

Nombre de la Asignatura

Taller de Herramientas para Análisis de Secuencias (THAS)

Horas teóricas / prácticas

40 Horas

Horas por semana

40 (20 teóricas y 20 prácticas)

Cuerpo docente

Prof. Ascanio Rojas (Bioinformática -CeCaLCULA)

URL

<http://bioinformatica.cecalc.ula.ve/>

E-mail

bioinfo@cecalc.ula.ve / bioinfo.cecalcula@gmail.com

Justificación /Presentación

En las dos últimas décadas nuestro conocimiento en áreas como la Genética y la biología molecular se ha incrementado vertiginosamente, principalmente apoyados en avances tecnológicos que han permitido generar, procesar y analizar datos moleculares de manera más eficiente y a mayor velocidad, esto ha llevado a al desarrollo de nuevas líneas de investigación que involucran grupos interdisciplinarios como la medicina, genética, inmunológica, bioquímica, ingenierías, etc. Esta interdisciplinaria ha desencadenado un aumento de velocidad en las ciencias de la vida, principalmente aquellas relacionadas con el estudio del genoma, las cuales generan grandes cantidades de datos de ADN y Aminoácidos. Un ejemplo de ello es la base de datos de ácidos nucleicos Genbank, que actualmente posee para diciembre de 2012 más de 161.140.325 secuencias indexadas (>148.390.863.904 pares de bases) y creciendo.

Para poder hacer uso de esta cuantiosa cantidad de datos, el desarrollo de algoritmos que nos permitieran manipular, comparar y analizar estos datos de manera global, creándose lo que hoy conocemos como Bioinformática. El fin último de este campo es facilitar el descubrimiento de nuevas ideas biológicas así como crear perspectivas globales a partir de las cuales se puedan discernir principios unificadores en biología. La Bioinformática es probablemente una de las ramas de la Biología Molecular que ha causado el mayor impacto en la comprensión de muchos fenómenos biológicos y la que ha tenido el crecimiento más explosivo durante los últimos años.

Servidor de Bioinformática - Centro Nacional de Cálculo Científico ULA(CeCaLCULA)

Objetivo General

Actualmente los estudiantes y profesores, de pre y Postgrado, que trabajan en ciencias de la vida que hagan uso de datos moleculares requieren de los recursos y estrategias de la Bioinformática. En tal sentido, la posibilidad de ofrecer un curso avanzado a en esta área, particularmente a noveles investigadores, suple la deficiencia y la carencia de estos cursos en materias de pregrado u otros cursos avanzados.

Introducir al estudiante en los fundamentos de las técnicas moleculares y en el manejo de los paquetes estadísticos y bioinformáticos usados en el análisis de los datos moleculares para su aplicación en investigación.

Requisitos participantes

Los participantes deben tener conocimientos básicos del uso del computador como herramienta de trabajo, incluyendo uso de paquetes de informática, editores de texto y gráficos, uso de Internet. Así mismo, debe tener conocimientos básicos en Genética y Biología molecular.

Requisitos Institucionales

La institución contratante debe contar o proveer un laboratorio de informática con conexión a Internet (fija/Wifi) con un (1) computador para el instructor y preferiblemente con un (1) computador por participante (PCs con Windows XP, puede ser simultáneamente con Linux, cualquier distribución y navegador Firefox). Además, de sistema de proyección (Videobeam). Opcionalmente puede solicitárseles a los participantes el uso de computadores portátiles personales.

Costo

La institución anfitriona deberá cubrir los gastos de transporte, hospedaje y alimentación del instructor, además de su equivalente en moneda local a **1000 US\$**.

Fechas disponibles

Fechas propuestas: **del 21 al 24 de julio de 2015**.

Contenido

- Introducción al curso. Revisión histórica
- Conceptos Básicos en Biología celular y Genética. Estructura del ADN, genes, mutaciones, Alelos.
- Herramientas moleculares Extracción y cuantificación de ADN y ARN. La PCR (Fundamentos y Aplicaciones de la PCR)

- Clonaje de genes de un producto de PCR, análisis por restricción enzimática y RFLP in silico. Preparación de ADN para secuenciación.
- Análisis de secuencias Formatos, Manipulación y edición de secuencias.
- Bases de Datos y servidores remotos. NCBI, EBI, GENOMES, PDB. Búsqueda y adquisición de data (Secuencias de nucleótidos y Proteínas, Bibliografía).
- Búsqueda de similitud, Homología, Motivos, Familias de Proteínas. Conceptos de Alineamiento y BLAST. Alineamientos de proteínas y nucleótidos (Alineamientos múltiples, Secuencias consenso y motivos). CLUSTALW, MUSCLE, otros
- Diseño de Oligos para la PCR. Predicción de genes y ORF. Predicción de estructura secundaria de proteínas.
- Marcadores moleculares, tipos, selección y tratamiento. (SNPs, microsatélites).
- Introducción al uso de secuencias en genética de poblaciones, diversidad nucleotídicas, Epidemiología molecular y Filogenia.
- Discusión y consideraciones generales.

Estrategias de enseñanza

Clases magistrales, prácticas bioinformáticas dirigidas, tareas, discusiones y presentación de una monografía final.

Estrategias de evaluación

La evaluación del curso será a través de la asignación de tareas al final del día para ser entregadas al siguiente. Al finalizar, los participantes deberán elaborar un corto proyecto relacionado con un tema de investigación que implique poner en práctica los conocimientos en el manejo de las técnicas aprendidas durante el curso.

Referencias Bibliográficas

La mayor parte de la información que se le suministra al estudiante se basa en manuales disponibles en Internet, así como los manuales de los programas en uso.

Programas

- Bases de datos NCBI, EBI
- Herramientas Web en Bioinformática
- PHYLIP -Phylogeny inference package- (Joe Felsenstein, 1993)

<http://evolution.genetics.washington.edu/phylip.html/>

- MEGA -Molecular Evolutionary Genetics analysis - (Kumar et al., 2000) www.megasoftware.org
- DNASP – (Rozas y Rozas 1999) www.ub.es/DNAsp/
- Bioedit (<http://www.mbio.ncsu.edu/bioedit/bioedit.html>)
- UGENE - Integrated Bioinformatics Tools
<http://ugene.unipro.ru/>
- Clustal: Multiple Sequence Alignment
<http://www.clustal.org/>
- MUSCLE (multiple sequence alignment by log-expectation)
<http://www.drive5.com/muscle/>

Ascanio Rojas A.

Biólogo egresado de la universidad de Los Andes (ULA), Mérida, Venezuela, Msc. En Microbiología, doctorante en el Instituto venezolano de Investigaciones Científicas (IVIC) en Microbiología. Interés en Genética de poblaciones, epidemiología y evolución molecular de parásitos humanos, específicamente Malaria, y en la distribución geográfica de la aparición de resistencia a drogas antimaláricas y a insecticida en el vector Anopheles. Profesor de genética I (modulo bioinformática) y del postgrado en Biología Celular de la Facultad de Ciencias, Universidad de Los Andes. Coordinador de la red de bioinformática (<http://bioinformatica.cecalc.ula.ve/>) del Centro Nacional de Cálculo Científico de la ULA (CeCaLCULA), que tiene como objetivos apoyar el desarrollo de grupos interdisciplinarios que utilicen la biología computacional para grupos de investigación y desarrollo tecnológico, así mismo, desarrollar y promover el empleo de herramientas de gerencia interactiva a distancia y en redes aplicadas a problemas en ciencias de la vida mediante la organización de cursos, talleres y congresos relacionados con el área y dar soporte a grupos de investigación, o laboratorios, existentes en el uso de métodos de análisis de datos moleculares y bioquímicos en las líneas de investigación que le sean propias, siendo áreas

Programa semanal THAS

prioritarias; epidemiología, salud, conservación y manejo de la biodiversidad.

Día 1

- Introducción al curso. Revisión histórica
- Conceptos Básicos en Biología celular y Genética. Estructura del ADN, genes, mutaciones, Alelos.
- Herramientas moleculares Extracción y cuantificación de ADN y ARN.
- La PCR (Fundamentos y Aplicaciones de la PCR).

Día 2

- Análisis de secuencias Formatos, Manipulación y edición de secuencias.
- Clonaje de genes de un producto de PCR, análisis por restricción enzimática y RFLP *in silico*. Preparación de ADN para secuenciación.
- Marcadores moleculares, tipos, selección y tratamiento. (SNPs, microsatélites).

Día 3

- Bases de Datos y servidores remotos. NCBI, EBI, GENOMES, PDB. Búsqueda y adquisición de data (Secuencias de nucleótidos y Proteínas, Bibliografía).

Día 4

- Conceptos de Alineamiento y BLAST. Alineamientos de proteínas y nucleótidos (Alineamientos múltiples, Secuencias consenso y motivos). CLUSTALW, MUSCLE, otros. Búsqueda de similitud, Homología, Motivos, Familias de Proteínas.
- Diseño de Oligos para la PCR. Predicción de genes y ORF. Predicción de estructura secundaria de proteínas.

Día 5

- Introducción al uso de secuencias en genética de poblaciones, diversidad nucleotídicas, Epidemiología molecular y Filogenia.
- Ejercicios, Discusión y consideraciones generales.

Otras consideraciones

El solicitante del curso debe garantizar que el laboratorio donde se impartirá el curso se encuentre

Servidor de Bioinformática - Centro Nacional de Cálculo Científico ULA(CeCalCULA)

operativo y en perfectas condiciones, al menos un día antes del inicio del curso, por lo que el instructor debe tener acceso al sitio para garantizar las condiciones y configurar los equipos.

La institución que se perfila como anfitriona del THAS, debe enviar una carta institucional al Centro Nacional de Cálculo Científico Universidad de Los Andes (CeCalCULA) solicitando el dictado del THAS, señalando posibles fechas tentativas, número de asistentes, recursos disponibles, entre otros.

El comité de Bioinformática de CeCalCULA, evaluará las propuestas o solicitudes recibidas, dándole prioridad a las instituciones que estén desarrollando, o por desarrollar proyectos o estudios, relacionados con áreas afines (Biología Molecular, Genética de poblaciones, epidemiología, Filogenia, Bioinformática y Biología Computacional) que permitan establecer lazos de cooperación entre las instituciones participantes, con el fin de promover el uso de estas herramientas en la región, para el beneficio de noveles investigadores y de las instituciones participantes.