

Tabla de Contenidos

Capítulo 1. Motivación	35
1.1 Descripción del Problema.....	37
1.2 Objetivos de la tesis	38
1.3 Solución propuesta.....	39
1.4 Metodología de la Investigación	40
1.4.1 Framework Metodológico	40
1.4.2 Metodología aplicada a la tesis.....	42
1.5 Estructura de la Tesis Doctoral	45
Capítulo 2. Dominio Genómico	48
2.1 Genoma Humano.....	49
2.2 Secuenciación de Genomas	55
2.2.1 Pruebas Genéticas	56
2.2.2 ¿Qué es la secuenciación de exomas?	59
2.2.3 Tecnologías de Secuenciación.....	60
2.3 Background: Medicina de Precisión	62
2.4 Conclusiones	65
Capítulo 3. Estado del Arte	67
3.1 Modelado Conceptual en el Dominio Genómico.....	68
3.2 Bases de Datos Genómicas	70
3.2.1 1000 Genomas	72
3.2.2 ALFRED.....	73
3.2.3 BIC (Breast Cancer Information Core).....	75
3.2.4 BioQ	76
3.2.5 ClinVar	77
3.2.6 COSMIC.....	78
3.2.7 dbGAP.....	80

3.2.8	dbSNP	81
3.2.9	D-HaploDB (Definitive Haplotype Database)	82
3.2.10	DisGeNET	83
3.2.11	Ensembl.....	84
3.2.12	HapMap	85
3.2.13	HGMD.....	87
3.2.14	KEGG	88
3.2.15	LOVD.....	90
3.2.16	OMIM.....	92
3.2.17	REACTOME	93
3.2.18	SNPedia.....	94
3.2.19	UCSC.....	95
3.2.20	UMD (Universal Mutation Databases).....	96
3.2.21	UniProt (Universalt Protein).....	97
3.2.22	YHRD.....	99
3.3	Comentarios adicionales	101
3.4	Conclusiones	104

Capítulo 4. Evolución del Modelo Conceptual del Genoma Humano...107

4.1	Modelo Conceptual del Genoma Humano, versión 1.....	109
4.1.1	Gene-Mutation View	110
4.1.2	Genome View	113
4.1.3	Transcription View.....	115
4.2	MCGH versión 1.1.....	117
4.2.1	Phenotype View.....	118
4.3	Desde v1 a v2: MCGH v2	121
4.3.1	Eliminación banco de datos -genomas individuales- .	122
4.3.2	Los elementos cromosómicos como unidades básicas de modelado	123

4.3.3	Modelado de SNPs	125
4.3.4	Introducción de los conocimientos relacionados con: Pathways	126
4.4	Descripción de Clases: MCGH v2	127
4.1.1	Vista Estructural	127
4.1.2	Vista de Transcripción.....	130
4.1.3	Vista de Variaciones.....	137
4.1.4	Vista de Rutas Metabólicas	144
4.1.5	Vista de Fuentes de Datos y Bibliografía	149
4.5	Conclusiones	153
Capítulo 5. Estrategia de Integración de Haplótipos al MCGH		155
5.1	Antecedentes: Comprendiendo el concepto de Haplótipo – caso práctico: Sensibilidad al Alcohol-.....	157
5.2	Trabajos Relacionados	160
5.3	Modelado Conceptual de Haplótipos.....	164
5.3.1	Validación del Modelo Conceptual	170
5.3.2	Desarrollo de una Base de Datos de Haplótipos.....	173
5.4	Evolución de la BD según el Modelo Conceptual.....	180
5.5	Conclusiones	183
Capítulo 6. Implementación.....		186
6.1	Metodología SILE.....	187
6.1.1	Ejemplos de búsquedas en repositorios genómicos....	190
6.2	Base de Datos del Genoma Humano (HGDB).....	194
6.4.1	Selección de los repositorios de datos.....	196
6.4.2	Módulo de carga (genética)	198
6.3	Ficheros VCF.....	203
6.4	VarSearch (VS-prototipo)	205
6.4.1	Arquitectura de VarSearch	208

6.4.2	Guía de uso VS.....	210
6.4.3	Trabajos Relacionados	214
6.5	Caso de Estudio: Explotación del conocimiento genómico a través de VS.....	217
6.5.1	Explotación de tecnologías NGS.....	217
6.5.2	Optimización del Tiempo.....	220
6.6	GenesLove.Me	222
6.5.1	Arquitectura GenesLove.Me	224
6.7	Conclusiones	227
Capítulo 7. Conclusiones.....		229
7.1	Contribuciones principales	229
7.2	Impacto de la tesis	232
7.2.1	Publicaciones	232
7.2.2	Proyectos académicos.....	235
7.2.3	Participación en la comunidad de modelado.....	236
7.3	Trabajo futuro	238
Referencias Bibliográficas		241
Anexos		257
	Anexo A. Diccionario de Datos	259
	Anexo B. Glosario	267

Índice de figuras

Figura 1. Framework para el “Design Science” aplicado al MCGH.....	41
Figura 2. Design Science como un ciclo regulativo	43
Figura 3. Ciclos regulativos de esta tesis doctoral.....	44
Figura 4. Elementos del cuerpo humano	50
Figura 5. Cronología del genoma humano (1866-2012).....	53
Figura 6. Noticia diario “El País” (27-junio-2000)	54
Figura 7. Evolución plataformas de secuenciación de alto rendimiento	60
Figura 8. El uso de cambios genéticos	63
Figura 9. Proyecto 1000 Genomas (website).....	73
Figura 10. ALFRED (website)	74
Figura 11. BIC (website).....	75
Figura 12. BioQ (website).....	76
Figura 13. ClinVar (website).....	78
Figura 14. COSMIC (website)	79
Figura 15. dbGAP (website)	80
Figura 16. dbSNP (website).....	81
Figura 17. DisGeNET (website)	83
Figura 18. Ensembl (website)	85
Figura 19. HapMap (website)	86
Figura 20. Poblaciones tratadas Proyecto HapMap (3era. Fase).....	86
Figura 21. HGMD (website)	87
Figura 22. KEGG (website)	89
Figura 23. LOVD (website).	91
Figura 24. OMIM (website)	93
Figura 25. REACTOME (website).....	94
Figura 26. SNPedia (website)	95
Figura 27. UCSC (website).....	96
Figura 28. UMD (website)	97
Figura 29. UniProt (website)	98
Figura 30. YHRD (website)	100
Figura 31. MCGH v1: “Gene-Mutation View”.....	111
Figura 32. MCGH v1: “Genome View”.....	114
Figura 33. MCGH v1: “Transcription View”	116
Figura 34. Genotipo y Fenotipo	118
Figura 35. MCGH v1.1: “Phenotype View”	119
Figura 36. MCGH v2: “Structural View”	127

Figura 37. MCGH v2: “Transcription View”	130
Figura 38. MCGH v2: “Variation View”	137
Figura 39. “Phenotype View”: Desde versión 1.1 a versión 2	143
Figura 40. MCGH v2: “Pathway View”	144
Figura 41. MCGH v2: “Bibliography and data bank View”	149
Figura 42. Análisis genético utilizando “variaciones” versus “variaciones + haplotipos”	159
Figura 43. Definición de haplotipos, según Sequence Ontology	163
Figura 44. Vista de Variaciones (estado actual) – Fase I	164
Figura 45. Integración de haplotipos al MCGH – Fase II	166
Figura 46. Modelo Entidad-Relación (inicial).....	172
Figura 47. Datos curados cargados en el repositorio de datos.....	175
Figura 48. Tipos de datos almacenados (total de filas)	175
Figura 49. Importación de datos utilizando HeidiSQL.....	176
Figura 50. Versión anterior (actual)	180
Figura 51. Nueva versión (extensión)	181
Figura 52. Metodología SILE	189
Figura 53. Pantalla de bienvenida del portal de NCBI.....	190
Figura 54. Búsqueda de información sobre el “genoma humano”	190
Figura 55. Búsqueda del Gen “BRCA2” en el portal de NCBI	191
Figura 56. Información facilitada para el gen “BRCA2”.....	191
Figura 57. Búsqueda de la variación “rs671” en el portal de dbSNP	192
Figura 58. Resultado de búsqueda de la variación “rs671” en Ensembl	192
Figura 59. Búsqueda de la variación “rs671” en el portal de OMIM	193
Figura 60. Búsqueda de la variación “rs671” en el portal de SNPedia	193
Figura 61. Esquema de Base de Datos (HGDB)	195
Figura 62. Propuesta carga selectiva	197
Figura 63. Módulo de carga	198
Figura 64. Trozo código Python: parser BIC	200
Figura 65. Ventana principal del prototipo Software ETL	200
Figura 66. Detalle vista de variaciones	201
Figura 67. Detalle extracción de información (Vista Estructural)	202
Figura 68. Detalle Vista Fuente de datos	203
Figura 69. Estructura fichero VCF	204
Figura 70. Ejemplo fichero VCF	204
Figura 71. Aplicación VarSearch	206
Figura 72. Diagrama de Caso de Uso General: VarSearch	207
Figura 73. E-Genomic Framework y VarSearch	208
Figura 74. Arquitectura de VarSearch	209

Figura 75. Selección y carga de fichero a analizar	210
Figura 76. Tarea de análisis del fichero subido	210
Figura 77. Variaciones encontradas en la HGDB	211
Figura 78. Barra de búsqueda/filtrado.....	212
Figura 79. Listado de Variaciones de Usuario	212
Figura 80. Formulario de inserción de validaciones en la HGDB	213
Figura 81. Gestión de usuarios.....	214
Figura 82. Lista de variaciones encontradas.....	218
Figura 83. Lista de variaciones no encontradas.....	219
Figura 84. Optimización del tiempo	221
Figura 85. Diagrama de Paquete: GenesLove.Me.....	223
Figura 86. Arquitectura de GenesLove.Me	224
Figura 87. Página web de GenesLove.Me	226

Índice de tablas

Tabla 1. Cuatro dominios de Big Data en 2025	51
Tabla 2. Comparativa diferentes plataformas de secuenciación.....	61
Tabla 3. Ventajas y desventajas diferentes estrategias de secuenciación..	62
Tabla 4. Contenido total en la versión 70 de la base de datos COSMIC. ...	79
Tabla 5. Resumen Bases de Datos Genómicas	102
Tabla 6. Lista de genes y variaciones asociadas con la Sensibilidad al Alcohol	157
Tabla 7. Identificador del atributo en dbSNP	160
Tabla 8. Elementos del modelo + Fuentes de datos (origen).....	171
Tabla 9. Comparación entre herramientas de anotación de variantes.....	216
Tabla 10. Publicaciones realizadas en el marco de la Tesis Doctoral	235