▪ Juan José Filgueira D. M.Sc. Dr.Sc. ▪

Informática para las ciencias de la vida

Acercamiento práctico: secuencias, bases de datos y ómicas

Editorial Neogranadina

Filgueira Duarte, Juan José

Informática para las ciencias de la vida. Acercamiento práctico: secuencias, bases de datos y ómitas / Juan José Filgueira Duarte. -- Bogotá : Universidad Militar Nueva Granada : Editorial Neogranadina, 2023.
264 páginas. -- (Colección docencia)

Incluye índice de tablas y figuras e índice analítico.

ISBN: 978-958-5103-42-9

1. Bioinformática 2. Biología computacional I. Título II. Colección

570.285 SCDD23

Catalogación en la fuente.
Biblioteca Universidad Militar Nueva Granada. Marzo de 2023

Informática para las ciencias de la vida.
Acercamiento práctico: secuencias,
bases de datos y ómicas
© Juan José Filgueira D. M.Sc. Dr.Sc
© Universidad Militar Nueva Granada
Colección Docencia
© Vicerrectoría de Investigaciones
© Editorial Neogranadina
Bogotá, Colombia
editorial.neogranadina@unimilitar.edu.co

Editorial
Neogranadina

▪ Juan José Filgueira D. M.Sc. Dr.Sc ▪

INFORMÁTICA PARA LAS CIENCIAS DE LA VIDA

ACERCAMIENTO PRÁCTICO: SECUENCIAS, BASES DE DATOS Y ÓMICAS

Cómo citar:

APA

Filgueira, Juan José. (2022). Informática para las ciencias de la vida. Acercamiento práctico: secuencias, bases de datos y ómicas. Editorial Neogranadina.

MLA

Filgueira, Juan José. Informática para las ciencias de la vida. Acercamiento práctico: secuencias, bases de datos y ómicas. Bogotá: Editorial Neogranadina, 2022.

IEEE

J. J. Filgueira. Informática para las ciencias de la vida. Acercamiento práctico: secuencias, bases de datos y ómicas, Bogotá, Colombia: Editorial Neogranadina, 2022.

VANCOUVER

Filgueira JJ. Informática para las ciencias de la vida. Acercamiento práctico: secuencias, bases de datos y ómicas, Bogotá: Editorial Neogranadina; 2022.

CHICAGO

Juan José Filgueira. Informática para las ciencias de la vida. Acercamiento práctico: secuencias, bases de datos y ómicas. Bogotá: Editorial Neogranadina, 2022.

Informática para las ciencias de la vida

Juan José Filgueira Duarte*

RESUMEN: Esta obra fue concebida para ser usada por estudiantes de las ciencias biológicas, o de carreras relacionadas con las ciencias biológicas, como una herramienta para iniciarse en el estudio y manejo de la información presente en portales digitales y su correspondiente análisis que, por su variedad y multiplicidad de campos, ocupa archivos digitales de gran tamaño o bases de datos. Las secuencias biológicas como el ADN, ARN en sus diferentes formas, así como las secuencias de proteínas y la identificación de metabolitos celulares requieren programas computacionales para su manipulación comparativa mediante herramienta de alineamiento que exige conocer su funcionamiento y localización en el mundo virtual. El estudiante encontrará aquí las direcciones electrónicas para acceder a bases de datos de secuencias génicas localizadas en las americanas (NCBI), Europa (EMBL) o Asia (DDBJ), con información sobre diferentes organismos en toda la escala biológica como bacterias y levaduras (SGD), insectos (FlyBase), plantas como arabidopsis (TAIR) o mamíferos como hombre o ratón (ESEML). Tendrá acceso a las principales bases de datos de proteínas como Uniprot, UniProtKB, PDB, MMDB, o SCOP. A lo largo de todo el texto, encontrará abundante bibliografía en bases de datos bibliográficas públicas, como Pubmed y Medline. De igual forma, podrá acceder a información sobre diferentes temas relacionados con la bioinformática, como las bases de datos de rutas metabólicas (KEGG) o enfermedades humanas (OMIN). Con todo lo anterior, el autor espera que el estudiante disfrute explorando una de las ramas más existentes de estudio de las ciencias biológicas en la actualidad.

PALABRAS CLAVE: ciencias computacionales; informática de la vida; software biológico; metadatos.

DOI: https://doi.org/10.18359/9789585103429

* Contacto: juan.filgueira@unimilitar.edu.co.

CC BY NC ND

Bioinformatics for the life sciences: Practical approach, sequences, databases, and omics

Juan José Filgueira Duarte

ABSTRACT: This work was conceived to be used by students of biological sciences, or careers related to biological sciences, as a tool to initiate them in the study and management of the information found in digital portals and its corresponding analysis that, due to its variety and multiplicity of fields, occupies large digital files or databases. Biological sequences such as DNA, RNA in their different forms, as well as protein sequences and the identification of cellular metabolites require computer programs for their comparative manipulation by means of alignment tools that require knowledge of their operation and location in the virtual world. Here. the student will find the electronic addresses to access gene sequence databases located in: the American (NCBI), European (EMBL) or Asian (DDBJ) databases, with information on different organisms on the entire biological scale such as bacteria and yeasts (SGD), insects (FlyBase), plants such as Arabidopsis (TAIR) or mammals such as man or mouse (ESEML). They will have access to major protein databases such as Uniprot, UniProtKB, PDB, MMDB, or SCOP. Throughout the text, they will find abundant bibliographies in public bibliographic databases, such as Pubmed and Medline. Likewise, they will be able to access information on different topics related to bioinformatics, such as the databases of metabolic pathways (KEGG) or human diseases (OMIN). With all of the above, the author hopes that the student will enjoy exploring one of the most existing (exciting) branches of study in the biological sciences today.

KEYWORDS: computational science; life informatics; biological software; metadata.

DOI: https://doi.org/10.18359/9789585103429

Sobre el autor

Juan José Filgueira Duarte. Biólogo de la Universidad Nacional de Colombia, con Maestría en Bioquímica y Doctorado en Química de la misma universidad. Su trabajo de pregrado se realizó en el Área de la Citogenética Ultra-estructural . Por su parte, los trabajos de postgrado se centraron en la caracterización de proteínas que participan en la relación hospedero parásito en plantas. Profesor de las áreas de Biología y Genética molecular por más de veinte años en la Universidad Militar Nueva Granada, con una amplia experiencia docente en el campo de la biotecnología vegetal. Su experticia en investigación se ha centrado en el mejoramiento de plantas y la fitopatología molecular, con exploraciones importantes en temas de taxonomía y filogenia molecular de parásitos fúngicos.

Correo electrónico: juan.filgueira@unimilitar.edu.co

ORCID: https://orcid.org/0000-0002-9814-6352

Agradecimientos

A mis estudiantes de las materias de Biología y Genética molecular de la carrera de Biología Aplicada de la Facultad de Ciencias Básicas de la Universidad Militar Nueva Granada, por su necesidad de aprender cosas nuevas que ha incentivado en mí el afán por tratar de mantenerme y mantenerlos al día de las tendencias y los avances en la investigación científica, en el campo de la Biología molecular y sus ramas afines. A la UMNG por permitirme desarrollar este texto como parte de mi labor académica en la carrera de Biología Aplicada, el cual espero que sea útil para los estudiantes de las ciencias de la vida. También agradezco a mi hijo Juan por enseñarme el valor de la humildad.