

Febrero - Marzo 2026

Introducción a la línea de comandos y a la programación para análisis bioinformáticos.

Coordinador: Dr. Andrés Iriarte

Docentes participantes: Dr. Andrés Iriarte, Dr. Fernando Álvarez-Valín.

Colaboradores: Lic. Hernán Juan.

Contenido:

Como resultado de los avances en la tecnología de secuenciación se ha generado una revolución en diversas áreas de la biología. Estas metodologías generan una enorme cantidad de información, genomas completos, genes e incluso permite estimar con precisión sus niveles de expresión. Por sus características estos datos sólo pueden ser analizados mediante herramientas bioinformáticas. Muchas de estas herramientas se desarrollan sin una interfaz gráfica, y las que la tienen suelen desarrollarse más lentamente o en versiones no actualizadas. Adquirir manejo en su entorno es fundamental para lograr un uso eficiente de las mismas. Este curso plantea introducir a los estudiantes en la línea de comando, elemento básico para el análisis de secuencias, genomas y datos de secuenciación, y en la programación. El curso está orientado a estudiantes de grado y estudiantes de posgrado de áreas biológicas sin formación en programación o bioinformática.

Palabras claves: Linux, Biología computacional, Lenguaje de programación R.

Programa:

Teórico (1 hr. 30 min.):

1. Introducción al Curso. Introducción a sistema operativo Linux. Formatos, scripts y lenguajes de programación. (Iriarte – Lunes 23/02)
2. Comandos básicos en la terminal. Concepto de pipeline y *path*. (Iriarte – Martes 24/02)
3. Comandos para el manejo de textos I. (Iriarte – Miércoles 25/02)
4. Comandos para el manejo de textos II. (Iriarte – Jueves 26/02)
5. Herramientas del paquete *Emboss*: Introducción al *emboss* y manejo básico de secuencias. (Iriarte - Viernes 27/02)
6. Introducción a la programación. (Iriarte - Lunes 02/03)
7. Programación en el *Shell I (“Bash scripting”)*: Manejo de variables y listas, salidas y entradas. Integración con otros lenguajes de programación. (Iriarte - Martes 03/03)
8. Programación en el *Shell II (“Bash scripting”)*: Bucles (Iriarte – Miércoles 04/03)
9. Programación en el *Shell III (“Bash scripting”)*: Condicional (Iriarte – Jueves 05/03)
10. Programación en el *Shell IV (“Awk y Sed”)*. (Álvarez-Valín – Viernes 06/03)
11. Introducción a CONDA, sistema de gestión de paquetes y ambientes. (Iriarte - Lunes 09/03)
12. Introducción a R. (Iriarte - Martes 10/03)
13. Manejo de datos en R: entradas y salidas. Tipos de objetos. (Iriarte - Miércoles 11/03)
14. Análisis de datos de secuenciación masiva en R: RNA-seq (Iriarte – Jueves 12/03)
15. Análisis de enriquecimiento funcional en R. (Iriarte - Viernes 13/03)

Práctico (3 hr.):

Docentes: Dr. A. Iriarte, Dr. F. Alvarez-Valin, Lic. H. Juan.

1. Conexión remota vía ssh. Desplazamiento a través de la terminal. Uso de comandos básicos en la terminal. (Lunes 23/02)
2. Instalar y correr programas. Ejemplos: *Muscle*, *FastTree*, *Bwe*, *Spades* y otros. (Martes 24/02)
3. Manejo de textos: sed, uniq, grep, sort y otros. (Miércoles 25/02)
4. Manejo de textos: awk. (Jueves 26/02)
5. Comandos del paquete *Emboss*, ejemplos más utilizados. (Viernes 27/02)
6. Comparación de scripts escritos en distintos lenguajes y ejemplos. (Lunes 02/03)
7. *Scripting Shell I*. Introducción al *scripting* y uso de variables. (Martes 03/03)
8. *Scripting Shell II*. Recorrer listas, ejecutar acciones repetidas. Uso de *loops*. (Miércoles 04/03)
9. *Scripting Shell III*. Flujo de scripts. Uso de condicional. (Jueves 05/03)
10. *Scripting Awk & Sed*. Introducción a la programación con *awk*. (Viernes 06/03)
11. Manejo de CONDA, ejemplos. (Lunes 09/03)
12. *RStudio*. Manejo de datos: filas y matrices. (Martes 10/03)
13. Estadística básica y gráficos simples. (Miércoles 11/03)
14. Análisis de *RNA-seq*. (Jueves 12/03)
15. Análisis genómicos funcionales. (Viernes 13/03)

Evaluación: Examen individual, con preguntas abiertas y ejercicios, 3 horas.

Texto recomendado:

- *Practical Computing for Biologists*, de Haddock and Dunn, Ed. Sinauer, 2010.
- *A Beginner's Guide to R*, de Zuur, Ieno and Meesters, Ed. Springer, 2009.
- *R para Ciencia de Datos*, de Garrett Grolemund y Hadley Wickham, 2017.

Fecha: del 23 de febrero al 13 de marzo.

Presencial: Sala de Bioinformática, Instituto de Higiene.

Horario: 12:30 – 17:00 hs.

Carga Horaria: Teóricos 22 hs. 30 min. // Prácticos 45 hs. // Evaluación 3 hs.

Créditos: 9 (PEDECIBA).

Cupos: 22.

Escribir a: airiarte@higiene.edu.uy o airiarteo@gmail.com

Web: www.higiene.edu.uy/ddbp/lbc/