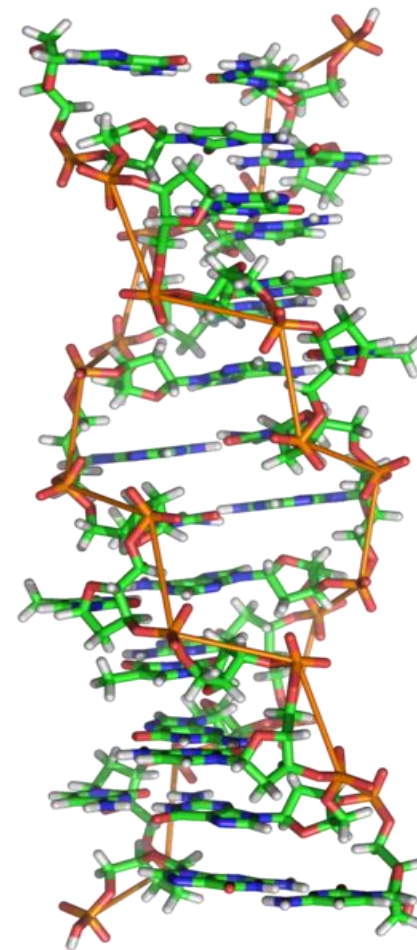
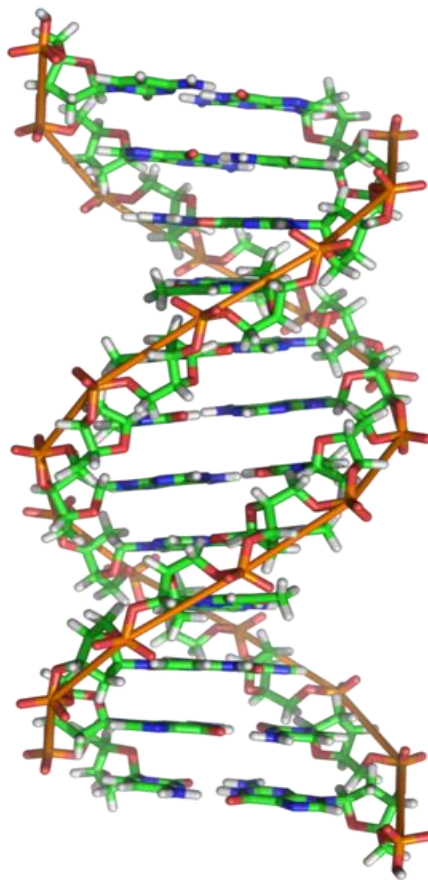
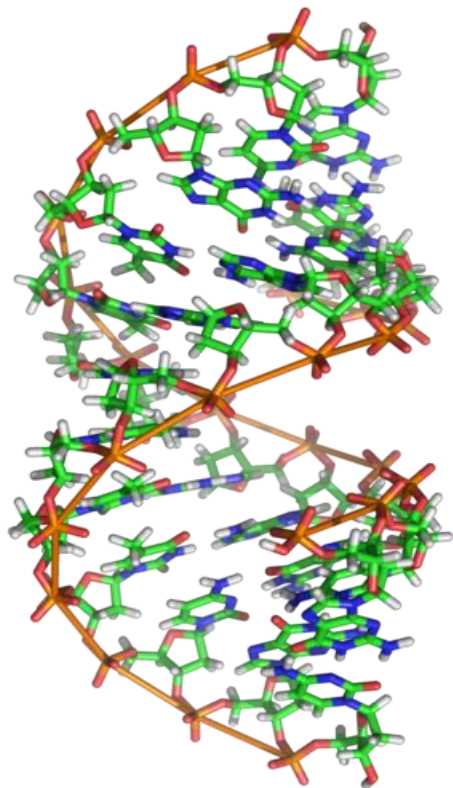




La bioinformática permite investigar, desarrollar y aplicar herramientas informáticas y computacionales para permitir y mejorar el manejo de datos biológicos.

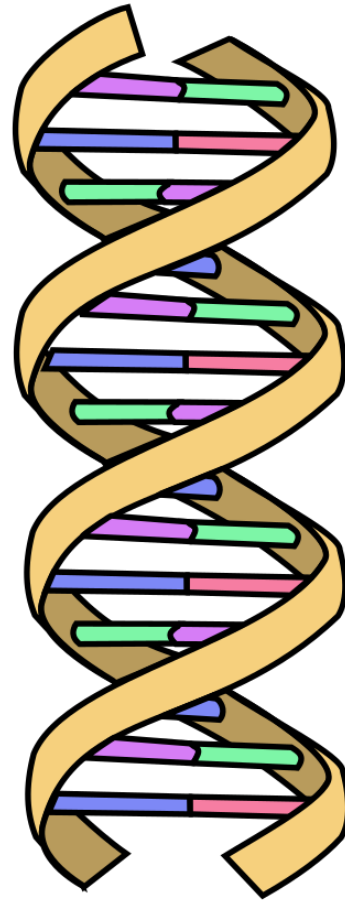



*La bioinformática permite investigar, desarrollar y aplicar herramientas informáticas y computacionales para permitir y mejorar el manejo de **datos biológicos**.*






ADN




 = Adenine

 = Thymine

 = Cytosine

 = Guanine

 = Phosphate
backbone



ADN

- Human Genome Project





ADN

- Human Genome Project



<https://www.youtube.com/watch?v=s6rJLXq1Re0>





ADN

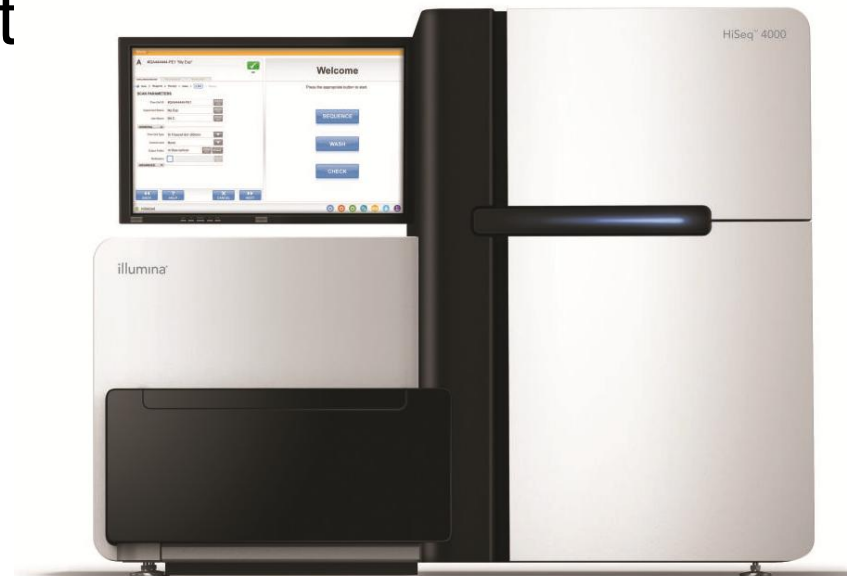
- Human Genome Project
- 3.000.000.000 bases
- 3.4 GB





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 \$

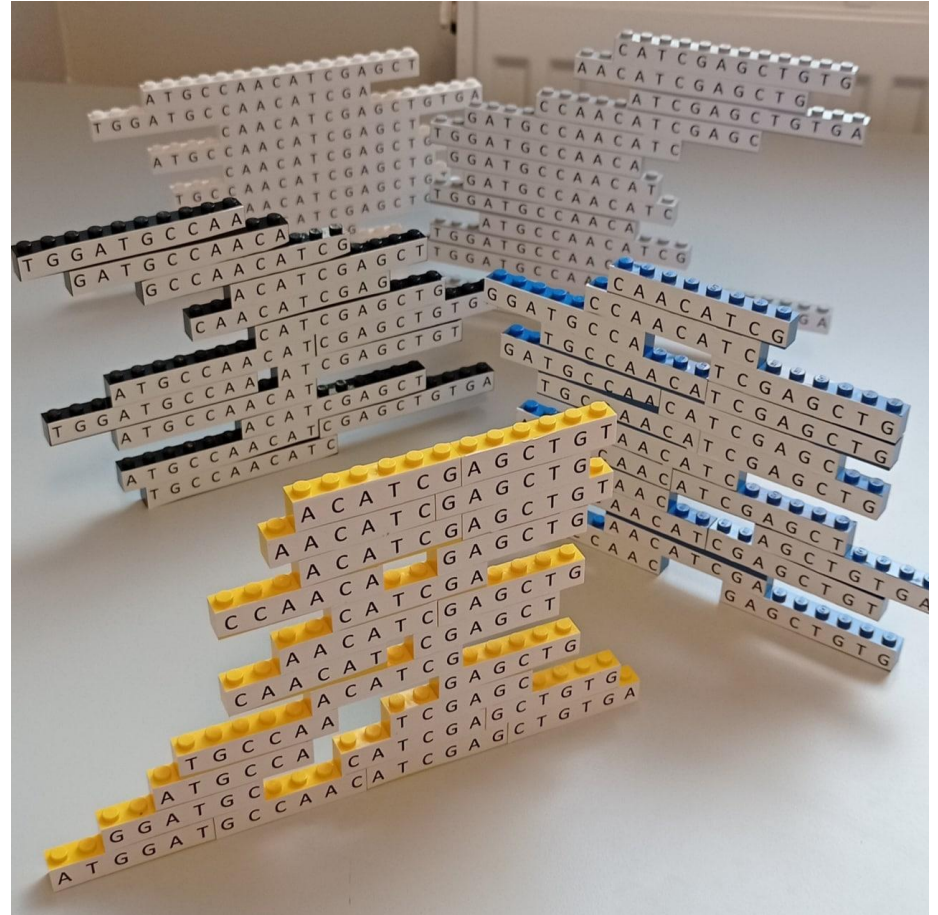


1.000.000 \$



ADN

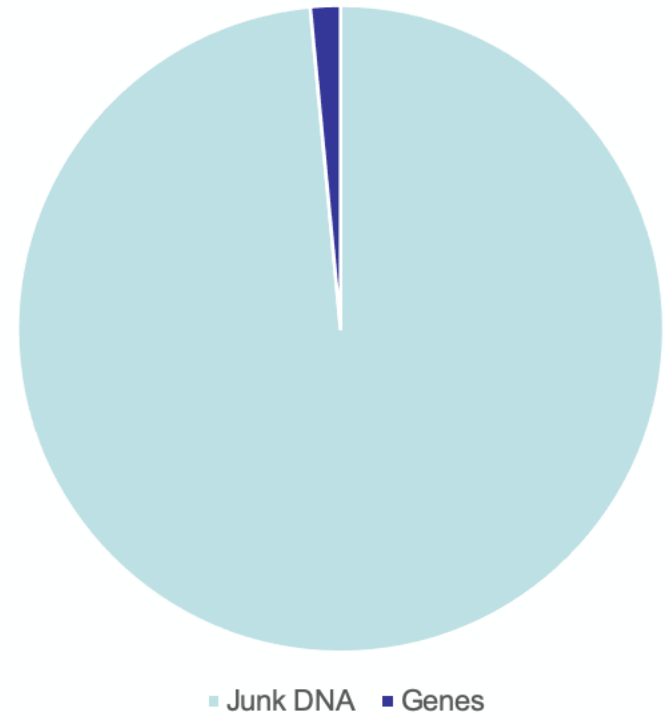
- Ensamblado:





ADN

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





UNIVERSIDAD DE BURGOS



¡A programar!

Tecnología

Python
Notebooks



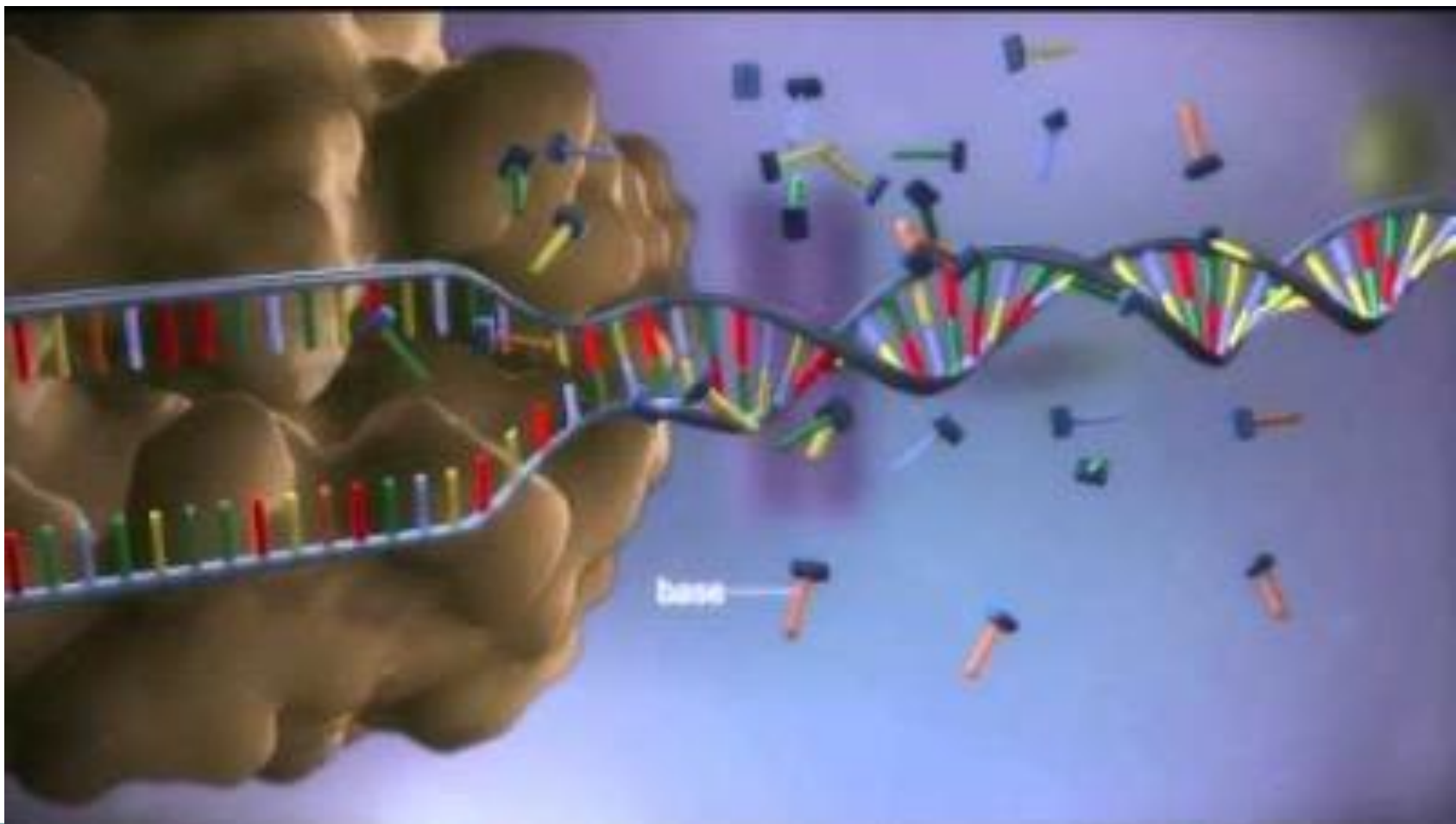
bit.ly/BIEBio





UNIVERSIDAD DE BURGOS

ARN



<https://www.youtube.com/watch?v=gG7uCskUOrA>



UNIVERSIDAD DE BURGOS



¡A programar!

Tecnología

Python
Notebooks



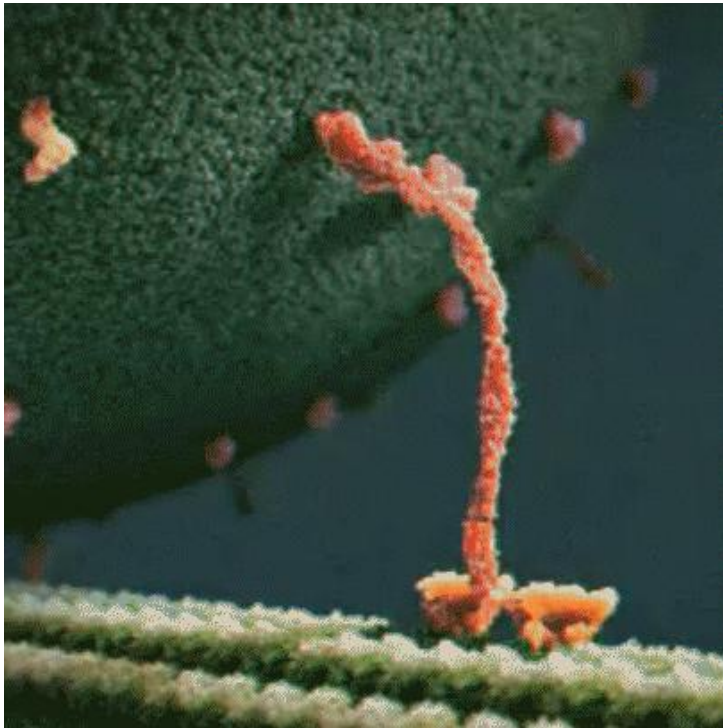
bit.ly/BIEBio





UNIVERSIDAD DE BURGOS

Proteínas

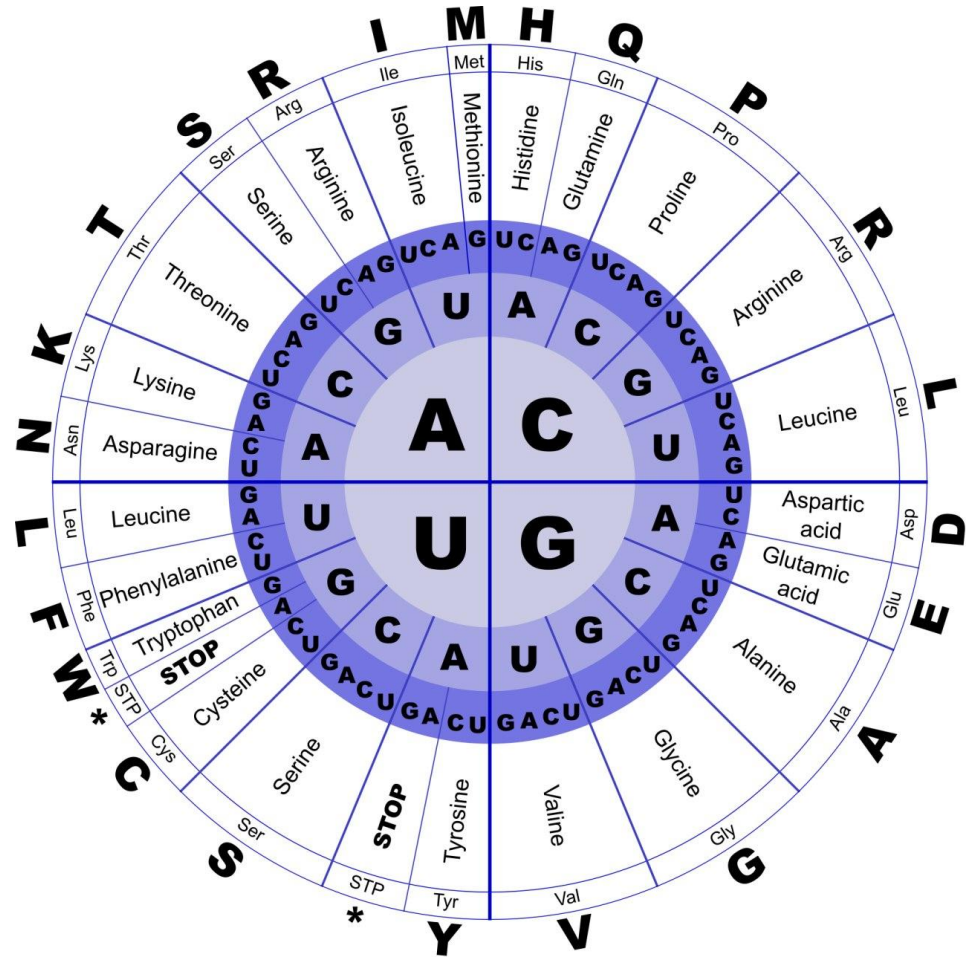


<https://bit.ly/3D6ZPH>



Proteínas

ADN: ATGTGTCCATAG

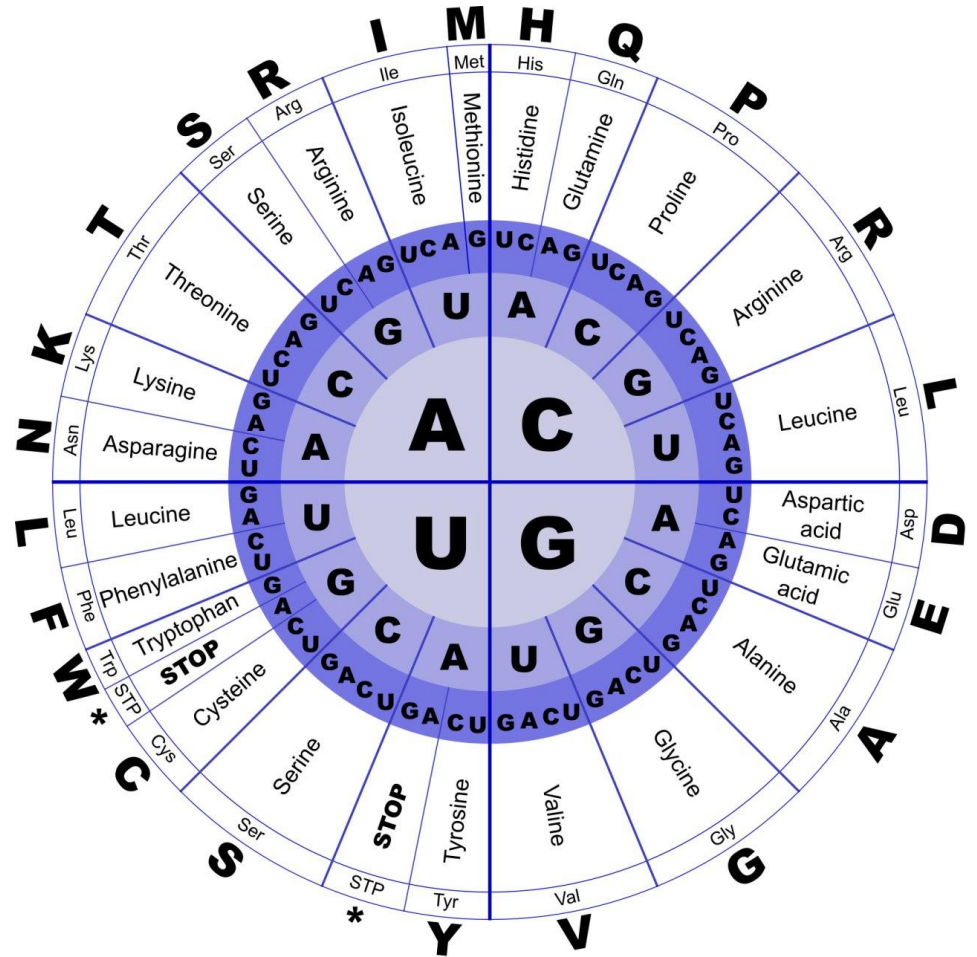




Proteínas

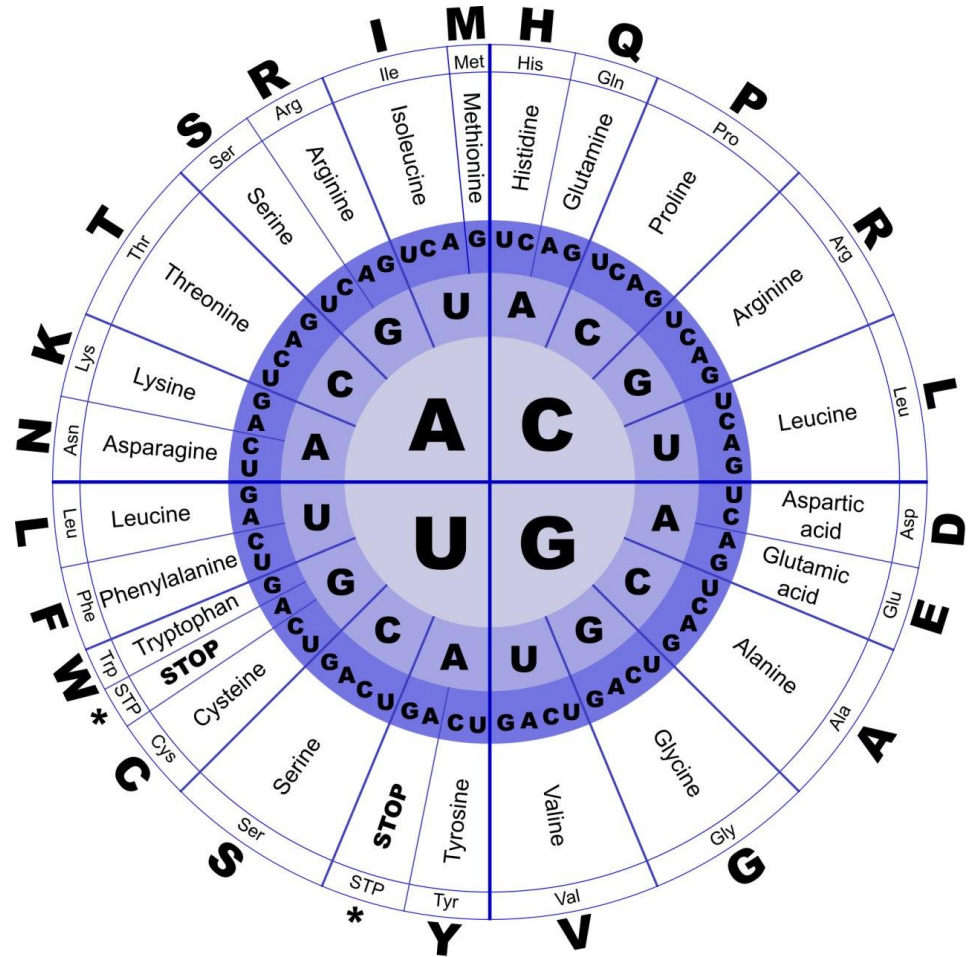
ADN: ATGTGTCCATAG

ARN:





ARN: AUGUGUCCAUG



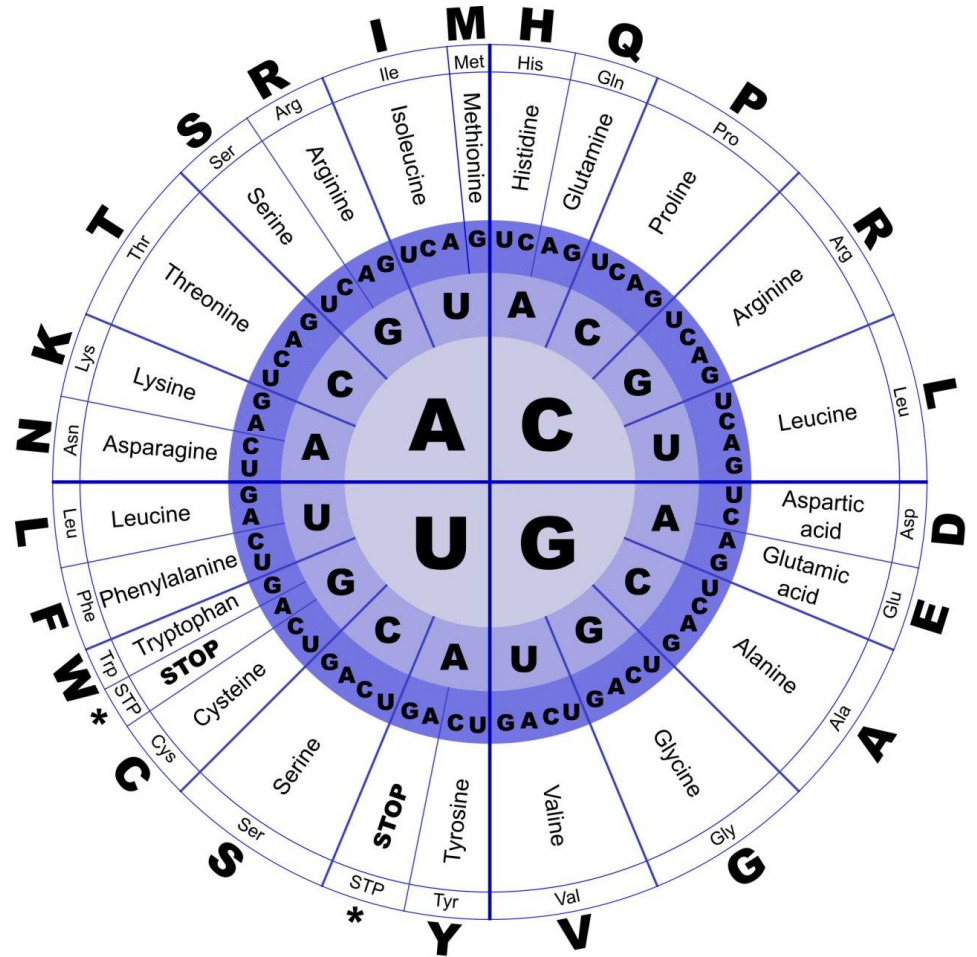


Proteínas

ADN: ATGTGTCCATAG

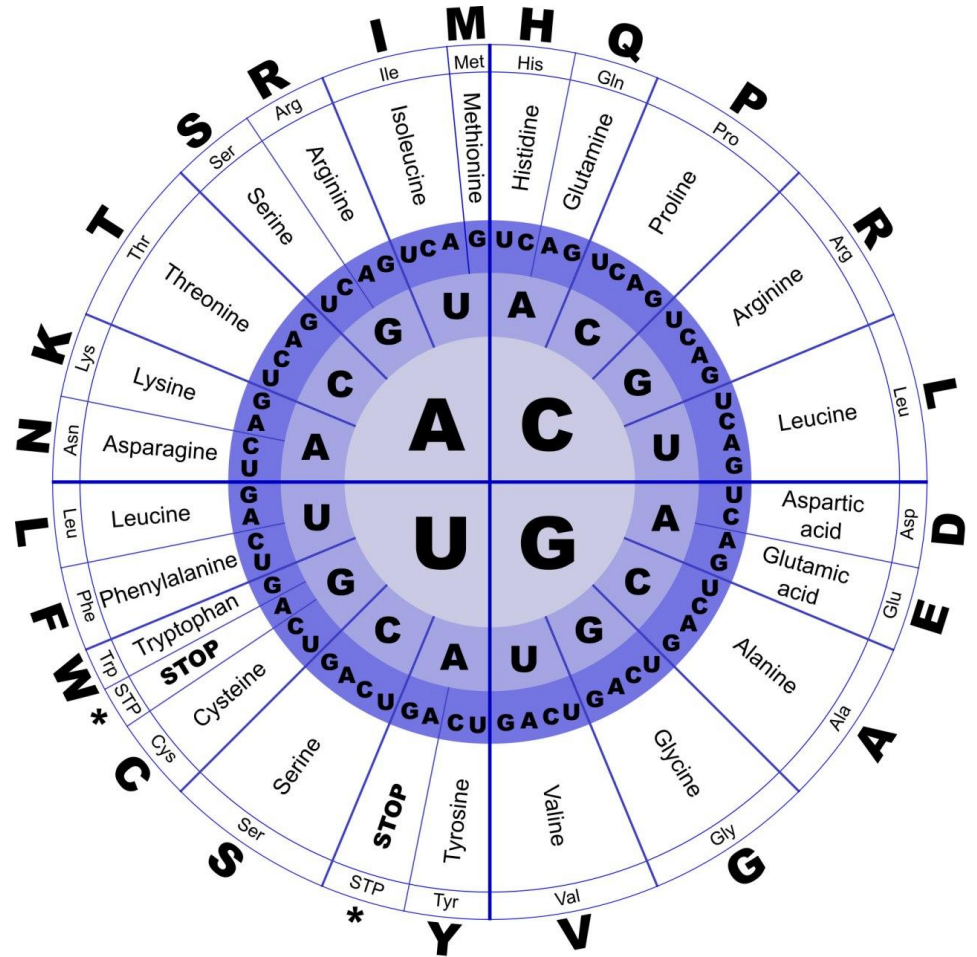
ARN: AUGUGUCCAUAUG

P:





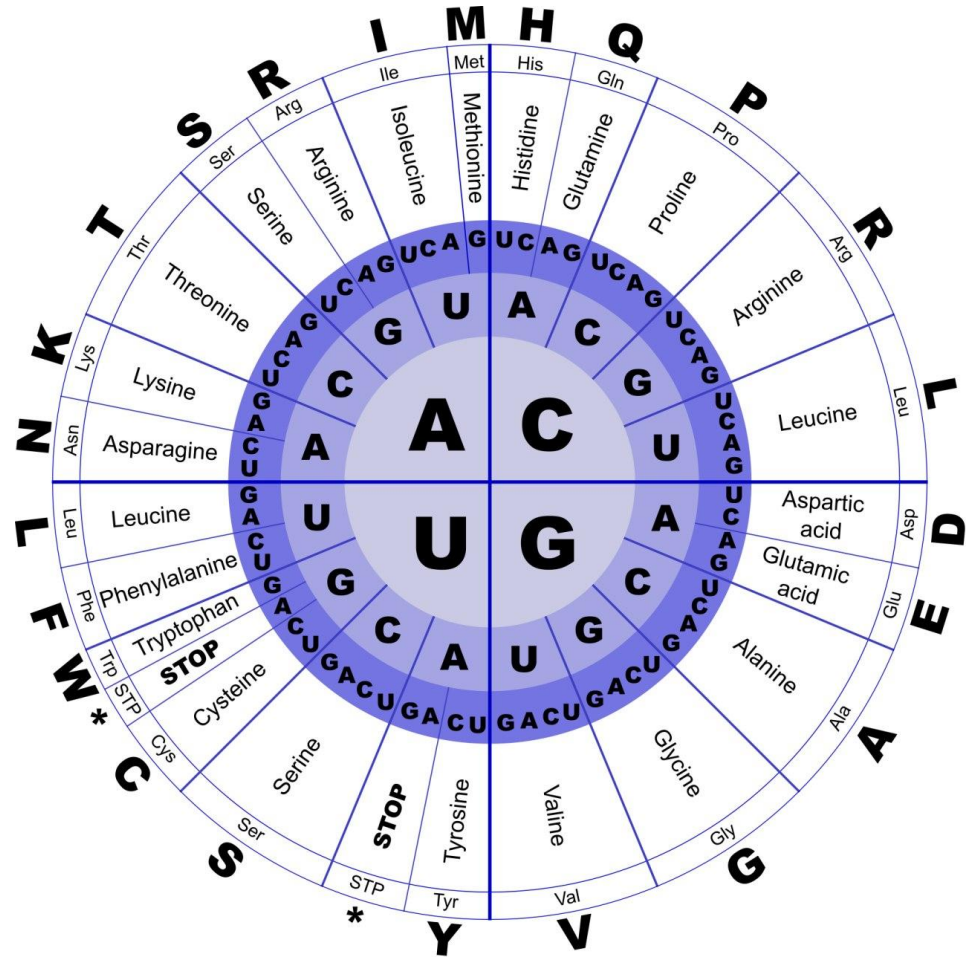
ADN: **ATG TGT CCA TAG**
 ↓ ↓ ↓ ↓
 ARN: **AUG UGU CCA UAG**
 ↓ ↓ ↓ ↓
 P:





Proteínas

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





UNIVERSIDAD DE BURGOS



¡A programar!

Tecnología

Python
Notebooks



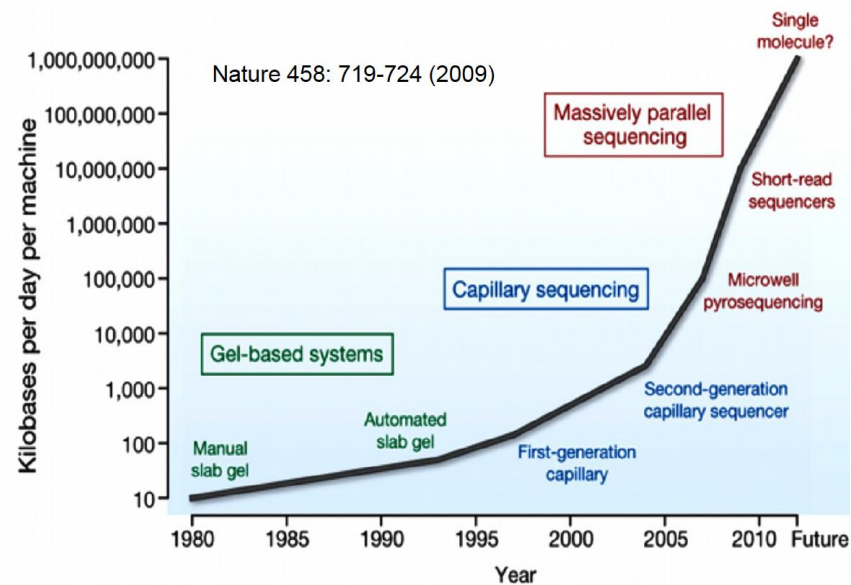
bit.ly/BIEBio





Automatización

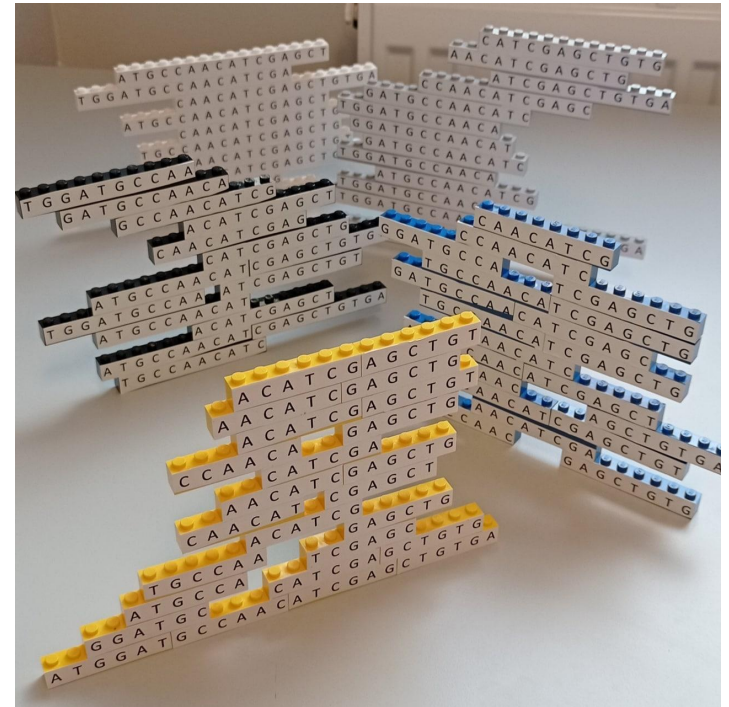
- 0 y 1 – A, C, G, T
- Menor coste → Más datos





Análisis de Secuencias

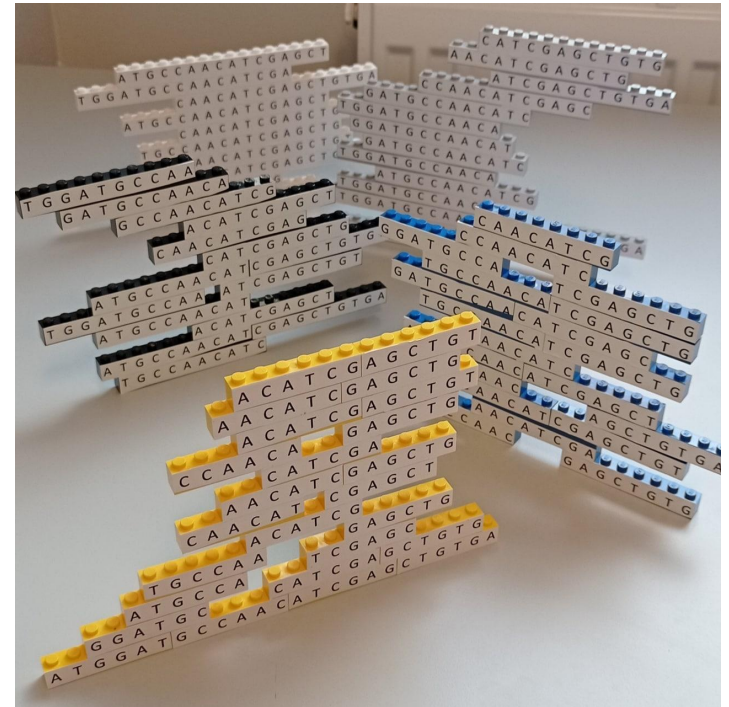
ACGATATTACACGTACACTCAAGTCGT
TCGAGATTGCATGTACCCTCAAGCCGTCGG
ACGATATTACACGTACACTCACGTCGT
ACGATATTACACGTACACTCACGTCGTTTCGGA
ACGATATTACACGCACACTCAAGTCGTTTCGGAACCT
ACGATATTACACGTACACTCACGTCGTTTCGGAA
ATTACACGTACACTCACGTCGTTTCGGAACCT
TACACGTACACTCAAGTCGTTTCGGAACCT
CACGTACACTCAAGTCGTTCTGAACCT
CACGTACACTCACGTCGTTTCGGAACCT





Análisis de Secuencias

ACGATATTACACGTACACTCAAGTCGT _____
TCGAGATTGCATGTACCCTCAAGCCGTCGG _____
ACGATATTACACGTACACTCACGTCGT _____
ACGATATTACACGTACACTCACGTCGTTTCGGA _____
ACGATATTACACGCACACTCAAGTCGTTTCGGAACCT _____
ACGATATTACACGTACACTCACGTCGTTTCGGAA _____
_____ ATTACACGTACACTCACGTCGTTTCGGAACCT
_____ TACACGTACACTCAAGTCGTTTCGGAACCT
_____ CACGTACACTCAAGTCGTTCTGAACCT
_____ CACGTACACTCACGTCGTTTCGGAACCT





Detección de variantes

ACGATATTACACGTACACTCAAGTCGT _____
TCGAGATTGCATGTACCCTCAAGCCGT**CGG** _____
ACGATATTACACGTACACTCA**C**GTCGT _____
ACGATATTACACGTACACTCA**C**GTCGTTTCGGA _____
ACGATATTACACG**C**ACACTCAAGTCGTTTCGGAACCT
ACGATATTACACGTACACTCA**C**GTCGTTTCGGAA _____
_____ ATTACACGTACACTCA**C**GTCGTTTCGGAACCT
_____ TACACGTACACTCAAGTCGTTTCGGAACCT
_____ CACGTACACTCAAGTCGTTCT**T**GAACCT
_____ CACGTACACTCA**C**GTCGTTTCGGAACCT



Detección de variantes

ACGATATTACACGTACACTCAAGTCGT _____
TCGAGATTGCATGTACCCTCAAGCCGT**CGG** _____
ACGATATTACACGTACACTCA**C**GTCGT _____
ACGATATTACACGTACACTCA**C**GTCGTT**C**GGA _____
ACGATATTACACG**C**ACACTCAAGTCGTT**C**GGAACCT
ACGATATTACACGTACACTCA**C**GTCGTT**C**GGA _____
_____ ATTACACGTACACTCA**C**GTCGTT**C**GGAACCT
_____ TACACGTACACTCAAGTCGTT**C**GGAACCT
_____ CACGTACACTCAAGTCGTT**C**TGAACCT
_____ CACGTACACTCA**C**GTCGTT**C**GGAACCT



Detección de variantes

ACGATATTACACGTACACTCAAGTCGT_____	→ Calidad: 98/100
TCGAGATTGCATGTACCCTCAAGCCGTCGG _____	→ Calidad: 14/100
ACGATATTACACGTACACTCA C GTCGT_____	→ Calidad: 95/100
ACGATATTAC_____GTACACTCA C GTCGTT CGGA _____	→ Calidad: 98/100
ACGATATTACAC G CACACTCAAGTCGTT CGGAACCT	→ Calidad: 25/100
ACGATATTACACGTACACTCA C GTCGTT CGGAA _____	→ Calidad: 98/100
_____ATTACACGTACACTCA C GTCGTT CGGA _____CT	→ Calidad: 90/100
_____TACACGTACACTCAAGTCGTT CG _____ACCT	→ Calidad: 89/100
_____CACGTACACTCAAGTCGTT C T G AACCT	→ Calidad: 99/100
_____CACGTACACTCA C GTCGTT CGGAAACCT	→ 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
TCGAGATTGCATGTACCTCAAGCCGTCTGG_____	→ 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
TCGAGATTGCATGTACCTCAAGCCGTCGG _____	→ Calidad: 14/100
ACGATATTACACGTACACTCA CG TCG T _____	→ Calidad: 95/100
ACGATATTACACGTACACTCA CG TCG T TCGGA_____	→ Calidad: 98/100
ACGATATTACACG C ACACTCAAGTCG T TCGGAACCT	→ Calidad: 25/100
ACGATATTACACGTACACTCA CG TCG T TCGGAA_____	→ Calidad: 98/100
_____ATTACACGTACACTCA CG TCG T TCGGAACCT	→ Calidad: 90/100
_____TACACGTACACTCAAGTCG T TCGGAACCT	→ Calidad: 89/100
_____CACGTACACTCAAGTCG T TC T GAACCT	→ Calidad: 99/100
_____CACGTACACTCA CG TCG T TCGGAACCT	→ Calidad: 95/100



Medicina Personalizada

- www.pandrugs.org

Welcome to
PANDRUGS

A novel method for
prioritizing therapies using
individual genomic data

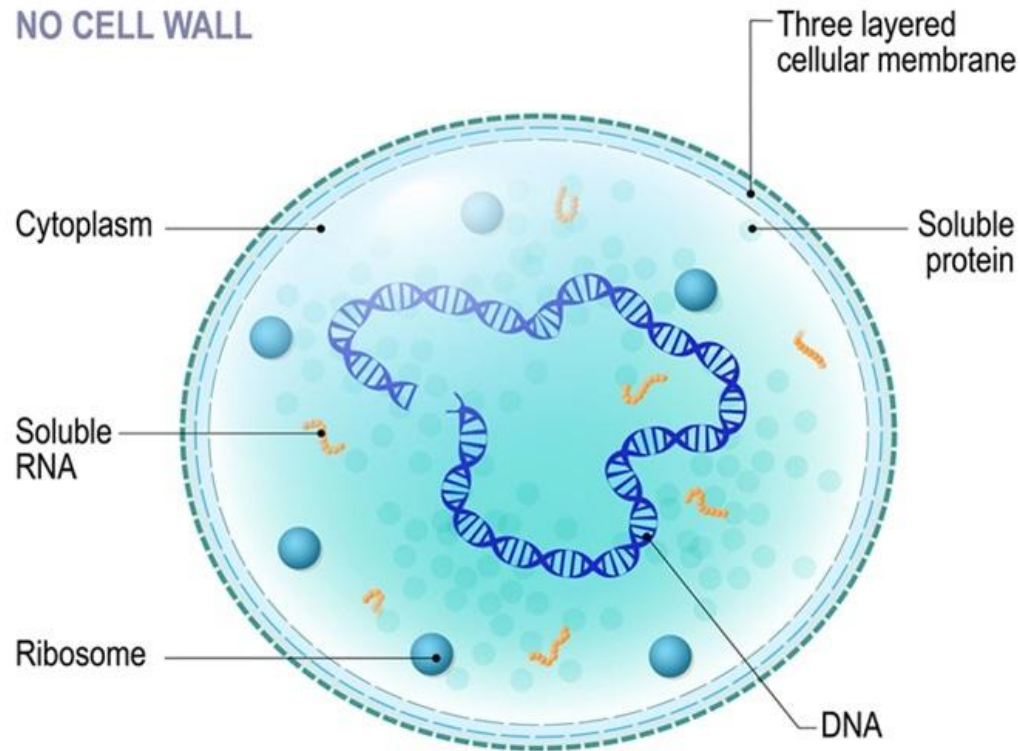
Query! ✓



Biología de sistemas

Mycoplasma

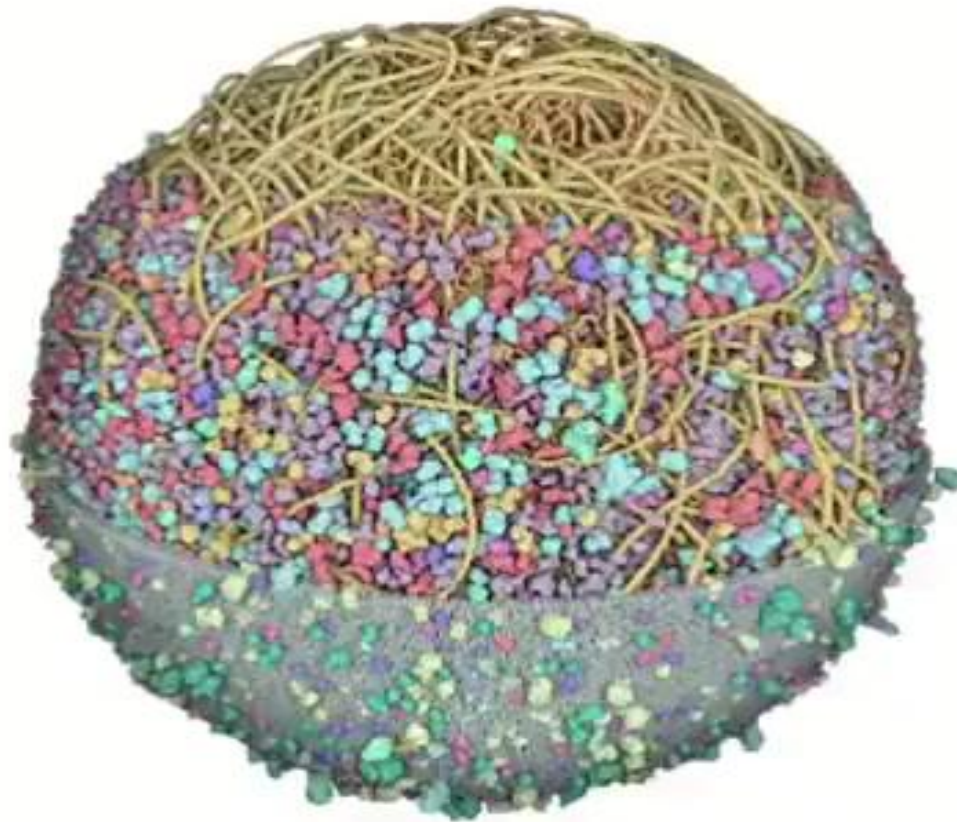
NO CELL WALL





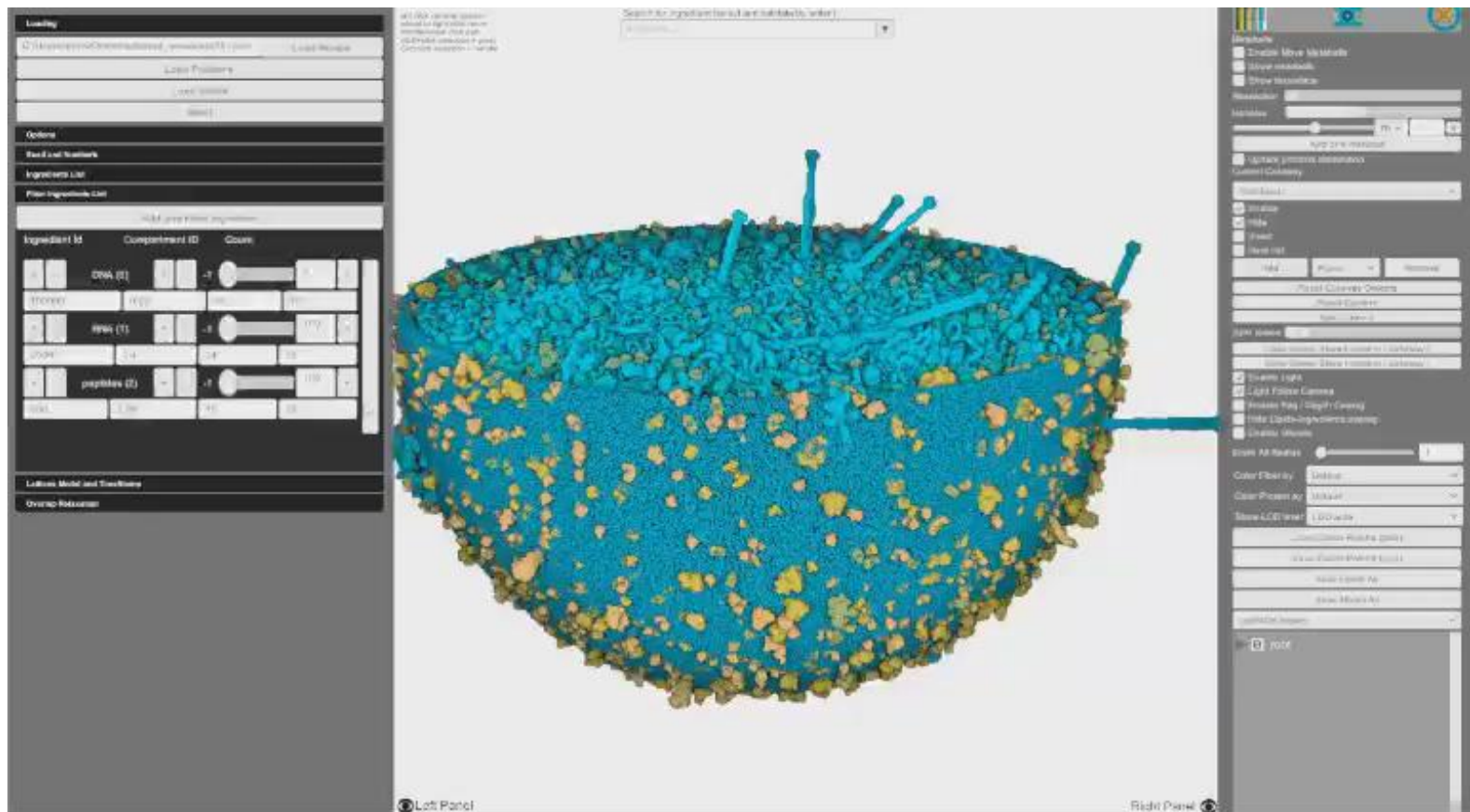
UNIVERSIDAD DE BURGOS

Biología de sistemas





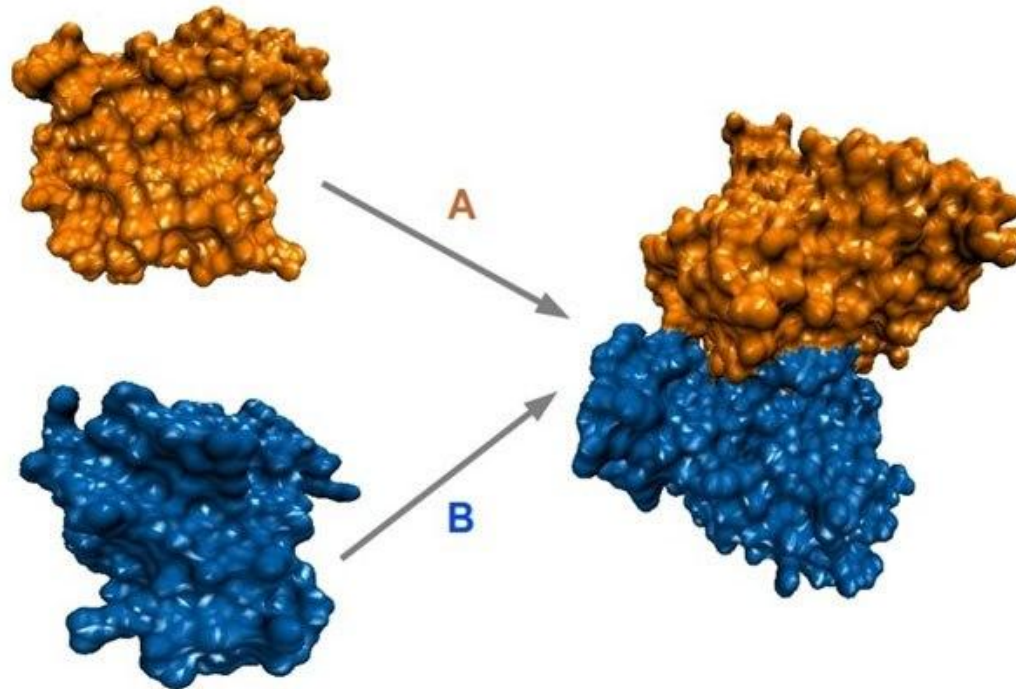
Biología de sistemas





Modelado de proteínas

- Diseño de fármacos





UNIVERSIDAD DE BURGOS

Plegado de proteínas



<https://www.youtube.com/watch?v=KpedmJdrTpY>



UNIVERSIDAD DE BURGOS

Plegado de proteínas



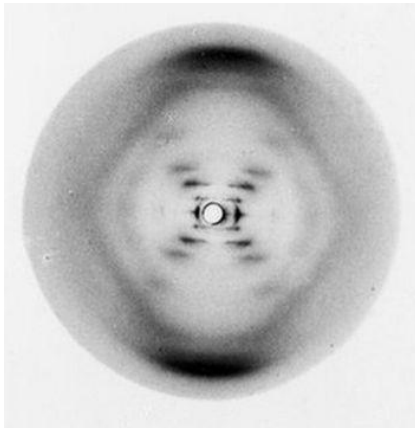
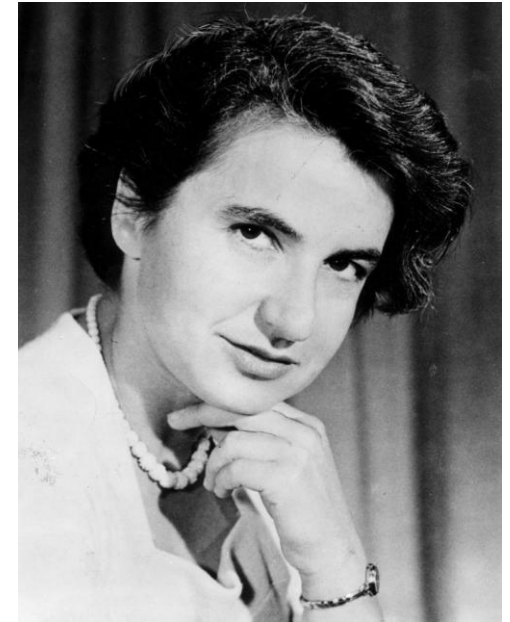
<https://www.youtube.com/watch?v=gg7WjuFs8F4>



UNIVERSIDAD DE BURGOS

Más problemas: Rosalind

R  SALIND



<https://bit.ly/BIERosalind>