



INSTITUTO DE HIGIENE  
Prof. Arnoldo Berta  
FACULTAD DE MEDICINA

## **Febrero - Marzo 2024**

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

**Coordinador:** Dr. Andrés Iriarte

**Docentes participantes:** Dr. Andrés Iriarte, Dr. Eugenio Jara, Dr. Fernando Álvarez-Valín, Dr. Guillermo Lamolle & Dr. Héctor Musto.

**Colaboradores:** Lic. Hernán Juan, Mag. Javier Calvelo.

### **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 secuenciación, y en a la programación. El curso está orientado a estudiantes avanzados 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. Historia de la Bioinformática. Introducción a sistema operativo Linux. Formatos, scripts y lenguajes de programación. (Musto & Iriarte – Lunes 19/02)
2. Comandos básicos en la terminal. Concepto de pipeline y *path*. (Iriarte – Martes 20/02)
3. Comandos para el manejo de textos I. (Iriarte – Miércoles 21/02)
4. Comandos para el manejo de textos II. (Iriarte – Jueves 22/02)
5. Herramientas del paquete *Emboss*: Introducción al *emboss* y manejo básico de secuencias. (Iriarte - Viernes 23/02)
6. Introducción a la programación. (Iriarte - Lunes 26/02)
7. Programación en el *Shell I* (“*Bash scripting*”): Manejo de variables y listas, salidas y entradas. Integración con otros lenguajes de programación. (Iriarte - Martes 27/02)
8. Programación en el *Shell II* (“*Bash scripting*”): *Loops* (for, while, until) y Condicional (if). (Iriarte – Miércoles 28/02)
9. Programación en el *Shell III* (“*Awk y Sed*”). (Alvarez-Valín – Jueves 29/02)
10. Introducción a R: Manejo de datos, entradas y salidas. Tipos de objetos. (Lamolle - Viernes 01/03)
11. Estadística básica y gráficos simples en R. (Lamolle - Lunes 04/03)
12. Manejo básico de datos en R. (Iriarte - Martes 05/03)



Departamento de  
**Desarrollo Biotecnológico**  
Instituto de Higiene · Facultad de Medicina



PEDECIBA



INSTITUTO DE HIGIENE  
Prof. Arnoldo Berta  
FACULTAD DE MEDICINA

13. Análisis de datos de secuenciación masiva en R. (Jara - Miércoles 06/03)
14. Análisis de enriquecimiento funcional en R. (Iriarte - Jueves 07/03)

### **Práctico (3 hr.):**

Docentes: Dr. A. Iriarte, Dr. F. Alvarez-Valin, Mag. J. Calvelo, Dr. G. Lamolle, Lic. H. Juan, Dr. Eugenio Jara.

1. Conexión remota vía *ssh*. Desplazamiento a través de la terminal. Uso de comandos básicos en la terminal. (Lunes 19/02)
2. Instalar y correr programas. Ejemplos: *Muscle*, *FastTree*, *Bwe*, *Spades* y otros. (Martes 20/02)
3. Manejo de textos: *sed*, *uniq*, *grep*, *sort* y otros. (Miércoles 21/02)
4. Manejo de textos: *awk*. (Jueves 22/02)
5. Comandos del paquete *Emboss*, ejemplos más utilizados. (Viernes 23/02)
6. Comparación de scripts escritos en distintos lenguajes y ejemplos. (Lunes 26/02)
7. *Scripting Shell* I. Introducción al scripting y uso de variables. (Martes 27/02)
8. *Scripting Shell* II. Recorrer listas, ejecutar acciones repetidas. Uso de *loops*. (Miércoles 28/02)
9. *Scripting Awk & Sed*. Introducción a la programación con *awk*. (Jueves 29/02)
10. *RStudio*. Manejo de datos, filas y matrices en R. (Viernes 01/03)
11. Análisis estadísticos en R. (Lunes 04/03)
12. Manejo básico de datos con Tidyverse. (Martes 05/03)
13. Análisis de *RNaseq* en R. (Miércoles 06/03)
14. Análisis genómicos funcionales. (Jueves 07/03)

**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 Grolemond y Hadley Wickham, 2017.

Fecha: del 19 de febrero al 07 de marzo.

Presencial: Salón Rojo, Instituto de Higiene.

Horario: 12:30 – 17:00 hs.

Carga Horaria: Teóricos 21 hs. // Prácticos 42 hs. // Evaluación 3 hs.

Créditos: 8 (PEDECIBA).

Cupos: 20.

Escribir a: [airiarteo@gmail.com](mailto:airiarteo@gmail.com)

Web: [www.higiene.edu.uy/ddbp/lbc/](http://www.higiene.edu.uy/ddbp/lbc/)



Departamento de  
**Desarrollo Biotecnológico**  
Instituto de Higiene · Facultad de Medicina