

# Curso Inmunoinformática

## Sobre el curso:

El curso apunta a introducir a los estudiantes a la inmunología computacional a través del uso de herramientas bioinformáticas. Adicionalmente, se enseñarán los conceptos teóricos necesarios para analizar críticamente la aplicación de estas herramientas. Se cubrirán, particularmente, la bioinformática aplicada a inmunología y vacunología computacional, con un enfoque especial en las enfermedades infecciosas y la inmunoterapia para el cáncer.

La cursada se organizará en dos partes: Una primera parte destinada a cimentar los conceptos básicos de la inmunoinformática a través de clases teórico-prácticas; y una segunda parte reservada para la ejecución de un pequeño proyecto de investigación

## Responsables

- Dr. Morten Nielsen (Docente a cargo)
- Lic. Lionel Uran Landaburu (JTP)
- Ing. Leonel Bracco (Ayudante)
- Dra. Juliana Glavina (Ayudante)
- Lic. Heli Magalí García Álvarez (Ayudante *ad honorem*)
- Lic. Ibel Carri (Ayudante *ad honorem*)

## Cronograma y Modalidad

El curso se ofrecerá el **primer cuatrimestre de 2021**, en **modalidad virtual** y formato híbrido : Las clases serán de 8 hs, con una frecuencia semanal para la parte teórica introductoria (~ 60 hs), y una frecuencia diaria para la parte práctica (~ 40 hs). Esto brinda la posibilidad de dar las clases introductorias una vez por semana (8-10 clases) y generar un espacio de trabajo intensivo para la realización del proyecto y su evaluación, en clases de 4-8 hs con frecuencia diaria (5 clases, una semana completa). El esquema estaría sujeto a modificaciones o adaptaciones si los alumnos (especialmente los de grado) mostraran superposiciones con otras asignaturas.

## Público objetivo

El curso estará destinado especialmente a estudiantes de posgrado con y sin experiencia en inmunoinformática. Estará abierto a estudiantes de grado que cumplan con los requisitos mínimos para aprovechar el curso.

## Pre-requisitos de competencia, software y recursos

Para poder participar del curso se deberá contar con:

- Computadora con acceso a internet.
- Tener [PyMol](#) instalado. Se proveerá una Licencia Educativa al comenzar el curso.
- Tener [RStudio](#) instalado.
- Conocimientos mínimos sobre perfiles bioquímicos y biofísicos de los 20 aminoácidos.
- **Para estudiantes de grado:** se recomienda haber cursado Bioquímica de proteínas, Inmunología Básica e Introducción a la Bioinformática.

## Objetivos generales del curso

- El curso tiene un enfoque aplicado de las herramientas y servidores de predicción desarrollados por el laboratorio de [inmunoinformática y machine learning](#), dirigido por el Dr. Morten Nielsen.
- Explorar la aplicación de métodos computacionales en el contexto de la predicción de la respuesta inmune adaptativa. En particular:
  - El rol de TCR/BCR y MHC clase I/II en la inducción de la respuesta inmune
  - Características estructurales y genéticas de TCR/BCR y MHC clase I/II, conjuntamente con sus correspondientes epítopes
  - Métodos computacionales para modelado de TCR/BCR y MHC clase I/II, conjuntamente con sus correspondientes epítopes.
  - Aplicación de estos conceptos al estudio de enfermedades infecciosas, vacunología y cáncer.
- Brindar las competencias técnicas necesarias para una aplicación concreta en el marco de la ejecución de un proyecto de investigación. Los alumnos serán responsables de planificar, diseñar, implementar y comunicar su proyecto.

## Objetivos específicos del curso

Al finalizar, el estudiante será capaz de:

- Enumerar las características estructurales de las moléculas del MHC de clase I y II, sus respectivas vías de procesamiento de antígenos y ligandos.
- Identificar bases de datos inmunológicas relevantes en Internet y extraer los datos deseados
- Identificar los genes de la línea germinal usados en un reordenamiento final de genes que codifican anticuerpos.
- Explicar las diferencias estructurales y funcionales entre las moléculas MHC de clase I y clase II y un anticuerpo / BCR y un TCR.
- Explicar los fundamentos para predecir la unión del péptido-MHC I/II y los epítopes de células B lineales y conformacionales.
- Explicar qué es una Matriz de puntuación de posición específica y cómo se usa un PSSM para crear un logotipo de secuencia a partir de un conjunto de péptidos.
- Explicar conceptualmente cómo se construyen, entrenan y ejecutan predicciones usando una red neuronal artificial
- Utilizar la herramienta adecuada para predecir: i. Unión péptido-MHC I/II (epítopes de células T), ii. Epítopes de células B lineales / conformacionales, iii. Interacción entre un TCR y el complejo pMHC y IV. Receptor de células T y estructura de anticuerpos
- Utilizar la base de datos de frecuencias alélicas para identificar la cobertura de la población de vacunas
- Utilizar herramientas web para el análisis de repertorios de TCR y BCR
- Cuando se le presente una vacuna peptídica propuesta, determinar si cumple con los criterios de enfermedad objetivo y la cobertura de la población y evalúe su eficacia potencial.
- Utilizar los conocimientos adquiridos en el curso aplicando métodos *in silico*, planificar y conducir (i) un proyecto de diseño de una vacuna peptídica y (ii) un proyecto de des-inmunización de fármacos proteicos.