

## POSTGRADO EN BIOINFORMÀTICA: HERRAMIENTAS COMPUTACIONALES EN INFORMÀTICA MÈDICA, CIENCIAS ÓMICAS Y DISEÑO DE NUEVOS FÀRMACOS

### PRESENTACIÓN

Este postgrado ha sido diseñado por un equipo de profesionales del Sector BIOINFORMÀTICO, que ha trabajado bajo la coordinación y supervisión del BIB (Bioinformàtics Barcelona).

### OBJETIVOS

Al finalizar el curso, los participantes conocerán y sabrán trabajar con las herramientas computacionales que se utilizan en los proyectos de informática médica. En concreto:

- Sabrán identificar las fuentes de datos en informática médica, los ámbitos de aplicación en el sector biomédico y agroalimentario.
- Reconocerá los modelos 3D moleculares en la búsqueda de nuevos fármacos, y las diferentes técnicas de simulación por ordenador en el ámbito de la modelización molecular.
- Sabrán consultar, modificar y gestionar la información almacenada en:
  - o Bases de datos médicos utilizando los procedimientos, funciones y guiones incorporados en el lenguaje de manipulación de datos, haciendo servir servicios desarrollados con la tecnología de la informática en la nube (cloud computing), y utilizando adecuadamente las herramientas y aplicaciones de uso habitual en Informática médica.
  - o Bases de datos bioinformáticas, utilizando los procedimientos, funciones y guiones incorporados en el lenguaje de manipulación de datos.
  - o Bases de datos de estructuras químicas y los datos utilizados para realizar modelizaciones moleculares, utilizando los procedimientos, funciones y guiones incorporados en el lenguaje de manipulación de datos.
- Sabrán trabajar adecuadamente con las herramientas y aplicaciones de uso habitual tanto en ciencias ómicas como en el diseño de nuevos fármacos.
- Serán capaces de elaborar informes relacionados con los datos obtenidos a partir de las herramientas utilizadas.

## CONTENIDOS

1. Informática médica
  - 1.1. Los datos masivos (Big-Data) en la investigación biomédica y en la atención sanitaria. Datos médicos de carácter personal. La anonimización de los datos. Legislación de protección de datos.
  - 1.2. Tipos de datos biomédicos. Bases de datos de artículos de científicos.
  - 1.3. Análisis de datos: métodos estadísticos. El entorno de software R. Análisis de datos con R.
2. Herramientas informáticas en investigación biomédica y atención sanitaria:
  - 2.1. Cloud computing. Amazon Elastic Compute Cloud (Amazon EC2) y otros
  - 2.2. Bases de datos de uso habitual en informática médica. PharmGKB, Clin Var-NCBI, OMIN, BioMart, PDB y otros.
  - 2.3. Registro de resultados y elaboración de informes.
3. Biomoléculas y ciencias ómicas:
  - 3.1. Biomoléculas: desde el ADN a la síntesis de proteínas. Estructura de l'ADN. Los nucleótidos. Las proteínas. Los aminoácidos. Estructura de las proteínas. Transcripción del ADN. El ARN. Síntesis de proteínas.
  - 3.2. Técnicas de secuenciación del ADN. Comparación de secuencias. Importancia en el estudio del genoma.
  - 3.3. Ciencias ómicas. Genómica. Proteómica y metabolómica. Epigenómica. Interactómica y biología de sistemas. Otras ciencias ómicas. Aplicaciones.
  - 3.4. Sectores de aplicación en el ámbito biomédico y agroalimentario.
4. Herramientas informáticas en las ciencias ómicas:
  - 4.1. Herramientas de uso habitual en genómica. Manipulación de secuencias. Alineación. Acoplamiento de genomas. Anotación de genes. SAMtools, Galaxy y otros.
  - 4.2. Repositorio de herramientas y aplicaciones de uso habitual en ciencias ómicas. Introducción a Bioconductor.
  - 4.3. Aplicación de Bioconductor en las ciencias ómicas: en transcriptómica y en epigenómica.
  - 4.4. Registro de resultados y elaboración de informes.
5. Los fármacos y los receptores
  - 5.1. Los fármacos. Finalidades. Formas farmacéuticas y medicamentos
  - 5.2. Biodisponibilidad y farmacocinética. ADME.
  - 5.3. Estructura de las proteínas.
  - 5.4. Receptores. Interacción fármaco-receptor: agonistas, antagonistas, etc.
  - 5.5. Estructura espacial de las moléculas. Modelos 3D moleculares. Enlaces intermoleculares. Grupos funcionales.
6. Herramientas informáticas en el diseño de nuevos fármacos.
  - 6.1. Bases de datos de estructuras químicas.
  - 6.2. Obtención de datos. Filtrado. Métodos de búsqueda.
  - 6.3. Cribaje virtual 2D (virtual screening).
  - 6.4. Herramientas para la búsqueda y el diseño de farmacóforos.

- 6.5. Herramientas para el acoplamiento molecular (docking): AutoDock y AutoGrid.
- 6.6. Herramientas para simulación de dinámica molecular: Gromacs, Amber i Charmm.
- 6.7. Herramientas para modelado por homología: Swiss-Model.
- 6.8. Registro de resultados y elaboración de informes.

## **TITULACIÓN**

Diploma de postgrado emitido por Bioinformàtics Barcelona y las Escuelas Universitarias Gimbernat y Tomàs Cerdà (adscritas a la Universitat Autònoma de Barcelona)

## **CAMPUS VIRTUAL**

Los participantes en el Curso tendrán acceso al Campus Virtual de las Escuelas Universitarias, donde dispondrán de un conjunto de herramientas de comunicación y colaboración entre participantes y profesorado, además de un repositorio documental.

## **ACCESO**

Para acceder a este curso NO es necesario disponer de titulación universitaria. Se permite el acceso a profesionales del sector Bioinformático, o a personas que por sus inquietudes personales sean consideradas aptas para seguir con normalidad los contenidos.

## **PROFESORADO**

Ferran Briansó, <https://www.linkedin.com/pub/ferran-brians%C3%B3/18/475/123>, Bioinformático en activo en la Unidad de Estadística y Bioinformática del VHIR;

Ignasi Belda, <https://www.linkedin.com/pub/ignasi-belda/2/6a5/835>

## **FECHAS Y PRECIOS**

El postgrado tienes una duración de 250 horas (Calendario y Horarios pendientes de concretar)

El coste del curso es de 2.000 euros (1.700 euros para graduados en Gimbernat, y miembros del BIB)