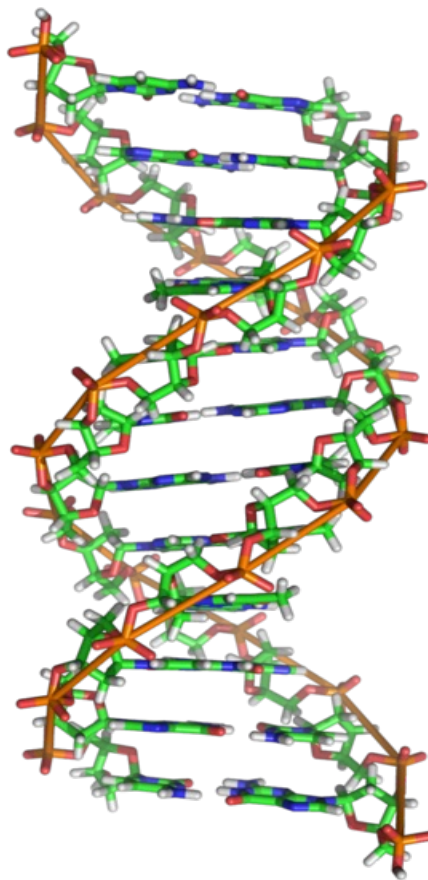
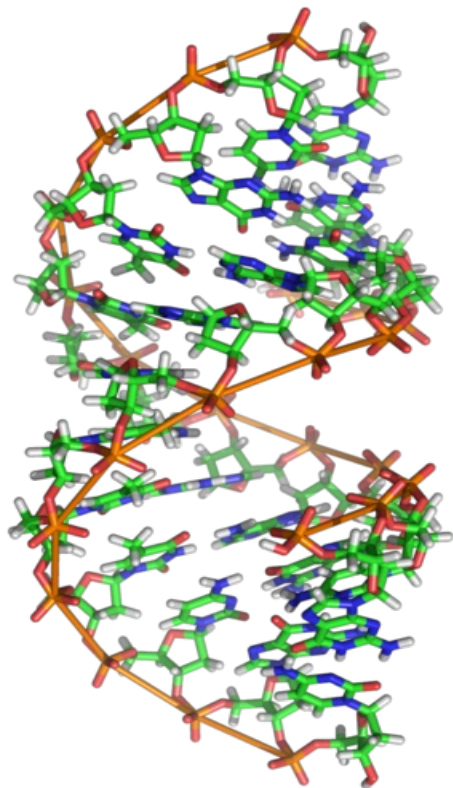




La bioinformática permite investigar, desarrollar y aplicar herramientas informáticas y computacionales para permitir y mejorar el manejo de datos biológicos.

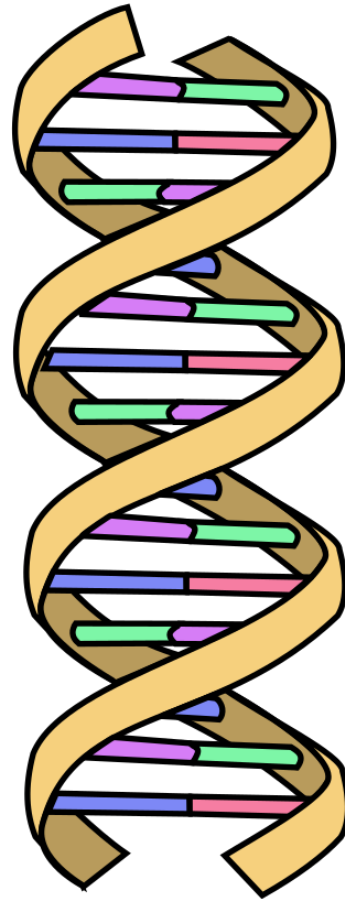


*La bioinformática permite investigar, desarrollar y aplicar herramientas informáticas y computacionales para permitir y mejorar el manejo de **datos biológicos**.*






ADN




 = Adenine

 = Thymine

 = Cytosine

 = Guanine

 = Phosphate
backbone



ADN

- Human Genome Project





ADN

- Human Genome Project





ADN

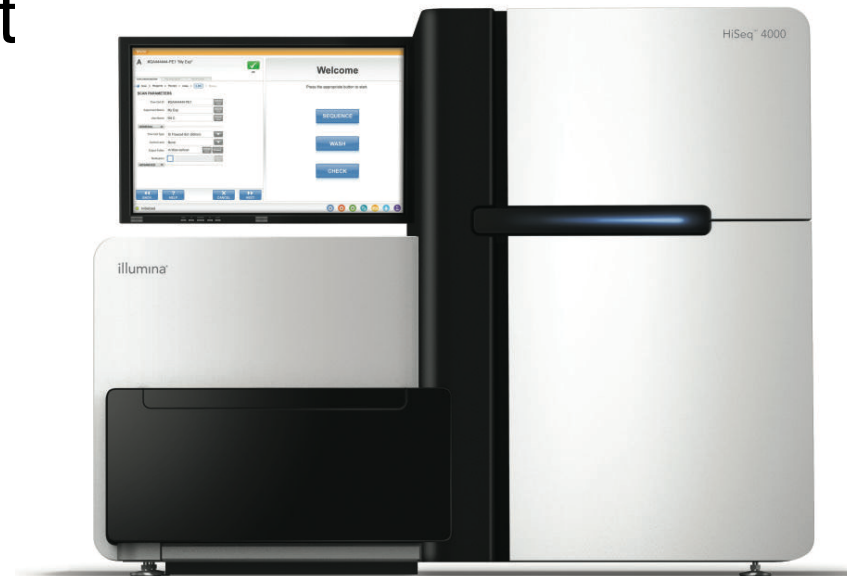
- Human Genome Project
- 3.000.000.000 bases
- 3.4 GB





ADN

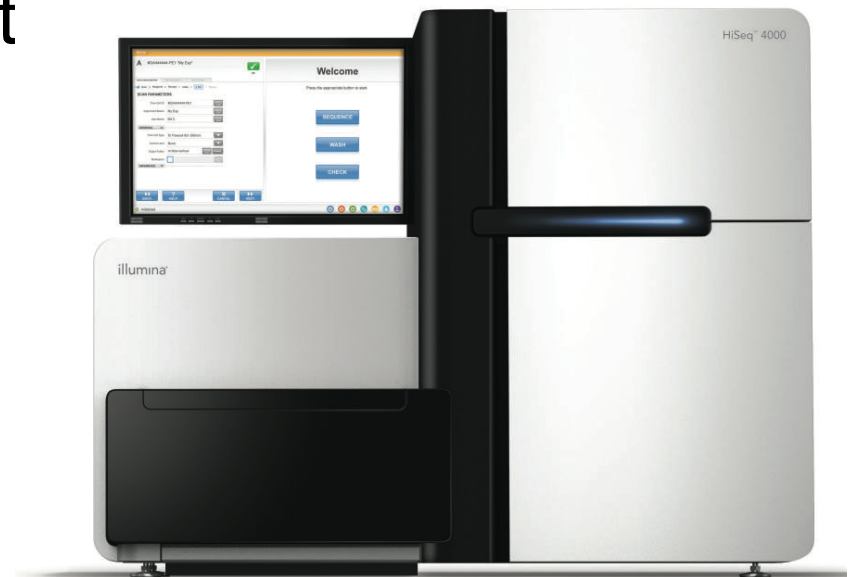
- Human Genome Project
- 3.000.000.000 bases
- 3.4 GB





ADN

- Human Genome Project
- 3.000.000.000 bases
- 3.4 GB



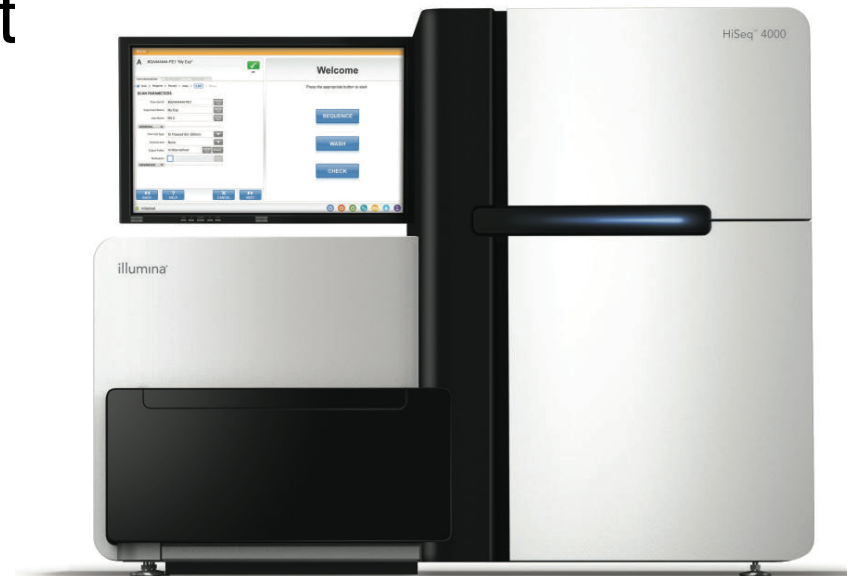
1.000.000 \$



ADN

- Human Genome Project
- 3.000.000.000 bases
- 3.4 GB

Coste del Human Genome Project:



1.000.000 \$

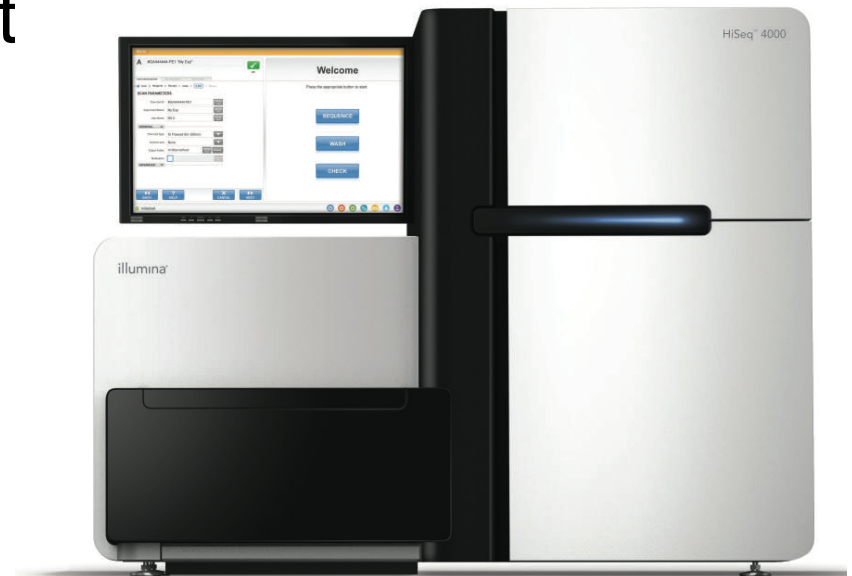


ADN

- Human Genome Project
- 3.000.000.000 bases
- 3.4 GB

Coste del Human Genome Project:

3.000.000.000 \$

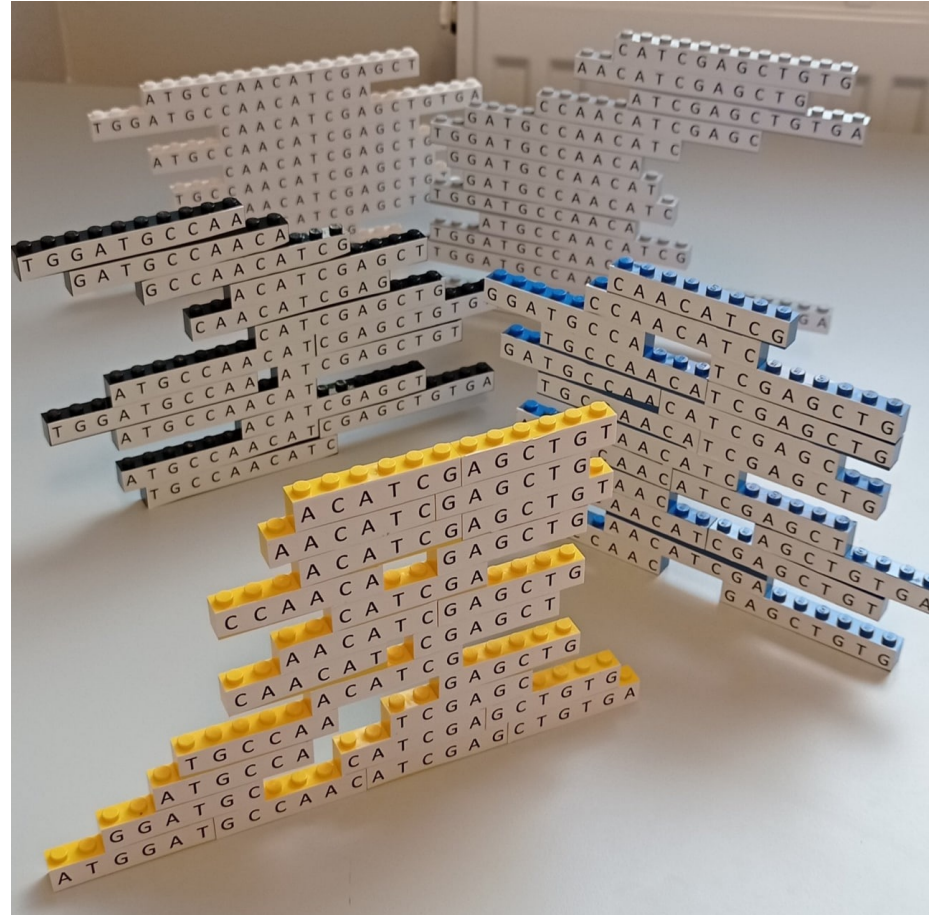


1.000.000 \$



ADN

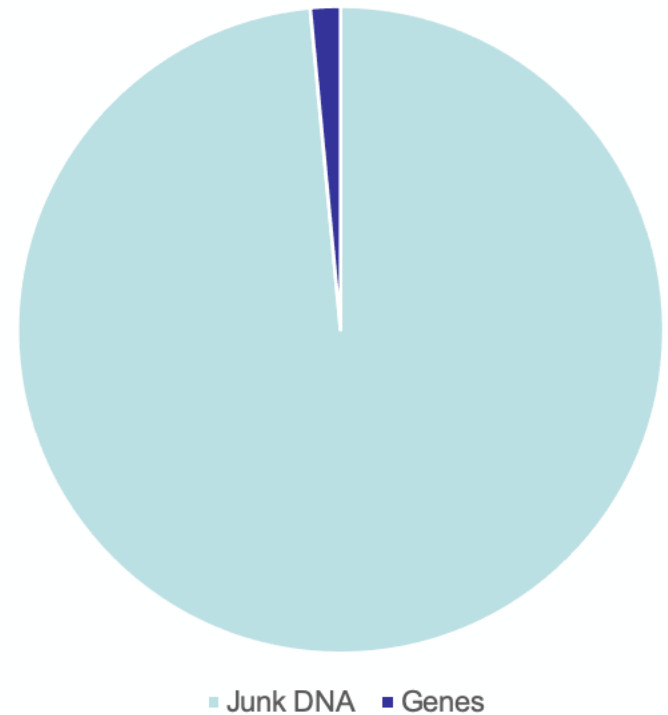
- Ensamblado:





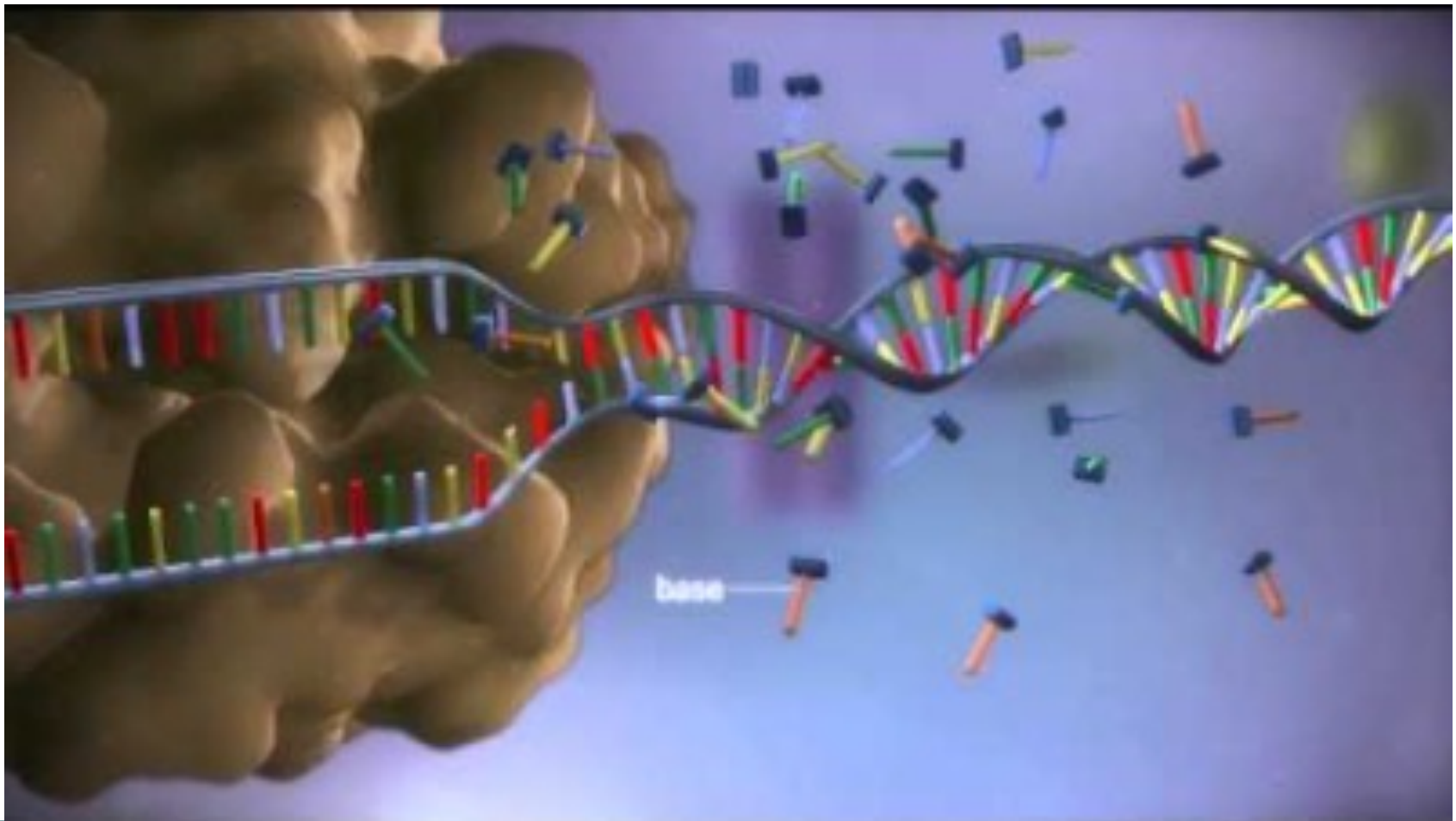
ADN

- Human Genome Project
- 3.000.000.000 bases
- 3.4 GB
- 1.5% del genoma: genes





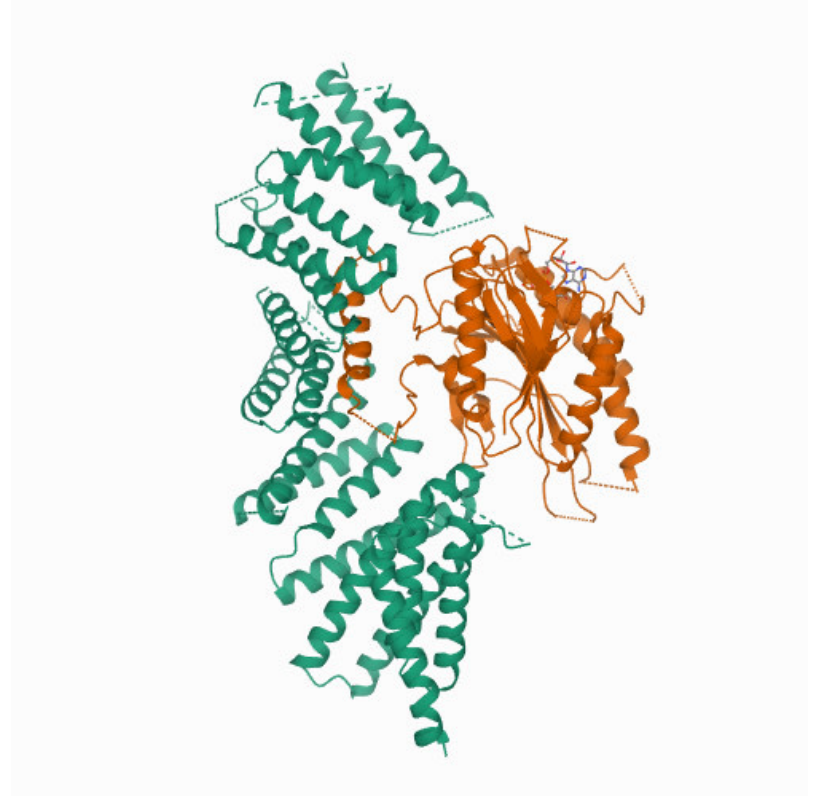
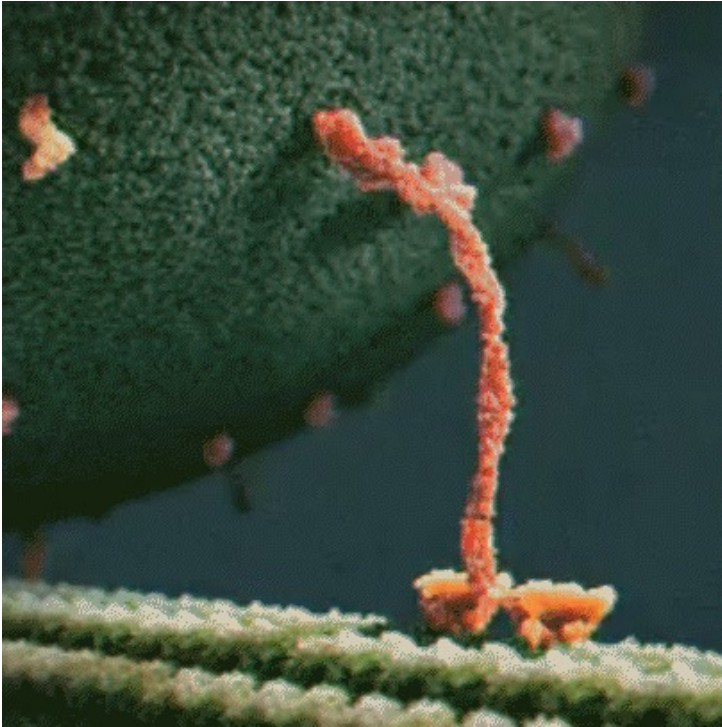
ARN





UNIVERSIDAD DE BURGOS

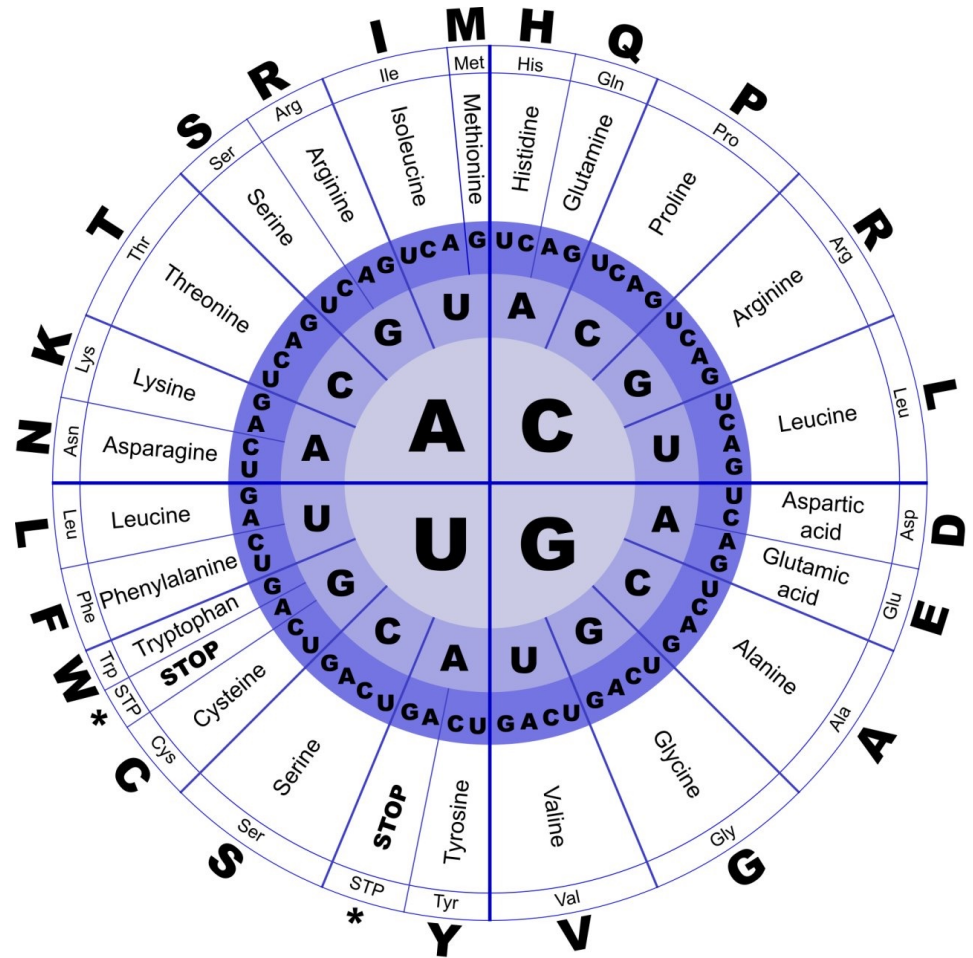
Proteínas



<https://bit.ly/3D6ZPH>



ADN: **ATGTGTCCATAG**



[illegible]

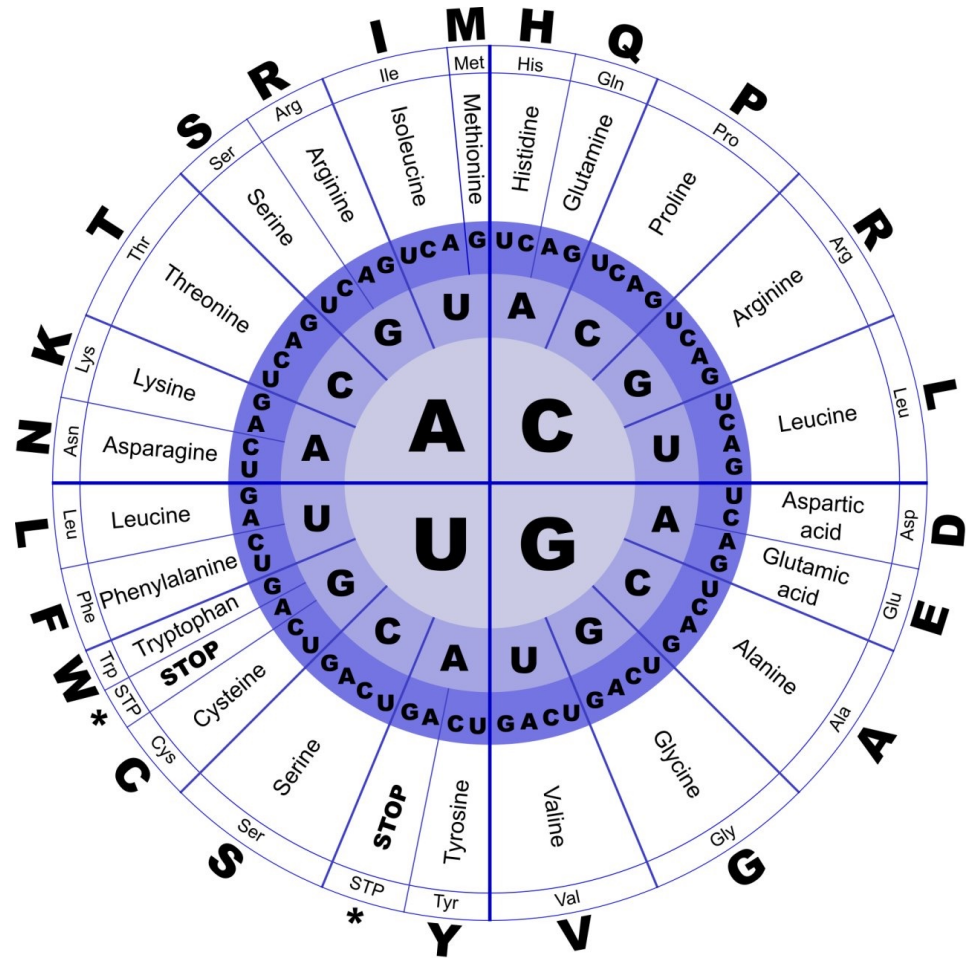
ARN:



Proteínas

ADN: **ATGTGTCCATAG**

ARN: AUGUGUCCAUG



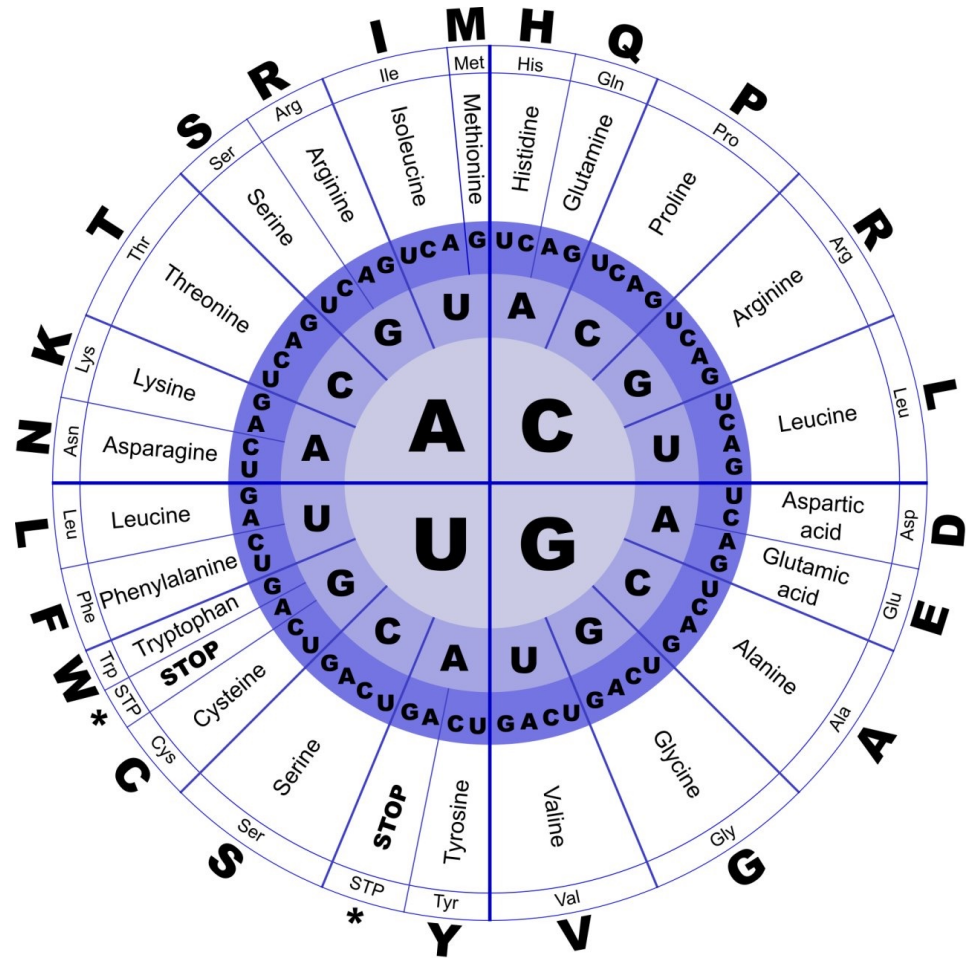


Proteínas

ADN: ATGTGTCCATAG

ARN: AUGUGUCCAUAG

P:



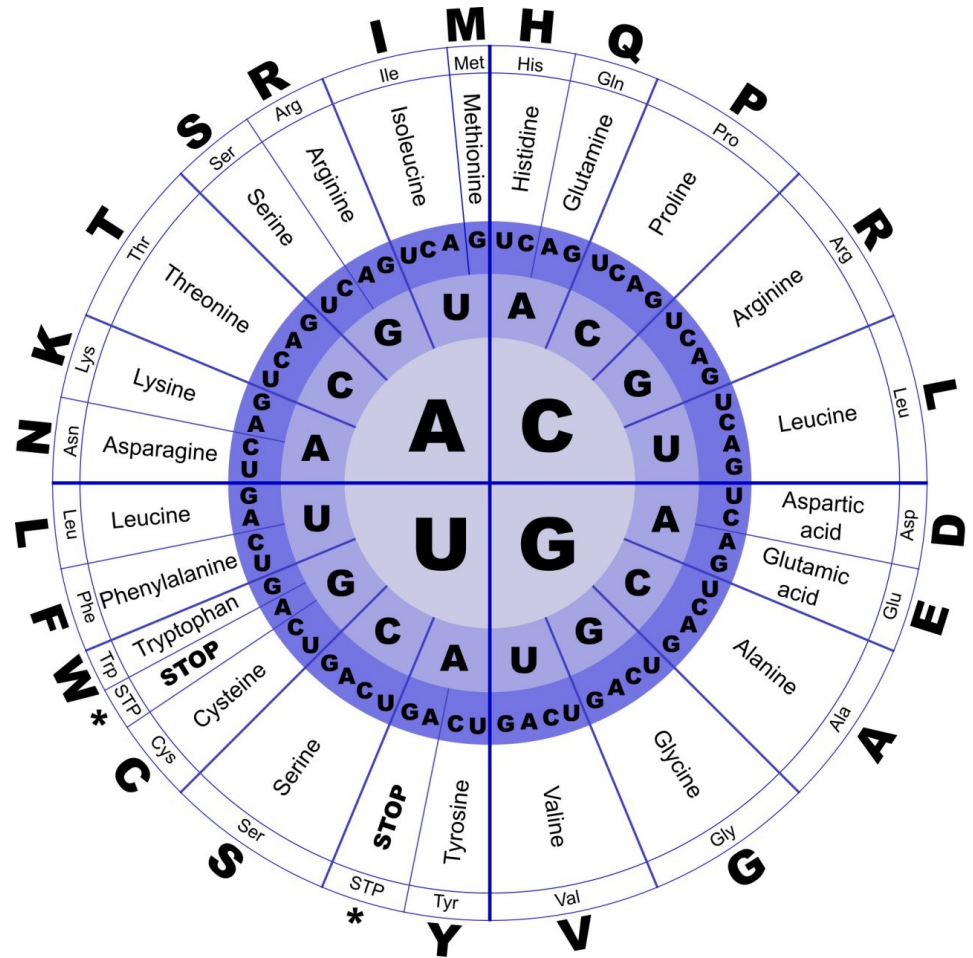


Proteínas

ADN: ATG TGT CCA TAG

ARN: AUG UGU CCA UAG

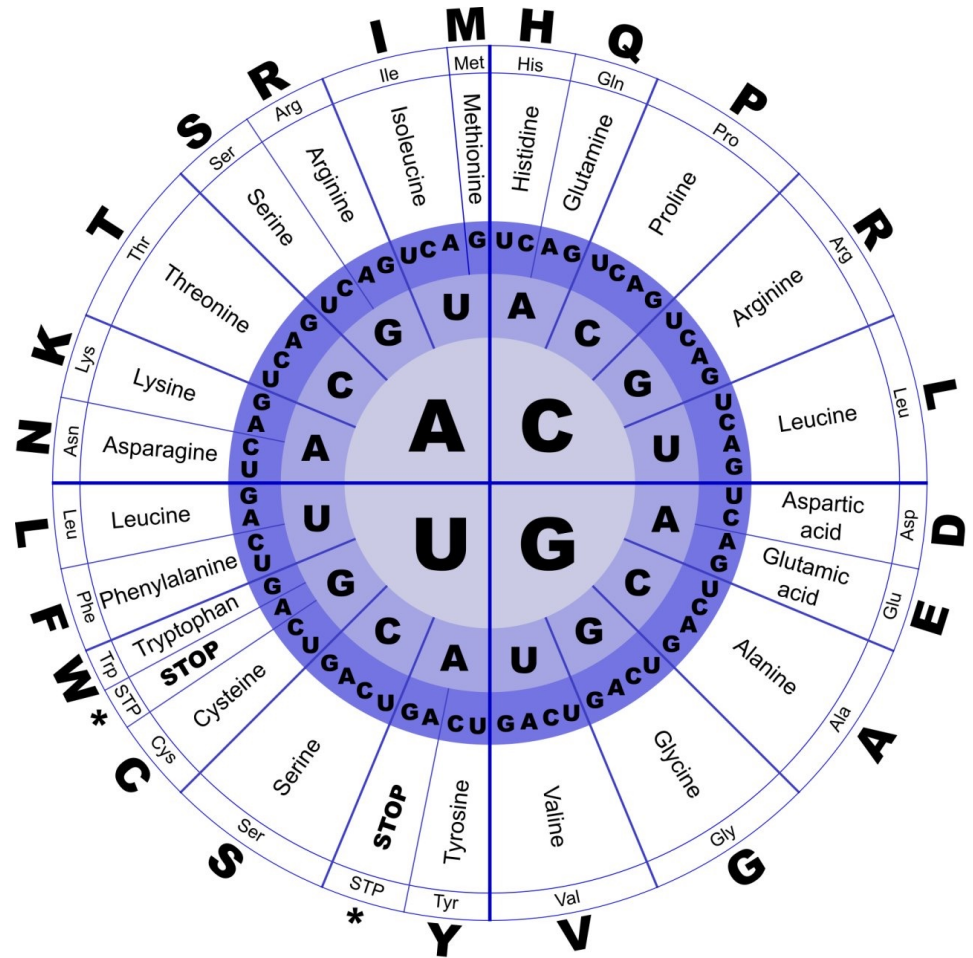
P:





Proteínas

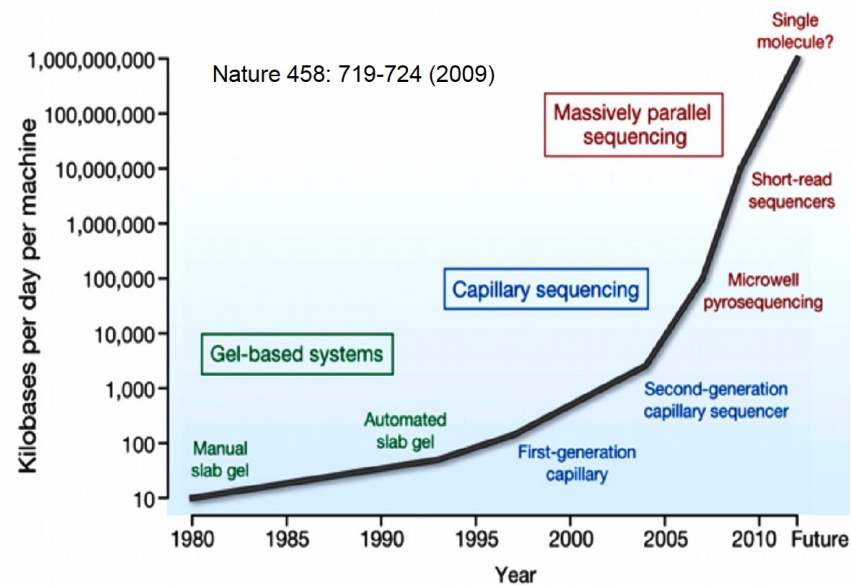
ADN: ATG TGT CCA TAG
↓ ↓ ↓ ↓
ARN: AUG UGU CCA UAG
↓ ↓ ↓ ↓
P: M C P *





Automatización

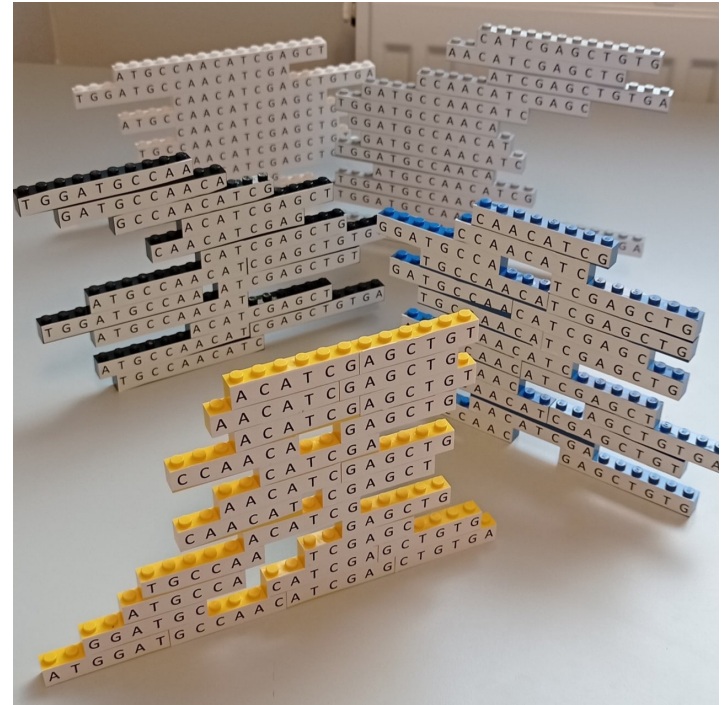
- 0 y 1 – A, C, G, T
- Menor coste → Más datos





Análisis de Secuencias

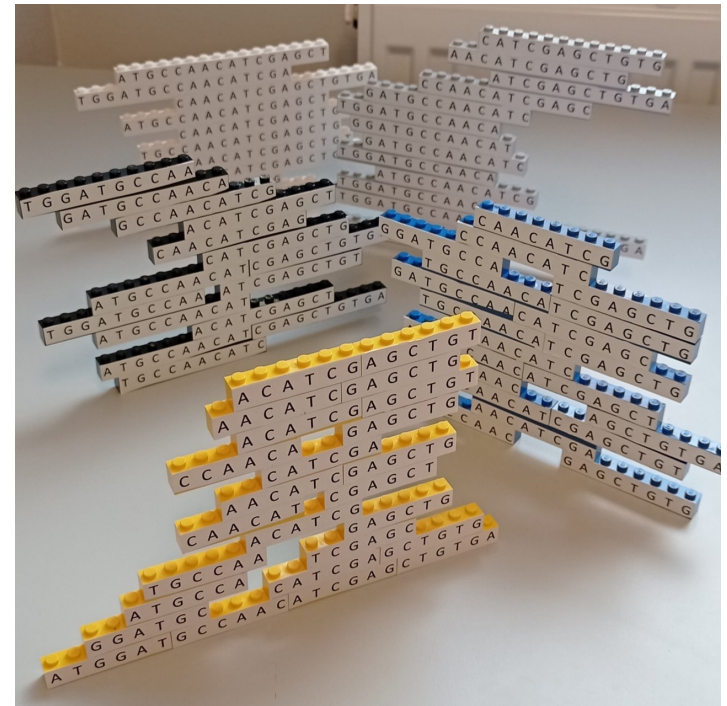
ACGATATTACACGTACACTCAAGTCGT
TCGAGATTGCATGTACCCTCAAGCCGTCGG
ACGATATTACACGTACACTCACGTCGT
ACGATATTACACGTACACTCACGTCGTTTCGGA
ACGATATTACACGCACACTCAAGTCGTTTCGGAACCT
ACGATATTACACGTACACTCACGTCGTTTCGGAA
ATTACACGTACACTCACGTCGTTTCGGAACCT
TACACGTACACTCAAGTCGTTTCGGAACCT
CACGTACACTCAAGTCGTTCTGAACCT
CACGTACACTCACGTCGTTTCGGAACCT





Análisis de Secuencias

ACGATATTACACGTACACTCAAGTCGT _____
TCGAGATTGCATGTACCCTCAAGCCGTCGG _____
ACGATATTACACGTACACTCACGTCGT _____
ACGATATTACACGTACACTCACGTCGTTCGGA _____
ACGATATTACACGCACACTCAAGTCGTTCGGAACCT _____
ACGATATTACACGTACACTCACGTCGTTCGGAA _____
_____ ATTACACGTACACTCACGTCGTTCGGAACCT
_____ TACACGTACACTCAAGTCGTTCGGAACCT
_____ CACGTACACTCAAGTCGTTCGGAACCT
_____ CACGTACACTCACGTCGTTCGGAACCT





Detección de variantes

ACGATATTACACGTACACTCAAGTCGT _____
TCGAGATTGCATGTACCCTCAAGCCGT**CGG** _____
ACGATATTACACGTACACTCA**C**GTCGT _____
ACGATATTACACGTACACTCA**C**GTCGTT**CGGA** _____
ACGATATTACACG**C**ACACTCAAGTCGTT**CGGAACCT**
ACGATATTACACGTACACTCA**C**GTCGTT**CGGAA** _____
_____ ATTACACGTACACTCA**C**GTCGTT**CGGAACCT**
_____ TACACGTACACTCAAGTCGTT**CGGAACCT**
_____ CACGTACACTCAAGTCGTT**C**TGAACCT
_____ CACGTACACTCA**C**GTCGTT**CGGAACCT**



Detección de variantes

ACGATATTACACGTACACTCAAGTCGT _____
TCGAGATTGCATGTACCTCAAGCCGT**CGG** _____
ACGATATTACACGTACACTCA**C**GTCGT _____
ACGATATTACGTACACTCA**C**GTCGTTTCGGA _____
ACGATATTACACG**C**ACACTCAAGTCGTTTCGGAACCT
ACGATATTACACGTACACTCA**C**GTCGTTTCGGAA _____
_____ ATTACACGTACACTCA**C**GTCGTTTCGGAACT
_____ TACACGTACACTCAAGTCGTTTCG**G**ACCT
_____ CACGTACACTCAAGTCGTTCT**T**GAACCT
_____ CACGTACACTCA**C**GTCGTTTCGGAACCT



Detección de variantes

ACGATATTACACGTACACTCAAGTCGT _____	→ Calidad: 98/100
TCGAGATTGCATGTACCTCAAGCCGT CGG _____	→ Calidad: 14/100
ACGATATTACACGTACACTCA C GTCGT _____	→ Calidad: 95/100
ACGATATTAC C GTACACTCA C GTCGTT C GGA _____	→ Calidad: 98/100
ACGATATTACAC G CACACTCAAGTCGTT C GGAACCT	→ Calidad: 25/100
ACGATATTACACGTACACTCA C GTCGTT C GGA _____	→ Calidad: 98/100
_____ ATTACACGTACACTCA C GTCGTT C GGA A CT	→ Calidad: 90/100
_____ TACACGTACACTCAAGTCGTT C G A ACCT	→ Calidad: 89/100
_____ CACGTACACTCAAGTCGTT C T G AACCT	→ Calidad: 99/100
_____ CACGTACACTCA C GTCGTT C GGAACCT	→ Calidad: 95/100



Detección de variantes

ACGATATTACACGTACACTCAAGTCGT_____	→ Calidad: 98/100
TCGAGATTGCATGTACCCTCAAGCCGT CGG _____	→ Calidad: 14/100
ACGATATTACACGTACACTCA CG TCGT_____	→ Calidad: 95/100
ACGATATTACACGTACACTCA CG TCGTTTCGGA_____	→ Calidad: 98/100
ACGATATTACACG C ACACTCAAGTCGTTTCGGAACCT	→ Calidad: 25/100
ACGATATTACACGTACACTCA CG TCGTTTCGGAA_____	→ Calidad: 98/100
_____ATTACACGTACACTCA CG TCGTTTCGGAACCT	→ Calidad: 90/100
_____TACACGTACACTCAAGTCGTTTCGGAACCT	→ Calidad: 89/100
_____CACGTACACTCAAGTCGTTCT T GAACCT	→ Calidad: 99/100
_____CACGTACACTCA C GTGTTTCGGAACCT	→ Calidad: 95/100

50%



Detección de variantes

ACGATATTACACGTACACTCAAGTCGATCGGAACCT	→ Referencia
ACGATATTACACGTACACTCAAGTCGT_____	→ Calidad: 98/100
TCGAGATTGCATGTACCCTCAAGCCGTCTGG_____	→ Calidad: 14/100
ACGATATTACACGTACACTCACGTCGT_____	→ Calidad: 95/100
ACGATATTACACGTACACTCACGTCGTTCTGGA_____	→ Calidad: 98/100
ACGATATTACACGCACACTCAAGTCGTTCTGGAACCT	→ Calidad: 25/100
ACGATATTACACGTACACTCACGTCGTTCTGGAA_____	→ Calidad: 98/100
_____ATTACACGTACACTCACGTCGTTCTGGAACCT	→ Calidad: 90/100
_____TACACGTACACTCAAGTCGTTCTGGAACCT	→ Calidad: 89/100
_____CACGTACACTCAAGTCGTTCTGAACCT	→ Calidad: 99/100
_____CACGTACACTCACGTCGTTCTGGAACCT	→ Calidad: 95/100



Detección de variantes

ACGATATTACACGTACACTCAAGTCGATCGGAACCT

ACGATATTACACGTACACTCAAGTCG T _____	→ Calidad: 98/100
TCGAGATTGCATGTACCTCAAGCCGTTCGG _____	→ Calidad: 14/100
ACGATATTACACGTACACTCA CGTCGT _____	→ Calidad: 95/100
ACGATATTACACGTACACTCA CGTCGTTCGGA _____	→ Calidad: 98/100
ACGATATTACACG C ACACTCAAGTCG TTCGGAACCT	→ Calidad: 25/100
ACGATATTACACGTACACTCA CGTCGTTCGGAA _____	→ Calidad: 98/100
_____ATTACACGTACACTCA CGTCGTTCGGAACCT	→ Calidad: 90/100
_____TACACGTACACTCAAGTCG TTCGGAACCT	→ Calidad: 89/100
_____CACGTACACTCAAGTCG TTCTGAACCT	→ Calidad: 99/100
_____CACGTACACTCA CGTCGTTCGGAACCT	→ Calidad: 95/100



Medicina Personalizada

- www.pandrugs.org

Welcome to
PANDRUGS

A novel method for
prioritizing therapies using
individual genomic data

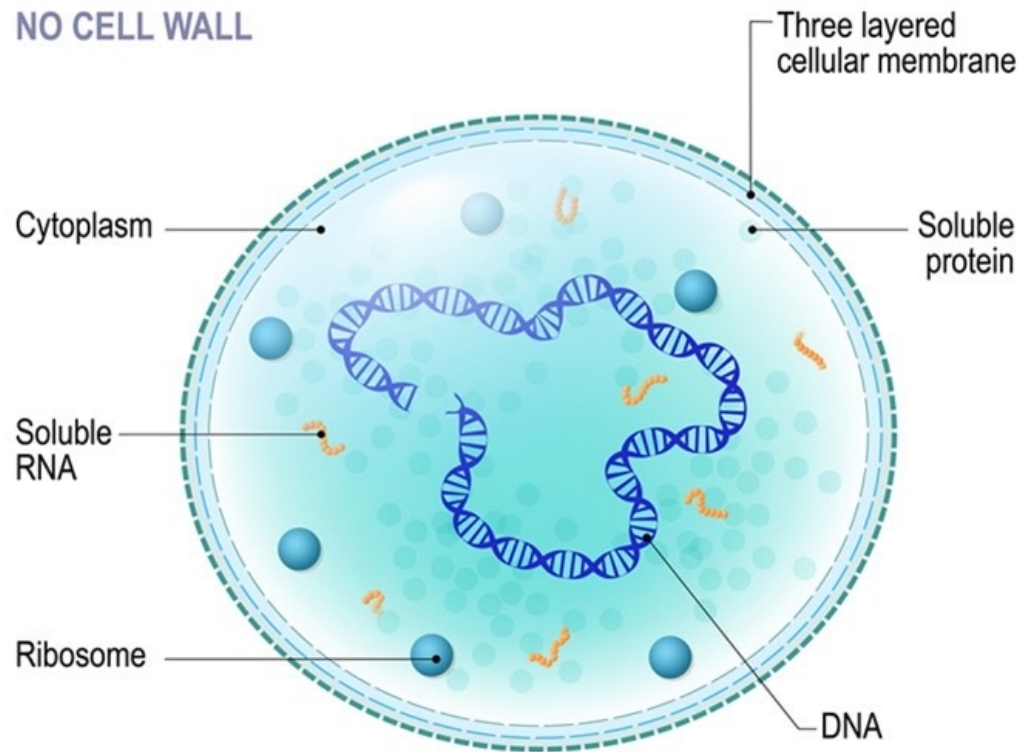
Query! ✓



Biología de sistemas

Mycoplasma

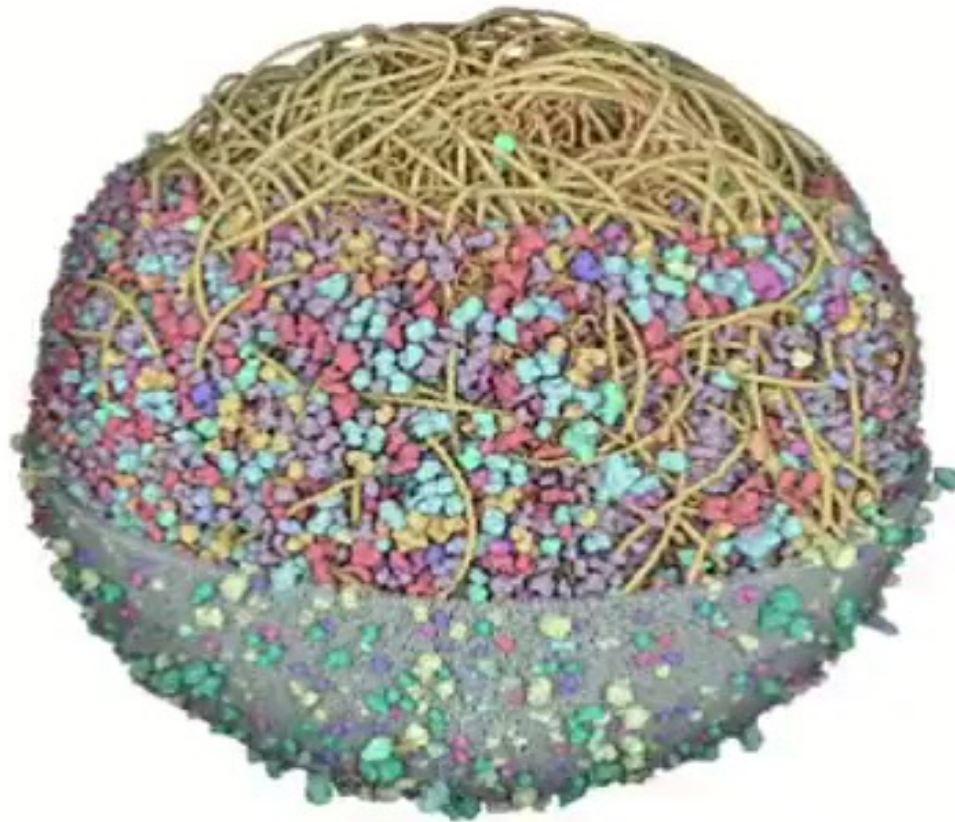
NO CELL WALL





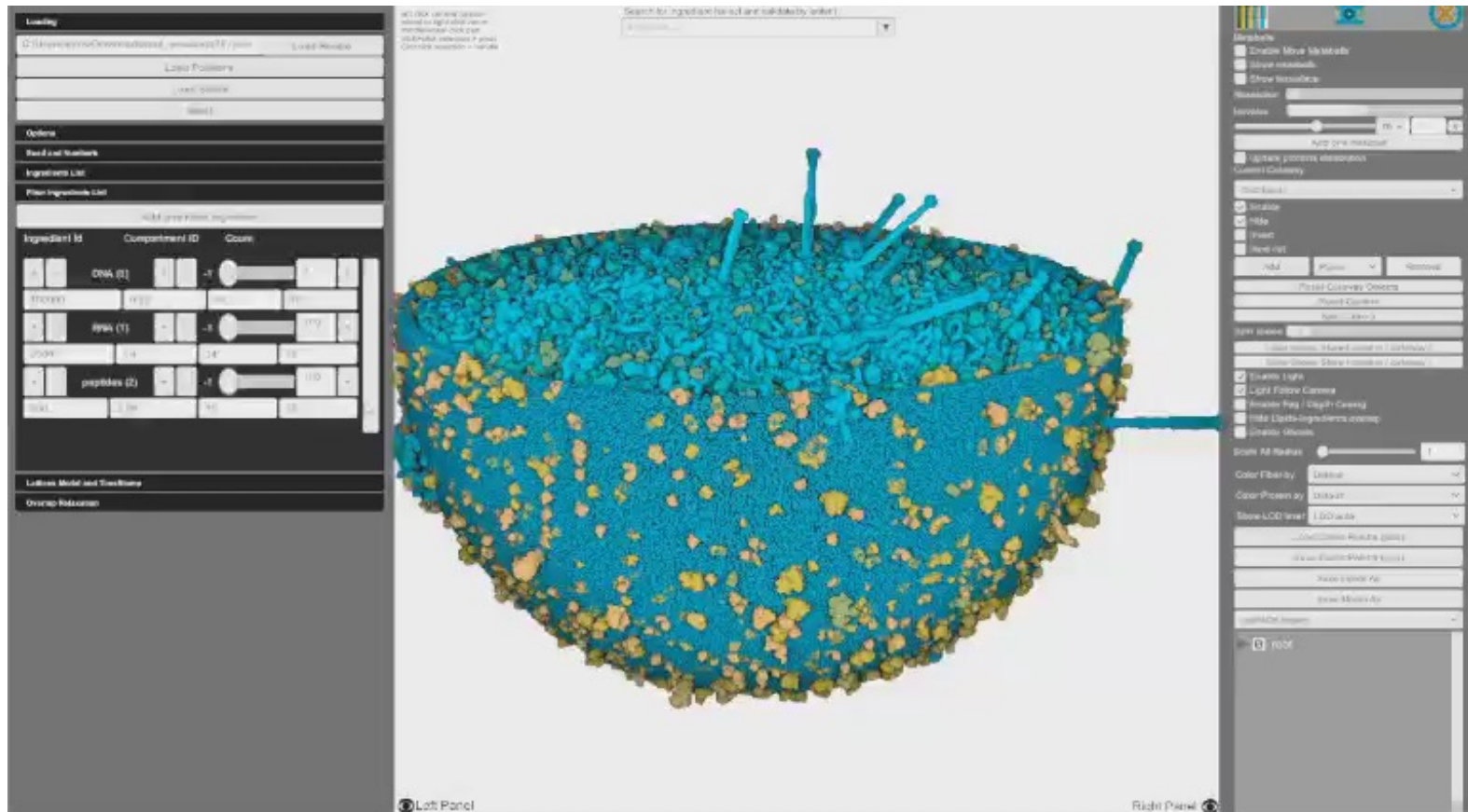
UNIVERSIDAD DE BURGOS

Biología de sistemas





Biología de sistemas





UNIVERSIDAD DE BURGOS

Análisis de imágenes clínicas

X-Ray Classification [Pneumonia/Normal]

by Hardik :)

Upload X-Ray Image



Drag and drop file here

Limit 200MB per file

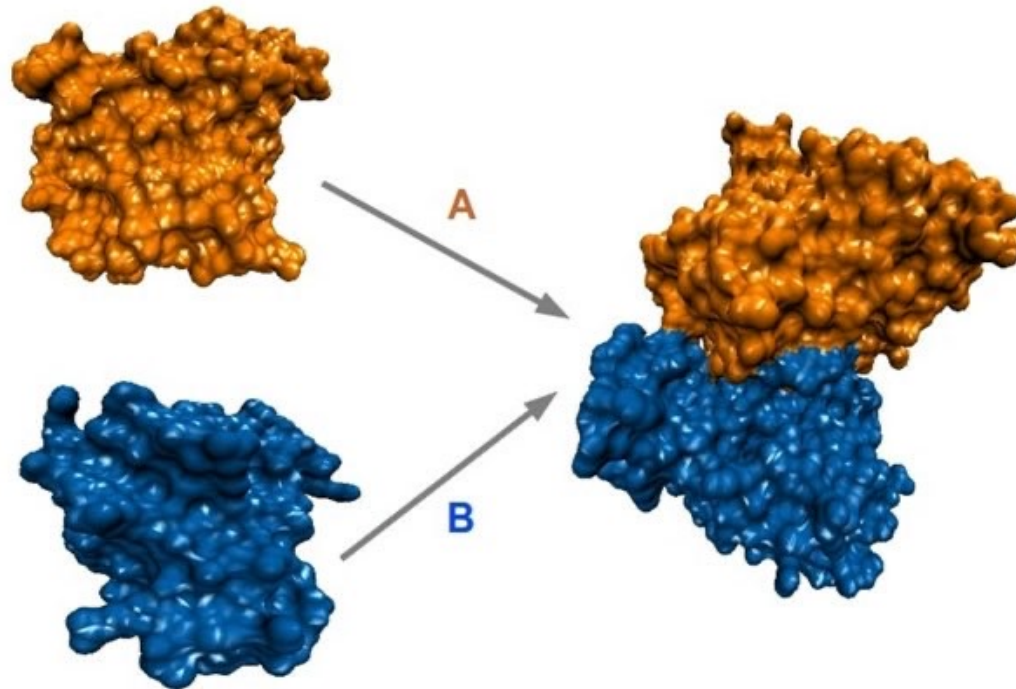
Browse files

<https://bit.ly/XRAYBIE>



Modelado de proteínas

- Diseño de fármacos





UNIVERSIDAD DE BURGOS

Plegado de proteínas





UNIVERSIDAD DE BURGOS

Plegado de proteínas

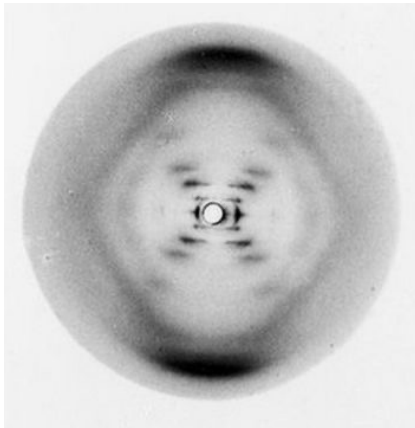
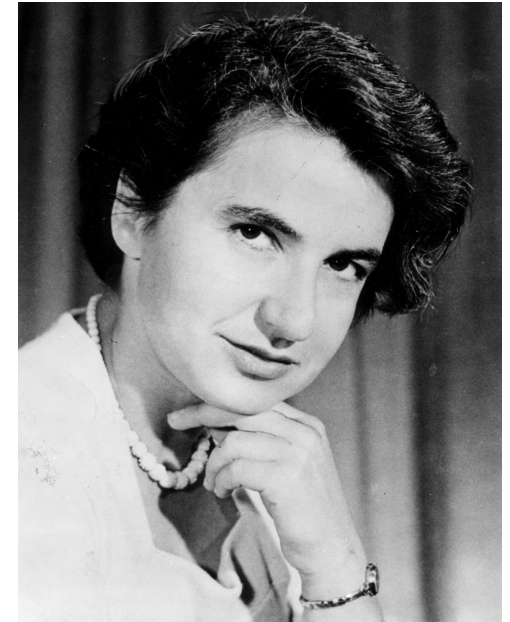




UNIVERSIDAD DE BURGOS

Más problemas: Rosalind

R  SALIND



<https://bit.ly/BIERosalind>