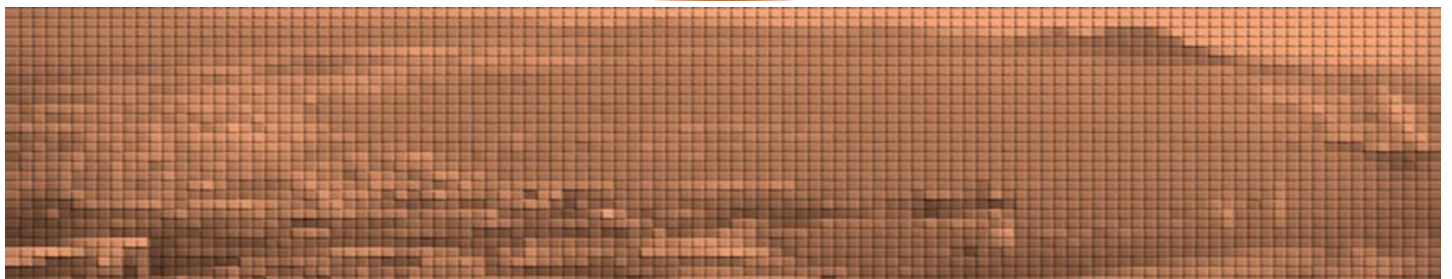




LIBRO DE RESÚMENES
XVIII CONGRESO NACIONAL DE
ESTUDIANTES DE BIOLOGÍA

Nuevo Chimbote, 3 al 8 de septiembre de 2017



LUGAR: UNIVERSIDAD NACIONAL DEL SANTA

NUEVO CHIMBOTE – PERÚ
2017



CONFERENCIA MAGISTRAL

Herramientas bioinformáticas aplicadas al análisis de sistemas biológicos

Gustavo A. Sandoval

Grupo de Investigación en Bioinformática y Biología Estructural. Facultad de Ciencias Biológicas. Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima 01. Perú. Oficina de Investigación y Creatividad Intelectual. Universidad María Auxiliadora. Lima 30. Perú

RESUMEN

La bioinformática es una disciplina derivada de la aplicación de las herramientas de las ciencias de la computación aplicadas a la gestión, manejo y análisis de datos biológicos proporcionados principalmente por la biología molecular. En este sentido, la bioinformática trabaja en estrecha relación con otras disciplinas como la matemática aplicada, la estadística, la inteligencia artificial, y para el caso del análisis estructural de proteínas, con la química, física y principalmente la bioquímica. Así, los principales esfuerzos de investigación en estos campos incluyen la búsqueda de la identidad de la proteína en las bases de datos correspondientes, la predicción de parámetros bioquímicos, el alineamiento estructural, la predicción de estructuras secundarias y terciarias, las interacciones proteína-proteína y proteína-ligando, y la modelización tridimensional de estas biomoléculas enfatizando su rol funcional en un sistema biológico. Con la finalidad de aplicar dichas herramientas, el análisis estructural de proteínas tiene como punto de partida la información obtenida a partir de: 1) la traducción *in silico* de secuencias codificantes de ARN, y 2) la obtención de la estructura primaria a partir de experimentos de secuenciamiento de aminoácidos como la degradación de Edman o el secuenciamiento *de novo* mediante el empleo de la espectrometría de masas. Una vez analizados estos datos, el objetivo común del empleo de estas herramientas es la predicción de la estructura tridimensional de las proteínas analizadas a fin de comprender en mayor grado su rol funcional dentro de un sistema biológico. De esta manera uno de los primeros pasos consiste en la búsqueda de homólogos de una secuencia proteica de interés con aquellas depositadas en las bases de datos más utilizadas como las del GenBank, Protein Data Bank (PDB), European Bioinformatics Institute (EBI), Swiss Institute of Bioinformatics (SIB), entre otras, para la búsqueda de motivos y dominios estructurales comunes. El siguiente paso consiste en utilizar diversas técnicas de modelización, las cuales incluyen la modelización por homología, modelización por threading y la modelización *ab initio*, éste último basado en las características físicas y químicas de la secuencia primaria. De esta manera, con las herramientas actuales, es posible llegar a un mejor entendimiento de la función de las proteínas a partir de los datos de sus diversos niveles de estructura tridimensional.

Palabras clave: bioinformática, sistema biológico, bases de datos.

Financiamiento: Universidad Nacional Mayor de San Marcos / Universidad María Auxiliadora