

# Trabajo de Bioinformática: unidad 3

**Alumnos:**

- Londero, Camila Soledad
- Navarro, Hernan
- Paschini, Catalina
- Vietto, Santiago

**Asignatura:** Introducción a la Bioinformática

**Docente:** Ceschin, Danilo

## Tema 3 - Introducción a la Bioinformática – Docente: Danilo Ceschin

### Grupo D

#### Tema 3.1

#### Biología, Bioinformática y Biología Computacional

1. Existen controversias y similitudes entre las definiciones de Bioinformática y de Biología Computacional que puede ser evidenciada en la siguiente definición:

*“La biología computacional es a veces definida como sinónimo de Bioinformática y a veces como una disciplina emparentada, pero distinta, de esta. El NIH define a ambas disciplinas como distintas aunque con cierto grado de solapamiento, según esta definición la bioinformática está más relacionada con el desarrollo de herramientas computacionales con el fin de analizar y procesar datos y la biología computacional con el estudio por medios computacionales de sistemas biológicos”*

Lea cuidadosamente los textos de las siguientes páginas webs y discuta con sus compañeros si hay o no diferencia entre Bioinformática y Biología Computacional.

- ¿Deberían fusionarse los términos y por consiguiente su definición?

Consideramos que si bien ambas disciplinas coinciden en el estudio de los sistemas biológicos, es decir, existe un solapamiento entre ambas como dice la NIH, no se podrían fusionar ya que difieren en el objeto de estudio. De esta manera, la Bioinformática está orientada al manejo y acceso de los datos del ADN de manera eficaz, utilizando metodologías de la computación y la ciencia de la información. Mientras que la biología computacional, se especifica en la extracción de información de las bases de datos biológicas a través de herramientas matemáticas avanzadas.



Webs:

- <http://www.bioinformaticos.com.ar/biologia-computacional-en-argentina/>
- <https://biology.meta.stackexchange.com/questions/168/merging-bioinformatics-and-computational-biology-tags>
- <https://respuestas.me/q/La-biolog-a-computacional-es-diferente-de-la-bioinformatica-34039920924>
- <https://rubenyencia.wordpress.com/tag/diferencias-entre-bioinformatica-y-biologia-computacional/>
- <http://www.euskonews.com/0334zbnk/gaia33402es.html>

2. Explique brevemente cómo se aplican las 4V del “Big Data” a las siguientes Bases de Datos Biológicas. Para ello, indague sobre el tipo de datos, estructura de datos, curado de los datos, etc.
- Desarrolle las 4V para:
  - GeneBank: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>  
Consideramos que esta base de datos, muestra la característica de velocidad de procesamiento ya que recopila gran cantidad de datos y realiza las actualizaciones cada dos meses, demostrando la velocidad de los procesos de análisis.
  - RNACentral: <https://rnacentral.org/>  
Consideramos que esta base de datos, aplica la característica del volumen ya que procesa los datos de más de cuatro base de datos.
  - Uniprot: <https://www.uniprot.org/>  
Consideramos que esta base de datos, pone en manifiesto la característica de veracidad al ser avalada por múltiples institutos mundiales y entidades referentes.
  - KEGG: <https://www.genome.jp/kegg/>  
Consideramos que esta base de datos en particular aplica dos de las características; la variabilidad y el volumen, demuestra la variabilidad al almacenar distintos tipos de información, sobre diferentes seres vivos (desde su genoma hasta de su desarrollo en el ecosistema). Y el volumen queda en manifiesto al extraer información perteneciente a 18 bases de datos.
  - PubMed: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed>  
Esta base de datos demuestra la variabilidad de los datos ya que procesa más de 30 millones de distintos tipos de datos, desde artículos hasta citas.



### Tema 3.2

1. Busque y desarrolle brevemente 2 o 3 (dos o tres) metodologías y técnicas utilizadas en los laboratorios, tanto a escala simple como a gran escala, para el estudio de:
- Ácidos Nucléicos.

#### ***Electroforesis de ácidos nucleicos:***

La aplicación de la electroforesis en la separación de ácidos nucleicos permite hacer tareas simples, como verificar su síntesis o integridad, y complejas, como seguir los pasos enzimáticos de modificación durante la construcción de elaboradas colecciones de ADN. Su fundamento químico

reside en que los ácidos nucleicos son polímeros de carga negativa unidos por enlaces covalentes fosfodiéster. De esta manera, el ADN y el ARN se moverán en un campo electroforético hacia el polo positivo.

### ***Secuenciación de ácidos nucleicos:***

De todos los métodos históricos de secuenciación de ácidos nucleicos diseñados por <sup>4.1</sup>Sanger, el método por terminadores dideoxi es el más exitoso (Sanger, 1988). Este método usa nucleótidos modificados con la ausencia del extremo 3'OH, grupo esencial para la polimerización por la ADN Polimerasa. De esta forma, cuando se incorpora un dideoxinucleótido, queda un trozo trunco de ADN que puede ser separado electroforéticamente. Si cada uno de los cuatro monómeros de ADN (los nucleótidos adenina, guanina, citosina y timina) se marca con una molécula fluorescente diferente, se puede determinar rápidamente el orden de los nucleótidos.

Recientemente, la secuenciación de ácidos nucleicos se ha colocado de nueva cuenta en la frontera de la investigación. Los nuevos métodos se han alejado de la metodología de Sanger y se han movido hacia la secuenciación por síntesis catalizada por la ADN polimerasa. De esta manera, si a la molécula de ADN a secuenciar se le agregan, mediante pasos sencillos de ligación y PCR, nucleótidos de secuencia conocida en sus extremos para que se absorba por hibridación a una superficie, las bases incorporadas al ADN se pueden detectar de manera directa, durante su síntesis, mediante marcado fluorescente diferencial de los cuatro posibles nucleótidos del ADN

- **Proteínas**

### ***Electroforesis de proteínas:***

Las proteínas son biomoléculas cuyos monómeros son aminoácidos polimerizados por medio de enlaces peptídicos. A diferencia de los ácidos nucleicos, que poseen una carga neta negativa, la carga de las proteínas es muy variable porque en ellas puede haber aminoácidos tanto negativos como positivos. De esta manera, las primeras separaciones electroforéticas proteicas eran toscas y necesitaban un gradiente de pH que las atrapara en su punto isoeléctrico (punto donde la proteína tendrá una carga neta de cero y no se podrá mover más en un campo eléctrico) (Tiselius, 1937). Laemmli (1970) implementó un tratamiento para poder separar a las proteínas con base en su peso molecular. Este consiste en la homogenización de la carga con dodecilsulfato de sodio (SDS), un detergente que simultáneamente desnaturaliza a las proteínas y las cubre de una carga neta negativa para que migren hacia el polo positivo durante la electroforesis. Este método se conoce como SDS-PAGE

### ***Secuenciación de proteínas:***

La secuenciación de proteínas mediante el método de Ed-man consiste en marcar el extremo N-terminal de las moléculas con el reactivo químico fenilisotiocianato (PITC). La identidad del PITC-aminoácido escindido de la proteína puede ser determinada mediante la observación de su presencia directamente en cromatografía de capa fina o de su ausencia por exclusión en un analizador de aminoácidos

***Cromatografía de afinidad:***

Este método se basa en la afinidad de unión de las proteínas. Las columnas tienen un grupo químico unido covalentemente llamado ligando, que es un grupo o molécula que se une a la proteína. Cuando una mezcla de proteínas se añade a la columna, cualquiera de ellas que tenga afinidad por este ligando se unirá a las partículas de la resina y se retardará su migración a través de la columna. El ligando libre compite con el ligando unido a las proteínas de la columna, liberando la proteína de la matriz.

- Metabolitos

***Espectrometría de masas (EM):***

Este método es utilizado para identificar y cuantificar metabolitos después de su separación por cromatografía de gases, HPLC, cromatografía líquida-espectrometría de masas (CL-EM), o EC. Hay un gran número de estudios que usan la tecnología EM por sí misma: la muestra es puesta directamente en el espectrómetro de masa sin separación previa, y la EM sirve tanto para separar como para detectar los metabolitos.

***Resonancia magnética:***

Esta técnica se basa en la separación de iones en función de su masa y carga. Estos se forman por la ionización de una molécula orgánica y en dependencia del tipo de molécula será el tipo de ionización utilizado. En este caso, en contraste con la resonancia magnética nuclear (RMN), la muestra si se destruye y no puede volver a utilizarse.

## Índice de comentarios

---

2.1 No sólo de ADN

4.1 ¿citas completa?