



CICLO ESPECIAL DE CURSOS 2010 MAESTRÍA EN BIOINFORMÁTICA PEDECIBA

La Maestría en Bioinformática del PEDECIBA tiene el agrado de difundir el siguiente curso en el marco del Ciclo Especial de Cursos que está llevando adelante desde el mes de Agosto de 2010 hasta el mes de Febrero de 2011 (aproximadamente) con la participación especial de invitados del exterior.

Estos cursos podrán ser tomados como Optativas por parte de los estudiantes de la Maestría en Bioinformática, teniendo éstos preferencia al momento de la inscripción.

Las inscripciones deberán realizarse hasta una semana antes de comenzar cada curso al mail de la Maestría (bioinformatica@pedeciba.edu.uy).

Se adjunta en la siguiente página la información de dicho curso.

Saluda atte.,

Ing. Jorge Corral
Encargado Docente



**Maestría
Bioinformática**



Curso: "Aproximación al Estudio de la Célula Mínima desde la Biología de Sistemas"

Prof. Invitado: Dr. Federico Morán (Link a CV: <http://www.pedeciba.edu.uy/bioinformatica/temarios/FMoranCV-res-EN.pdf>)

Fecha: Lunes 6 al Viernes 10 de Diciembre de 2010.

Horarios: Lunes a Viernes de 10 a 13 y de 15 a 18.

Cupo: 15 personas (se aplica solamente a los trabajos prácticos, de 15 a 18).

Metodología: teóricos y prácticos (ver adjunto).

Lugar: Facultad de Ciencias (salón 105).

Idioma: El curso será dictado en español.

Conocimientos previos recomendados: Conocimientos básicos de Biología e Informática.

Evaluación: Informe de trabajos prácticos y examen escrito.

Programa: ver adjunto.

Referencias del curso y materiales: ver adjunto.

Software a utilizar: ver adjunto.



Adjunto

Curso Montevideo diciembre 2010

Título del curso: Aproximación al estudio de la célula mínima desde la Biología de Sistemas. Teoría y Práctica.

Presentación.

La Biología de Sistemas se ha consolidado como una disciplina fundamental para la comprensión de los sistemas biológicos en su conjunto, comenzando especialmente por la propia célula viva. La biología de sistemas permite la integración de información estructural y funcional proveniente de las técnicas de alto rendimiento que han propiciado la llamada era de la post-genómica (genómica, transcriptómica, proteómica, metabolómica, fluxómica, etc.).

El origen de la vida está íntimamente ligado al origen de la célula viva. Uno de los retos que tiene planteada la biología se centra en establecer que condiciones han de producirse para que pueda existir una célula viva. En el estudio de esta célula mínima original se plantean dos aproximaciones: genómica reductiva (top-down) y biología sintética (bottom-up). La primera aproximación representa el análisis y comparación de genomas buscando los componentes comunes más antiguos hasta llegar al LUCA. La genómica reductiva se emplea para determinar el componente genético mínimo que permite a una célula ser viva. La segunda aproximación se plantea la construcción “de novo” de una célula mínima (simple, primitiva) a partir del ensamblaje de sus componentes moleculares. Esto se está haciendo mediante modelos teóricos y experimentales (reproducción de vesículas lipídicas, por ejemplo)

Estas aproximaciones representan líneas activas de investigación en muchos laboratorios con grandes recursos. En este curso vamos a estudiar precisamente la segunda aproximación desde un punto de vista “teórico” y bajo la visión de la Biología de Sistemas. Además se van a incluir lecciones sobre algunos algoritmos utilizados en esta aproximación teórica, como son algoritmos genéticos y redes neuronales artificiales.

El curso se va estructurar en lecciones teóricas y prácticas. El desarrollo de las prácticas se centrará fundamentalmente sobre la Parte B del programa. El primer día del curso se entregará a los alumnos un guión y material (artículos) para que en grupos vayan desarrollando el trabajo en el aula de informática. El último día del curso los alumnos harán una presentación al resto de la clase de los resultados de las prácticas.



Programa del curso.

Parte A. Lecciones de Introducción.

- Lección introductoria sobre la célula en el contexto del origen de la vida. La información que hace una célula viva. Universalización de la Biología.
- Breve repaso histórico de la aproximación de genómica reductiva empleando como referencia los trabajos de C. Venter sobre genoma mínimo: reducción de genomas, ensamblaje de genomas y síntesis ab initio de genomas.

Parte B. Modelización y sistemas dinámicos: aproximación bottom-up.

Condiciones para el origen de la célula. Estudio de modelos y propuestas para el origen celular a partir de la auto-organización de sus componentes.

Análisis de las condiciones que tienen que cumplirse para la aparición o emergencia de formas primitivas de células, también llamadas protocélulas, en condiciones prebióticas, que pueden resumirse en los siguientes puntos:

1. Molecularidad;
2. Auto-mantenimiento recursivo;
3. Autopoiesis;
4. Coherencia termodinámica;
5. Coherencia estequiométrica;
6. Auto-reproducción;
7. Incremento de la complejidad estructural y funcional (Piedrafita et al. 2010b)

Parte C. Algoritmos.

Introducción a los Algoritmos Genéticos.

Introducción a las Redes Neuronales Artificiales, clasificación con SOM (Selforganizing Maps)

Reconstrucción de redes metabólicas a partir de experimentos de pulso de marcadores (Morán et al. 2008)

Parte D. Prácticas.

1. Modelo célula mínima. Análisis dinámico. Práctica con CEPASI. Trabajo de referencia Olasagasti et al (2007)
2. Modelo de célula mínima. Análisis estructural y estequiométrico. Práctica con METATOOL. Trabajo de referencia Montero et al. (2008)
3. Modelo de sistema M-R (Metabolic-Repair). Análisis dinámico. Trabajo de referencia Piedrafita et al (2010)
4. Modelo de sistema M-R. Análisis estequiométrico. Trabajo de referencia Piedrafita et al. (2010a)
5. Aplicación de SOM para clasificación de datos biológicos (secuencias víricas, por ejemplo). Práctica con Plataforma de S. Delgado
6. Empleo de un Algoritmo Genético para optimizar parámetros de regulación de redes metabólicas. Práctica con MATLAB. Trabajo referencia Higuera et al (2010)



Material Bibliográfico.

Se pueden obtener copias de todos los artículos incluidos en esta lista en la web <http://bbm1.ucm.es/fmoran/articles.php>

Se puede obtener una copia pdf completa del texto de Biofísica, por capítulos, en la web: <http://bbm1.ucm.es/fmoran/books.php>

NB. La numeración hace referencia al fichero pdf correspondiente a ese Artículo

1. Francisco Montero y Federico Morán. Biofísica: Procesos de Autoorganización en Biología. EUDEMA, SA , Madrid (1992).

31. Andrade M A, Chacón P, Merelo J J, Morán F. Evaluation of secondary structure of proteins from UV circular dichroism spectra using an unsupervised learning neural network. Protein Engineering 6, 383-390, (1993).

53. Merelo JJ, Prieto A, Morán F, Marabini R, Carazo JM. A GA optimized neural network for classification of biological particles from electron microscopy images. Biological and Artificial Computation: From Neuroscience to Technology (Eds. J. Mira, R. Moreno Díaz, and J Cabestany) 1174-1182, Springer Verlag, Heidelberg (1997)

58. Chacón P, Morán F, Díaz JF, Pantos E, Andreu JM. Low-resolution structures of proteins in solution retrieved from X-Ray scattering with a genetic algorithm. Biophysical J. 74, 2760-2775, (1998).

66. Chacón P, Díaz JF, Morán F, Andreu JM. Reconstruction of protein solution structures with X-ray scattering and a genetic algorithm. J. Molecular Biology 299 (5), 1289-1320 (2000). PMID 10873453

67. Unneberg PBD, Merelo JJ, Chacón P, Morán F. SOMCD: Method for evaluating protein secondary structure from UV Circular Dichroism spectra. Proteins 42, 640-470 (2001).

89. Olasagasti F, Moreno A, Peretó J, Morán F. Energetically plausible model of a self-maintaining protocellular system. Bulletin of Mathematical Biology 69, 1423-1445 (2007)

90. Morán F, Vlad MO, Bustos M, Triviño JC, Ross J. Species connectivities and reaction mechanisms from neutral response experiments. J. Phys. Chem. A 111, 1844-1851 (2007)



92. Mora AM, Merelo JJ, Briones C, Morán F, Laredo JLJ. Clustering and visualizing HIV quasispecies using Kohonen's Self-Organizing Maps. F. Sandoval et al (Eds.) IWANN 2007. Lecture Notes in Computer Sciences 4507, 940-947 (2007)

93. Morán F, Moreno A. ¿Es posible la universalización de la Biología? Revista Española de Física (publicada por la RSEF). Julio-Septiembre, 2-6 (2007)

94. Montero F, Nuño JC, Meléndez-Hevia E, Olasagasti F, Vázquez S, Morán F. Stoichiometric analysis of self-maintaining metabolisms. Journal of Theoretical Biology 252, 427–432 (2008)

96. Morán F. Fundamentos Biológicos de la Vida Humana ¿Qué es la Vida?. "Ciencia y Hombre". Ildefonso Murillo (Ed.) Ediciones Diálogo Filosófico. Salamanca 2008. Pp 129-134.

99. Moran F. La evolución antes y después del origen de la vida ¿Es la evolución darwinista una fuerza natural universal? En "Darwin, su tiempo y el nuestro – Paradigma Evolucionista". Pp. 79-91. MJ González Garmendia (Ed). Cátedra Pedro Poveda 7. Universidad Pontificia de Salamanca (2010)

100. Piedrafita G, Montero F, Moran F, Cardenas ML, Cornish-Bowden A. A Simple Self-Maintaining Metabolic System: Robustness, Autocatalysis, Bistability. Plos Computational Biology 6 (8) August (2010)

101. Piedrafita G, Ruiz-Mirazo K, Olasagasti F, Peretó J, Moreno A, Montero F, Moran F. Conceptual bases for the emergence of early protocells. Origin of Life and Evolution of Biosphere. 40 (4-5) 445-449 (2010)

Calendario de clases del Curso

Lunes 6 de diciembre

Mañana

- Introducción y presentación del curso.
- Lección 1: Origen de la vida, origen de la célula y universalización de la Biología (refs. 93, 96 y 99)
- Lección 2: Genómica reductiva vs. biología sintética (ref. 101; Trabajos de Craig Venter)

Tarde (Laboratorio de Informática)

- Lección 3: Modelización de sistemas biológicos (Capítulo 5, Biofísica, Montero y Morán 1992)
- Presentación de los temas de prácticas. Grupos de trabajo.



Martes 7

Mañana

- Lección 4: Estudio de sistemas dinámicos. Soluciones de ecuaciones diferenciales (Capítulo 3, Biofísica, Montero y Morán 1992)
- Lección 5. Análisis estequiométrico de rutas metabólicas. METATOOL. (Pfeiffer et al. 1999)

Tarde

- Introducción a las herramientas y programas que se van a utilizar.
- Trabajo dirigido de grupos en el laboratorio de informática

Miércoles 8

Mañana

- Lección 6. Introducción a las redes neuronales artificiales. Clasificación mediante algoritmos SOM (refs. 31 y 67)
- Lección 7. Reconstrucción de redes metabólicas a partir de experimentos de pulso de marcadores. (ref. 90)

Tarde

Trabajo dirigido de grupos en el laboratorio de informática

Jueves 9

Mañana

- Lección 8. Métodos de optimización: algoritmos genéticos y optimización evolutiva. (Refs. 53, 58 y 66)
- Lección 9. Estudio comparativo de herramientas de reconstrucción de redes metabólicas a partir de datos de secuenciación genómica.

Tarde

Trabajo dirigido de grupos en el laboratorio de informática

Viernes 10

Mañana y tarde: exposición de los trabajos desarrollados por los grupos.