

Introducción a las herramientas computacionales y su aplicación en la parasitología

Instructores:

- ◆ Dra. en C. Teresa Itandehui Martínez-Cuevas
- ◆ M. en C. Alberto Antonio-Campos

Requerimientos mínimos de hardware:

- ✓ Laptop
- ✓ Procesador Core i3 o superior.
- ✓ Memoria RAM 4 Gb o superior.
- ✓ Sistema Operativo: Windows, Mac OS, Linux.

Descripción del curso

En este curso se expondrán los fundamentos básicos de la Bioinformática y se explorarán algunas de las herramientas computacionales más usadas para analizar y estudiar las secuencias biológicas. El curso es teórico-práctico y se llevará a cabo en el aula destinada para este fin. Cada tema tendrá una duración de 2 horas. La primer hora de cada tema corresponde a una sección teórica y la segunda hora corresponde a una sección práctica.

Objetivos del curso.

1. Realizar una introducción a los fundamentos generales de la Bioinformática y a sus principales aplicaciones.
2. Exponer de forma clara y precisa el funcionamiento y aplicaciones de los programas bioinformáticos más utilizados para el análisis *in silico*.
3. Desarrollar en los asistentes las habilidades básicas necesarias para manejar las herramientas bioinformáticas más usadas.
4. Aplicar el conocimiento adquirido para resolver un problema concreto que pueda ser abordado mediante el uso de las herramientas computacionales expuestas en este curso.

Contenido

Módulo 1. Introducción a la Bioinformática.

Teoría: Introducción general a la Bioinformática y algunas de sus principales aplicaciones.

Módulo 2. Bases de Datos Biológicas.

Teoría: Descripción de las bases de datos biológicas más importantes y sus principales aplicaciones.

Práctica: Análisis de ejemplos específicos, búsqueda de información en las bases de datos NCBI, UNIPROT y TriTrypDB.

Módulo 3. Alineamiento de pares de secuencias.

Teoría: Introducción a los fundamentos biológicos y evolutivos de la comparación de secuencias biológicas. Descripción de los métodos más usados para alinear secuencias biológicas.

Práctica: Análisis de ejemplos específicos, alineamientos pareados usando matrices de puntos, algoritmos de programación dinámica y métodos heurísticos.

Módulo 4. Alineamientos múltiples.

Teoría: Descripción del problema general de los alineamientos múltiples y sus principales aplicaciones.

Práctica: Análisis de ejemplos específicos, alineamientos de más de dos secuencias utilizando los programas, ClustalX, T-Coffe, Muscle.

Módulo 5. Identificación de motivos.

Teoría: Descripción del concepto de motivo y sus diversas interpretaciones. Introducción a algunas de las metodologías principales usadas para identificar y caracterizar motivos conservados.

Práctica: Análisis de ejemplos específicos.

Módulo 6. Determinación de estructuras moleculares.

Teoría: Introducción a las metodologías usadas para identificar estructuras secundarias de proteínas y ácidos nucleicos. Introducción al problema de la determinación de estructuras tridimensionales.

Práctica: Análisis de ejemplos específicos.

Módulo 7. Filogenia molecular.

Teoría: Descripción del uso de los alineamientos múltiples para construir filogenias moleculares. Introducción a los principales algoritmos para construir filogenias moleculares.

Práctica: Análisis de ejemplos específicos, alineamientos múltiples y construcción de árboles filogenéticos utilizando el programa Mega6.