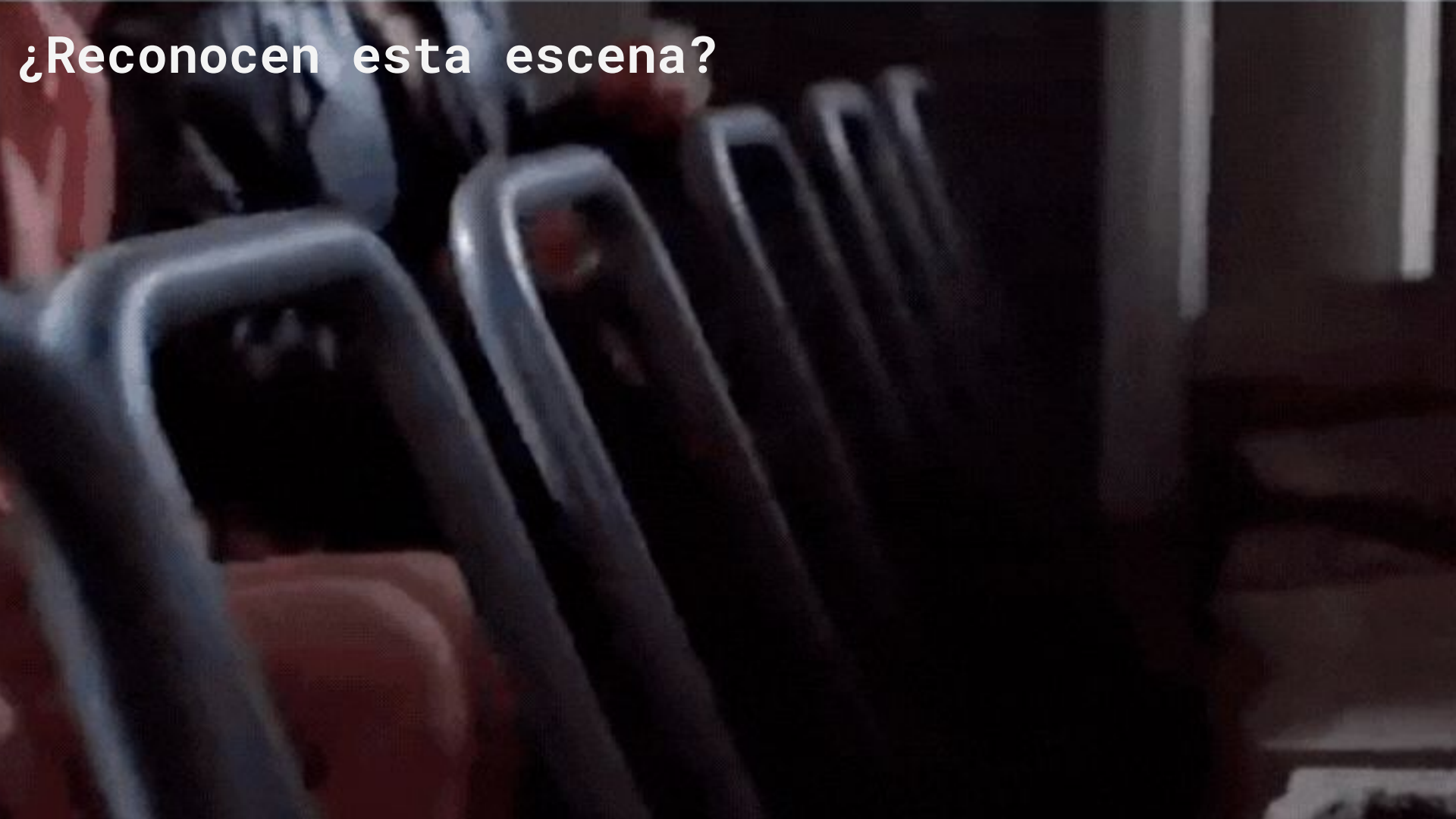




Dando Vida a los Datos: Python en Bioinformática

Mercedes Didier Garnham

¿Reconocen esta escena?







¿Qué es la bioinformática?



¿Qué es la bioinformática?



Mentimeter

¿Qué es la bioinformática?

Biología con informática

Crear dinosaurios a partir de mosquitos

Ni idea

Análisis de datos biológicos

Es la informática aplicada a la biología

Programar dinosaurios

La informática aplicada a la biología la naturaleza los seres vivos

Biología mezclada con informática



¿Qué es la bioinformática?



Mentimeter

¿Qué es la bioinformática?

Base de datos de biológicas

El arte de combinar informática con biología?

Dinosaurios ciborgs (?)

Algo relacionado a los cyborgs

Informatica aplicada a la biología

Es la programación que tiene que ver con la parte biologica

La informatica aplicada a la biologia.

Representación de la biología con bits y bytes



¿Qué es la bioinformática?



Mentimeter

¿Qué es la bioinformática?

La información de los datos biológicos

el cuerpo de una ia

Procesamiento relacionado con cosas vivas o que estuvieron vivas

Uso de informática para el análisis de datos biológicos

Aguante python!

Trabajar sistemas biológicos y analizarlos con herramientas informáticas.

Para mí la bioinformática sería la mezcla de bio "vida" e informática.

Transformers



¿Qué es la bioinformática?



Mentimeter

¿Qué es la bioinformática?

Primera vez que escucho el termino

Informática aplicada a la biología

Tratamiento informatico de datos biologicos

Digimones

Algo muy complejo

Informática aplicada a la biología.

La bioinformática es una disciplina científica interdisciplinaria que combina la biología, la informática y las matemáticas para analizar, interpretar y utilizar datos biológicos.

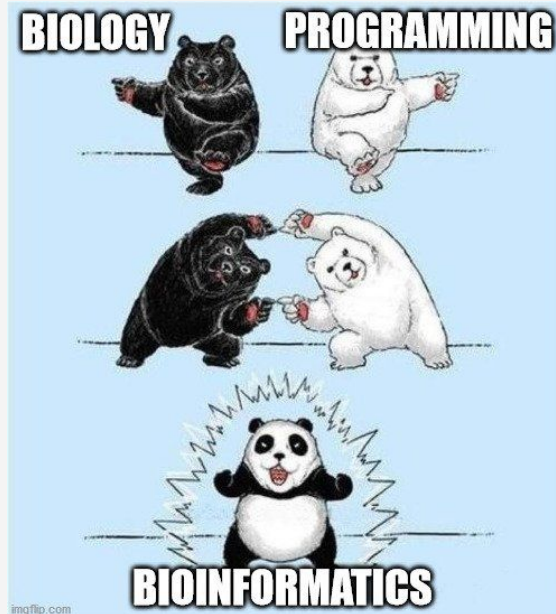
1



¿Qué es la bioinformática?



Análisis de datos biológicos mediante software.





UNIVERSIDAD NACIONAL
DE HURLINGHAM



¿Cómo se hace el análisis de datos?

- Bases de datos especializadas
- Software open access y pago
- Programando



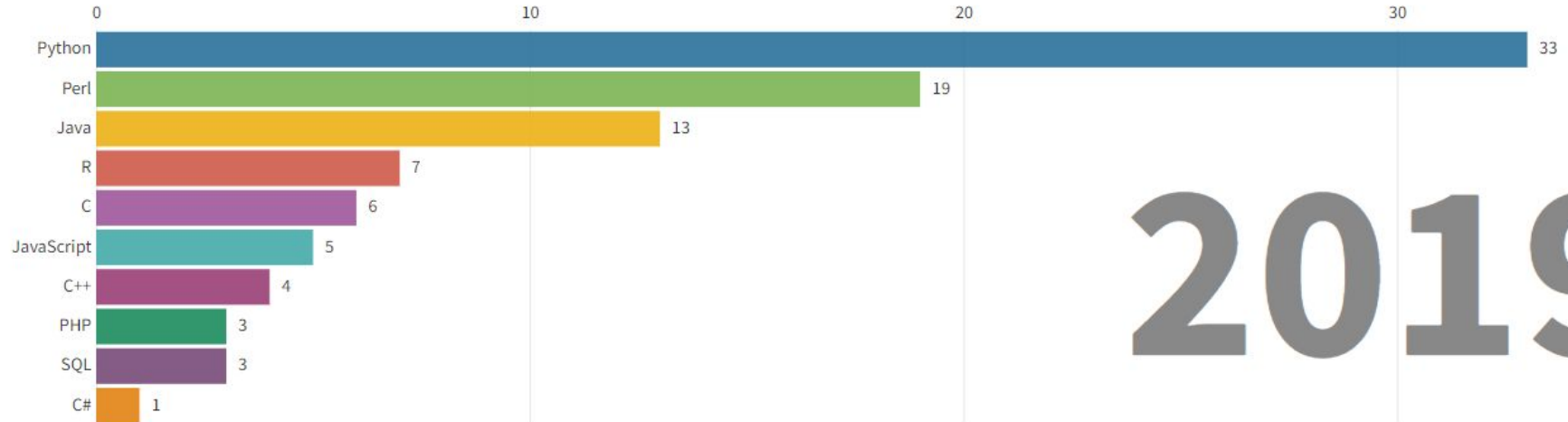
¿Cómo se hace el análisis de datos?



Most popular programming languages for Bioinformatics (1998-2019)

Based on citations in the abstract

Replay

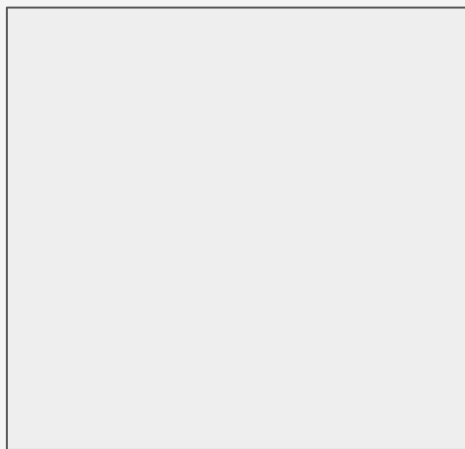


2019

<http://bioinfo.dcc.ufmg.br/history/home/languages>

* A Flourish data visualization

Ejemplos de la bioinformática



Ejemplo 1



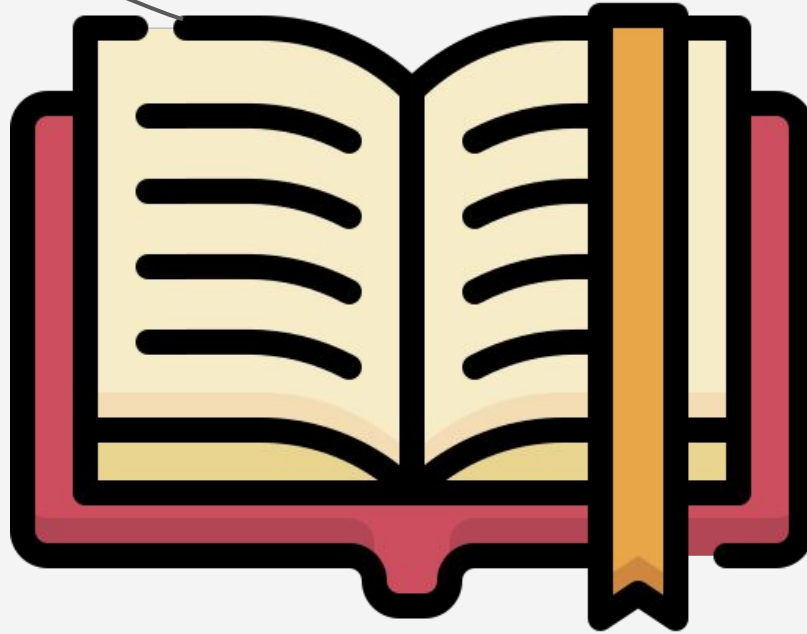
Ejemplo 2



Ejemplo 3

Ejemplo 1: Estudio del ADN

Receta = Gen

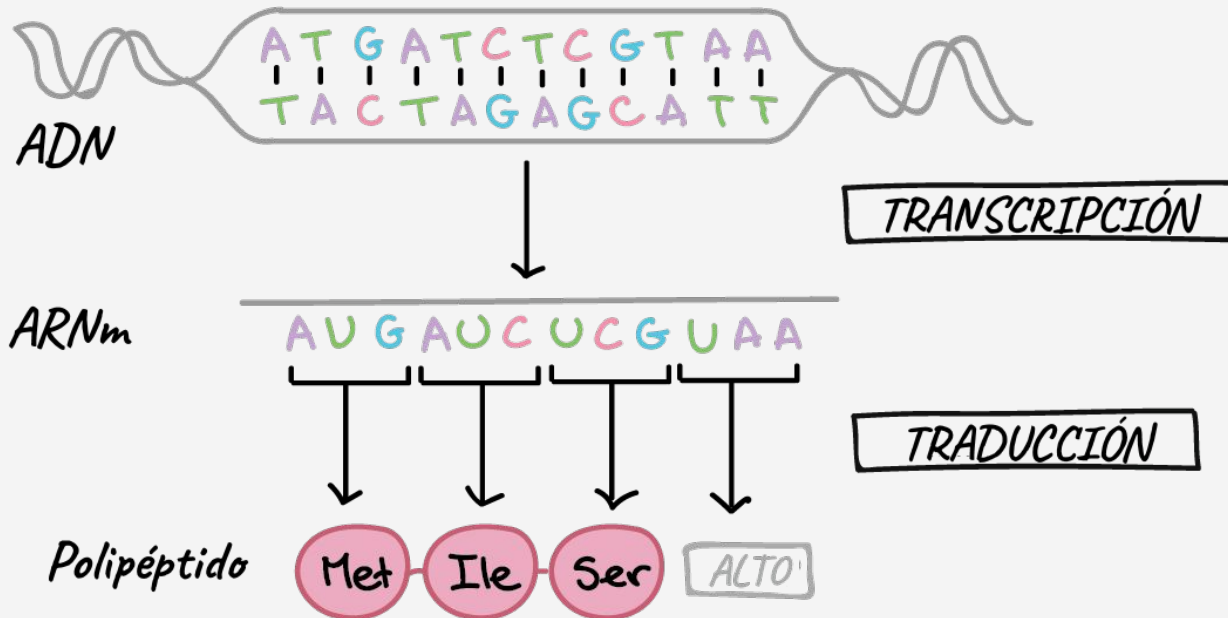


Libro de recetas = Genoma



Ejemplo 1: Estudio del ADN

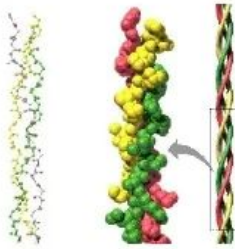
EL DOGMA CENTRAL



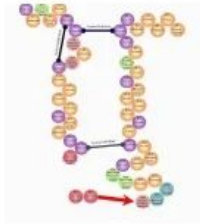
Ejemplo 1: Estudio del ADN



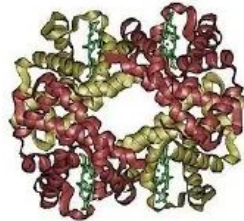
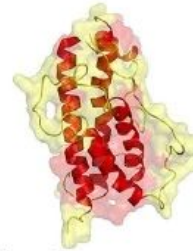
PROTEÍNAS: Funciones



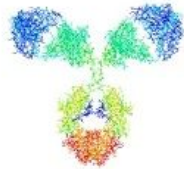
•Estructural (colágeno y queratina)



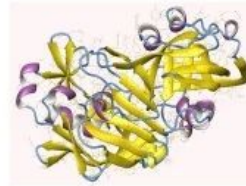
Reguladora (insulina y
hormona del crecimiento)



•Transportadora
(hemoglobina),

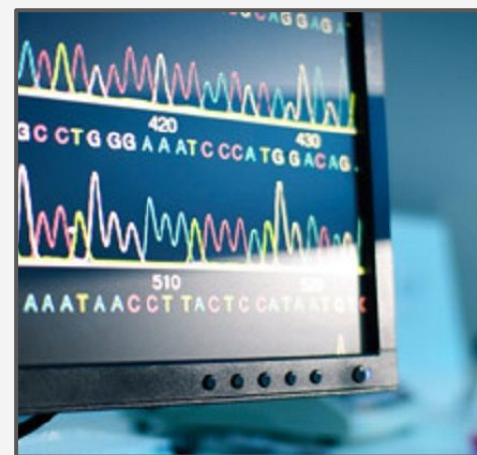
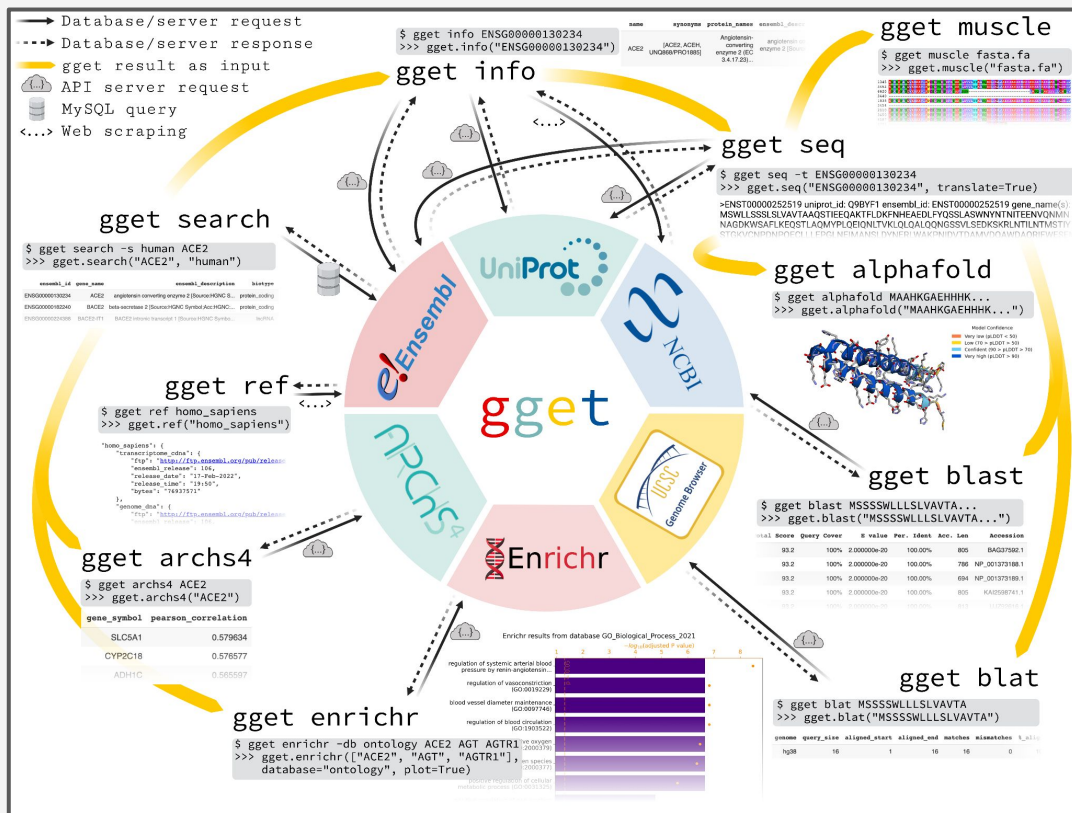


•Inmunológica
(anticuerpos),

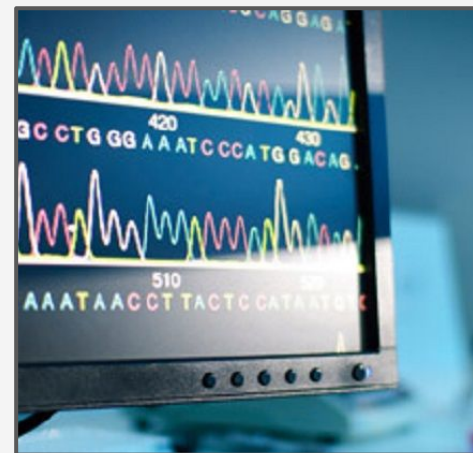


•Enzimática (pepsina),

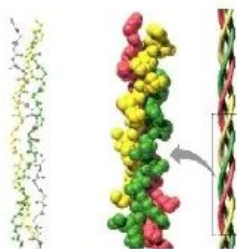
Ejemplo 1: Estudio del ADN



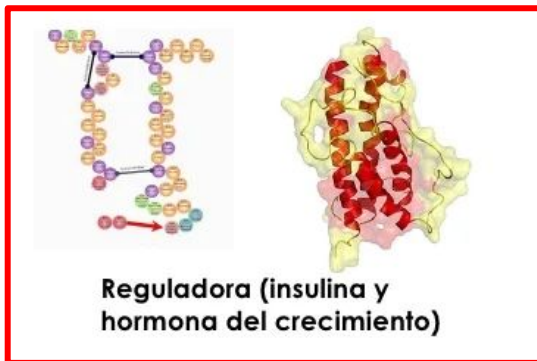
Ejemplo 1: Estudio del ADN



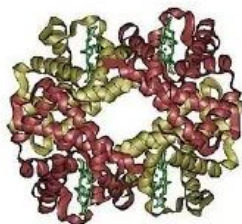
PROTEÍNAS: Funciones



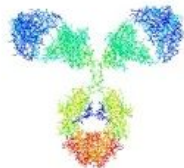
•Estructural (colágeno y queratina)



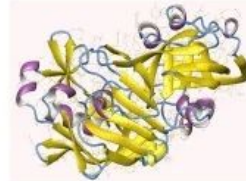
Reguladora (insulina y
hormona del crecimiento)



•Transportadora
(hemoglobina),



•Inmunológica
(anticuerpos),

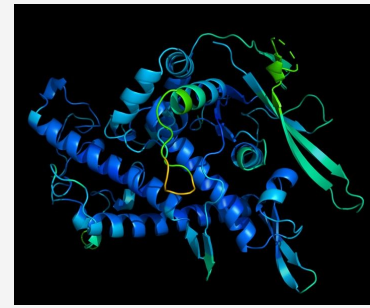


•Enzimática (pepsina),

Ejemplo 1: Estudio del ADN



Ejemplo 2: Estructura de proteínas

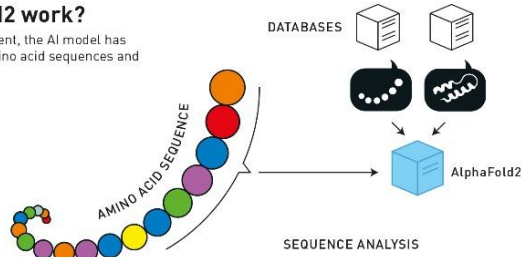


How does AlphaFold2 work?

As part of AlphaFold2's development, the AI model has been trained on all the known amino acid sequences and determined protein structures.

1. DATA ENTRY AND DATABASE SEARCHES

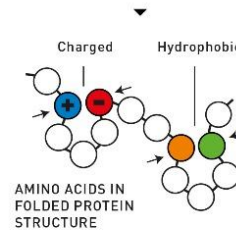
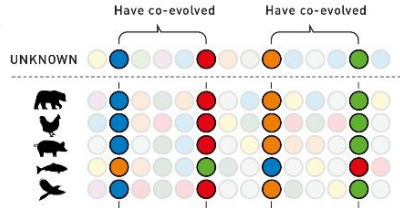
An amino acid sequence with unknown structure is fed into AlphaFold2, which searches databases for similar amino acid sequences and protein structures.



2. SEQUENCE ANALYSIS

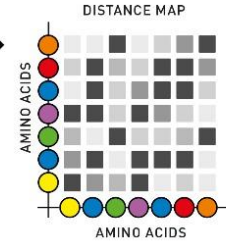
The AI model aligns all the similar amino acid sequences – often from different species – and investigates which parts have been preserved during evolution.

In the next step, AlphaFold2 explores which amino acids could interact with each other in the three-dimensional protein structure. Interacting amino acids co-evolve. If one is charged, the other has the opposite charge, so they are attracted to each other. If one is replaced by a water-repellent (hydrophobic) amino acid, the other also becomes hydrophobic.



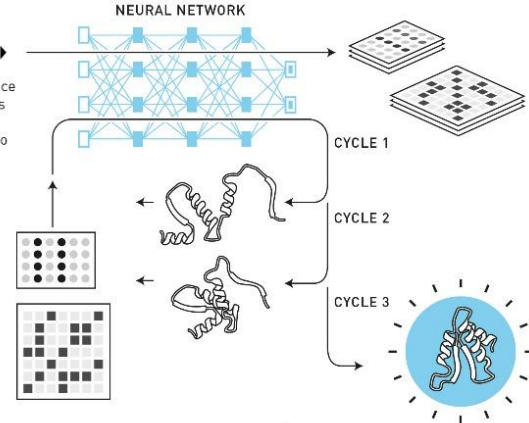
Using this analysis, AlphaFold2 produces a distance map that estimates how close amino acids are to each other in the structure.

← Furthest apart Closest →



3. AI ANALYSIS

Using an iterative process, AlphaFold2 refines the sequence analysis and distance map. The AI model uses neural networks called transformers, which have a great capacity to identify important elements to focus on. Data about other protein structures – if they were found in step 1 – is also utilised.



4. HYPOTHETICAL STRUCTURE

AlphaFold2 puts together a puzzle of all the amino acids and tests pathways to produce a hypothetical protein structure. This is re-run through step 3. After three cycles, AlphaFold2 arrives at a particular structure. The AI model calculates the probability that different parts of this structure correspond to reality.



Ejemplo 2: Estructura de proteínas



AlphaFold2.ipynb

Archivo Editar Ver Insertar Entorno de ejecución Herramientas Ayuda

+ Código + Texto Copiar en Drive

Conectar T4 Alta capacidad de RAM Gemini

ColabFold v1.5.5: AlphaFold2 using MMseqs2

Easy to use protein structure and complex prediction using [AlphaFold2](#) and [Alphafold2-multimer](#). Sequence alignments/templates are generated through [MMseqs2](#) and [HHsearch](#). For more details, see [bottom](#) of the notebook, checkout the [ColabFold GitHub](#) and [Nature Protocols](#).

Old versions: [v1.4](#), [v1.5.1](#), [v1.5.2](#), [v1.5.3-patch](#)


[Mirdita M, Schütze K, Moriwaki Y, Heo L, Ovchinnikov S, Steinegger M. ColabFold: Making protein folding accessible to all. Nature Methods, 2022](#)

Input protein sequence(s), then hit **Runtime** -> **Run all**

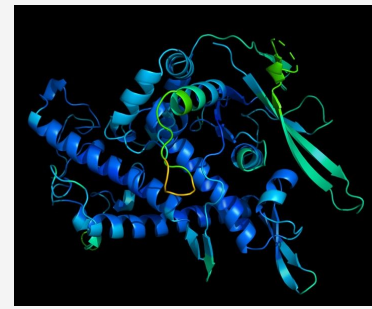
```
query_sequence: "PIAQIHILEGRSDEQKETLIREVSEAIRSLDAPLTSVRVIITEMAKGHFGIGGELASK"
```

- Use `:` to specify inter-protein chainbreaks for **modeling complexes** (supports homo- and hetro-oligomers). For example `PI...SK:PI...SK` for a homodimer

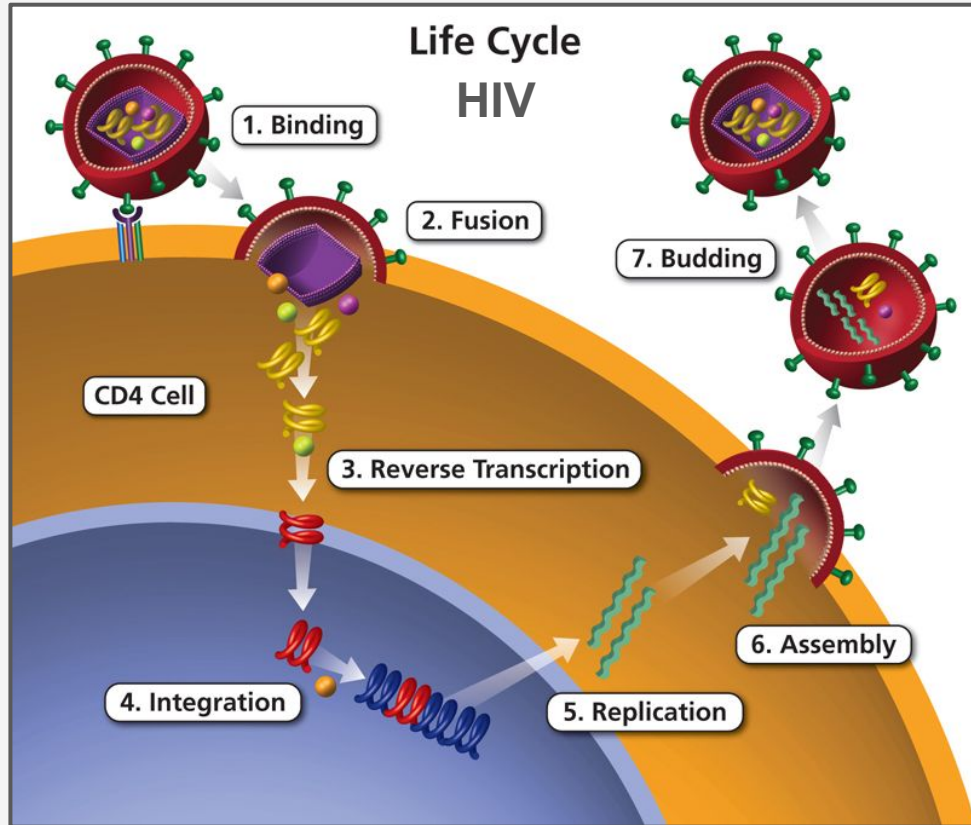
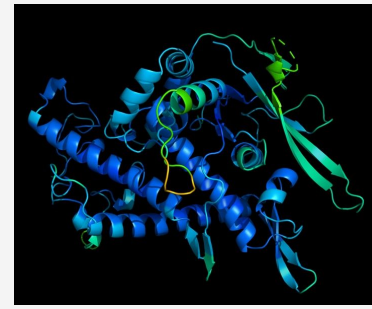
```
jobname: "test"
```



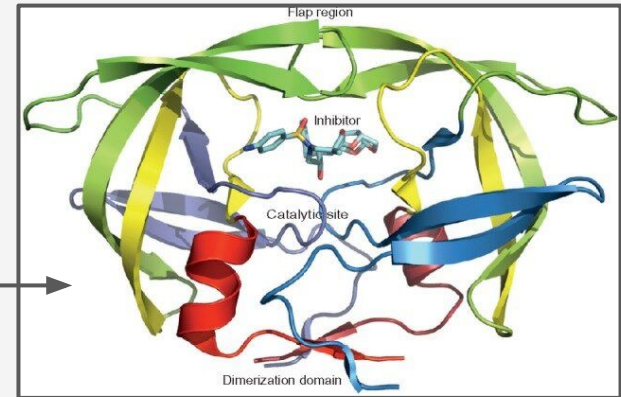
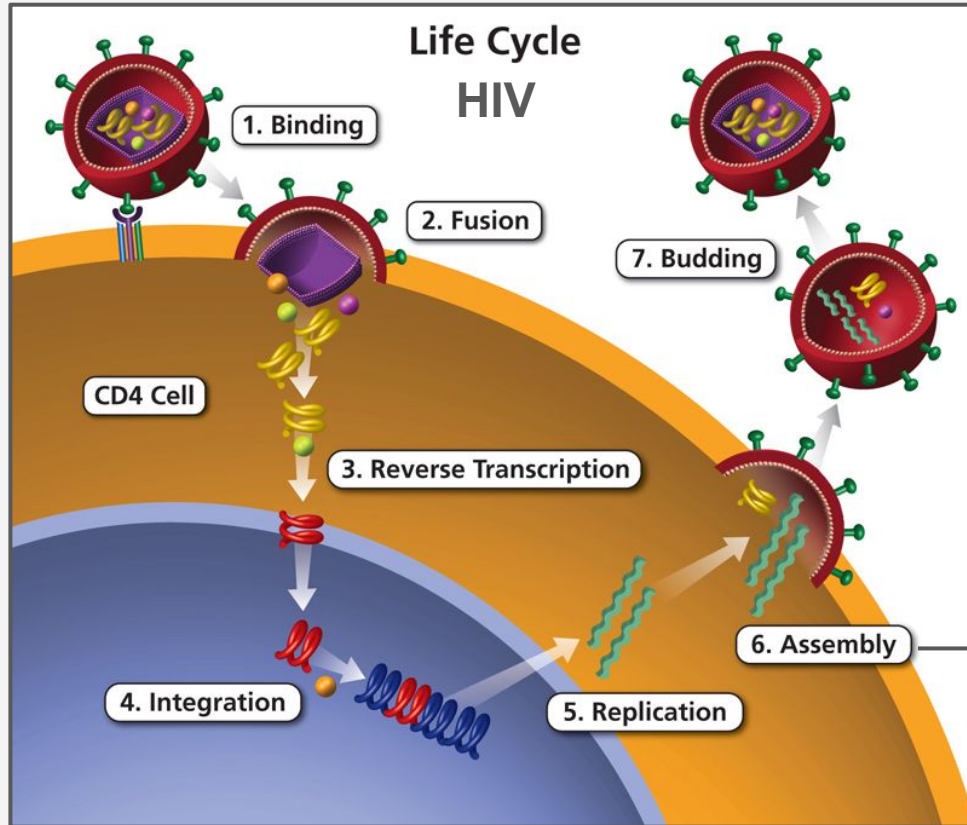
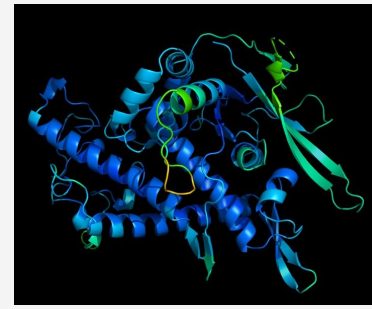
Ejemplo 2: Estructura de proteínas



Ejemplo 2: Estructura de proteínas

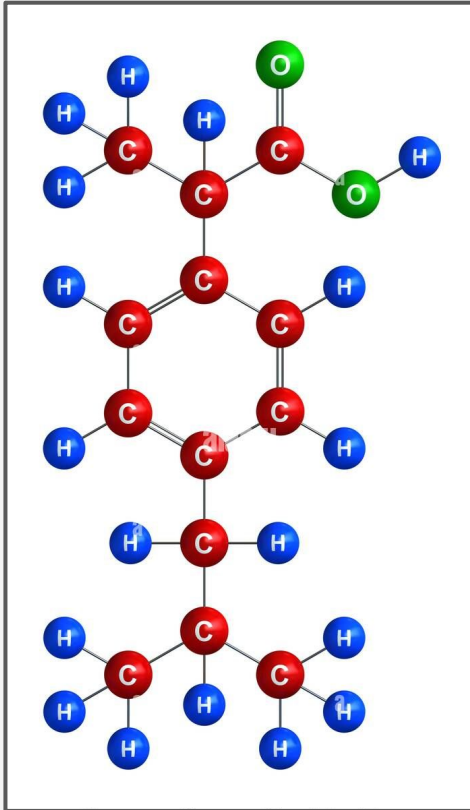


Ejemplo 2: Estructura de proteínas

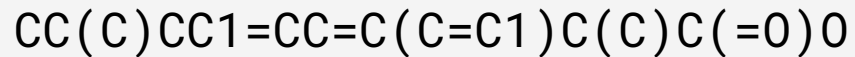
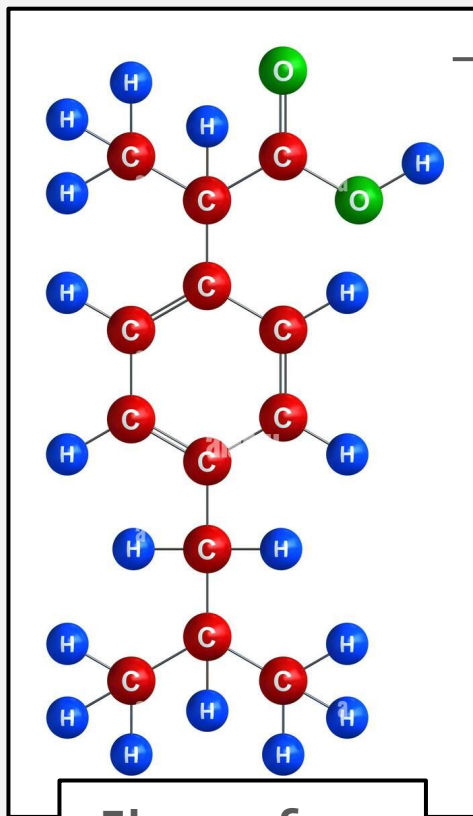


Saquinavir

Ejemplo 3: Búsqueda de tratamientos

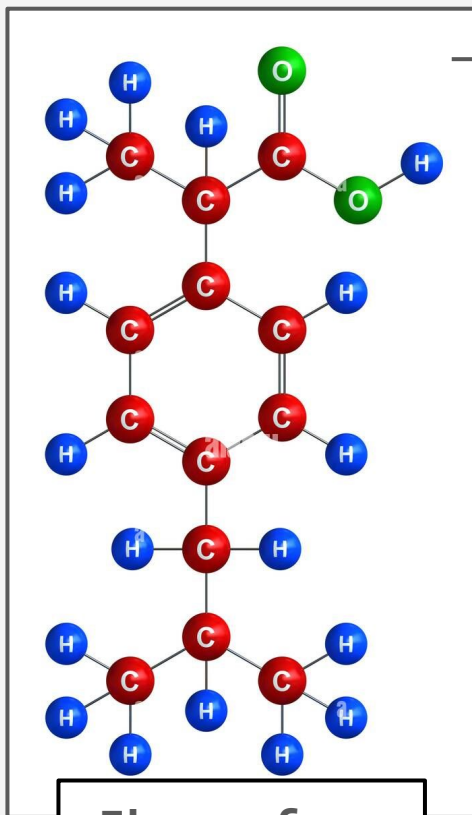


Ejemplo 3: Búsqueda de tratamientos



Ibuprofeno

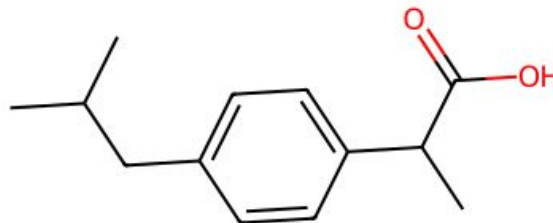
Ejemplo 3: Búsqueda de tratamientos



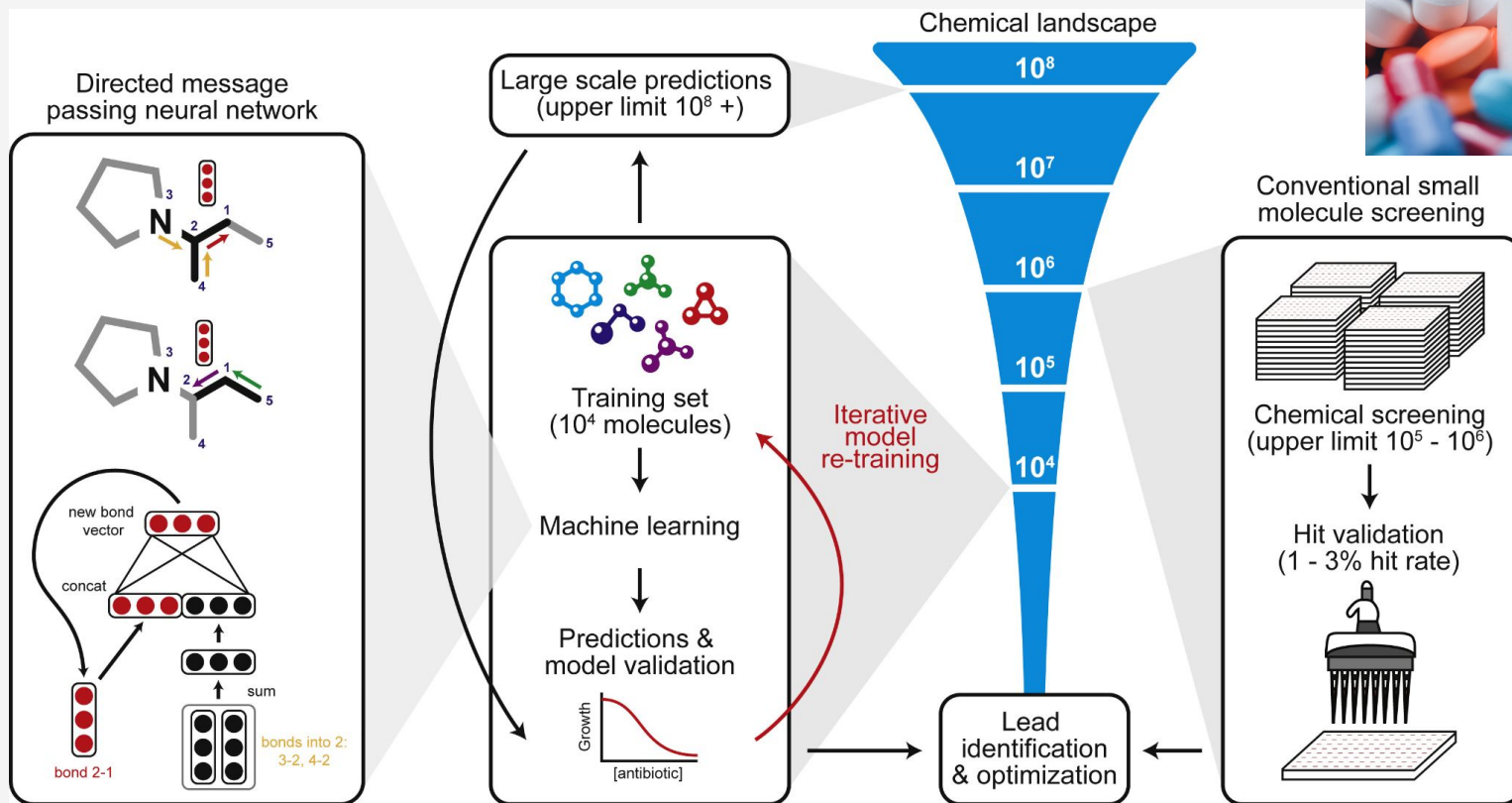
Ibuprofeno

CC(C)CC1=CC=C(C=C1)C(C)C(=O)O

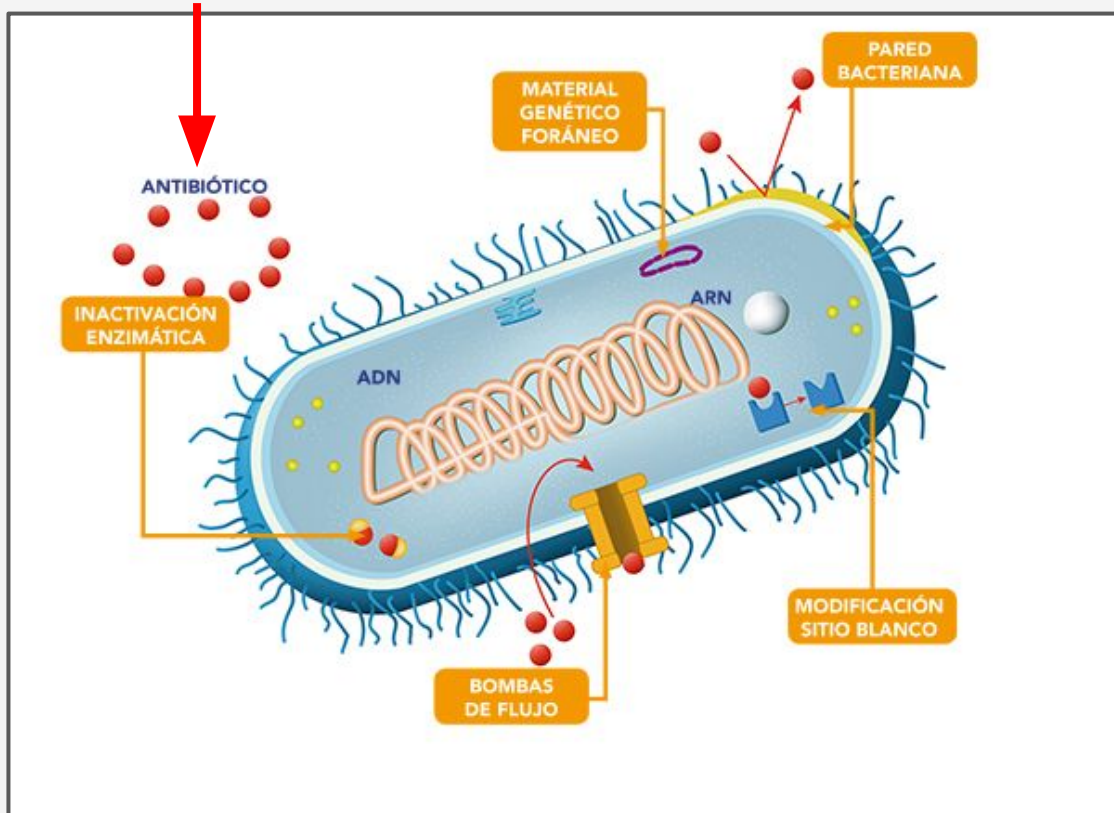
```
1 from rdkit import Chem
2 from rdkit.Chem import Draw
3 from rdkit.Chem import AllChem
4
5 # Define una cadena SMILES
6 smiles = "CC(C)CC1=CC=C(C=C1)C(C)C(=O)O"
7
8 # Crea un objeto molécula a partir de la cadena SMILES
9 mol = Chem.MolFromSmiles(smiles)
10
11 # Dibuja la molécula
12 mol
13
```



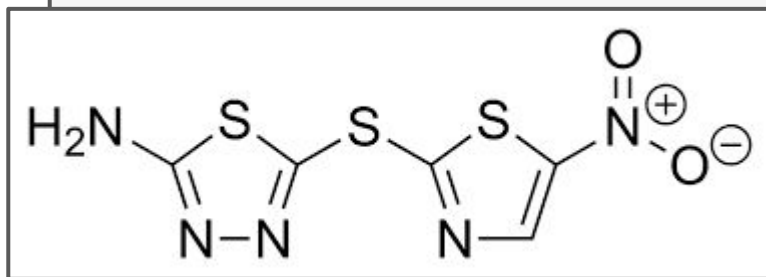
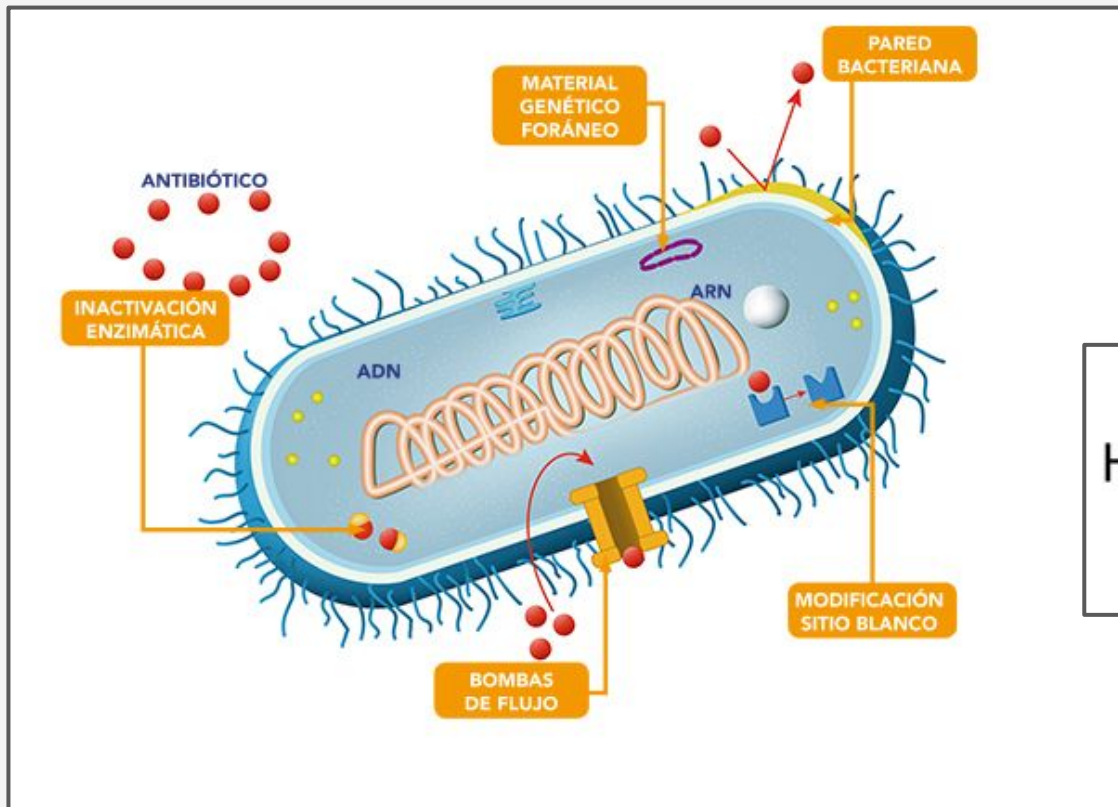
Ejemplo 3: Búsqueda de tratamientos



Ejemplo 3: Búsqueda de tratamientos



Ejemplo 3: Búsqueda de tratamientos

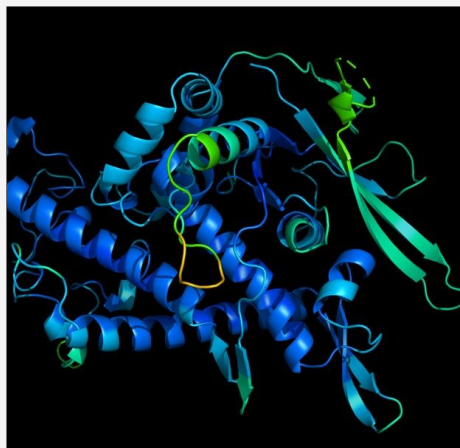


Halicina

Ejemplos de la bioinformática



Ejemplo 1:
Estudio del
ADN



Ejemplo 2:
Estructura de
proteínas



Ejemplo 3:
Búsqueda de
tratamientos

Ejemplos de la bioinformática

¿Cuál ejemplo te gustó más?

17



Ejemplo 1: Estudio del ADN

7



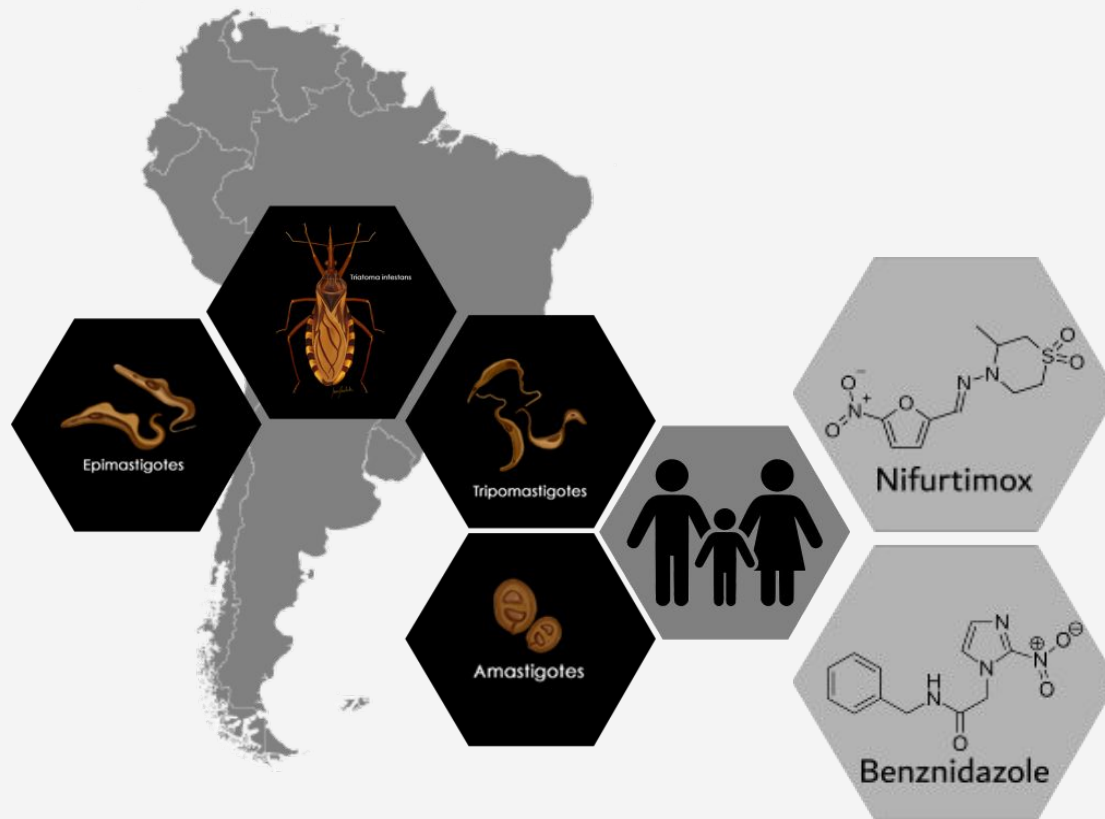
Ejemplo 2: Estructura de proteínas

22



Ejemplo 3: Búsqueda de tratamientos

Enfermedad de Chagas





¡Muchas gracias!



Link a esta presentación

http://tiny.cc/Python_en_bioinformatica

Links de interés



Comunidad de Bioinformáticos de Argentina
https://linktr.ee/rsg_arg



Ejemplo del uso de Python para analizar moléculas
http://tiny.cc/Ejemplo_Quimioinformatica



Redes de contacto

Mail:

mercedesdidiergarnham@gmail.com

Github:

<https://github.com/mercedesgarnham>

LinkedIn:

<https://www.linkedin.com/in/mercedes-didier-garnham/>

Web:

<https://mercedesgarnham.github.io/>

