



Herramientas de bioinformática I

Unidad de Educación a Distancia - CIBNOR

Sobre el curso

El desarrollo en los últimos años de las denominadas tecnologías de secuenciación masiva permite actualmente obtener millones de secuencias de ADN a una velocidad sin precedentes. Estas tecnologías están permitiendo la identificación de nuevos genes y la resolución de las bases genéticas de enfermedades. Su potencial ha permitido el desarrollo de nuevas aplicaciones y pruebas biológicas como el diagnóstico parental. Sin embargo, el reto actual es la capacidad de extraer, manipular y analizar la información generada de la secuenciación. Por lo que este curso se enfoca en el manejo de herramientas básicas de bioinformática, principalmente de la red, basadas en programas y bases de datos para acceder a los datos y responder a preguntas relevantes en el campo de la biología.

Este curso cubre el uso y manejo de bases de datos, Blast, alineamiento múltiple de secuencias, y genómica comparativa.

Este curso está enfocado a estudiantes de licenciatura y posgrado con conocimientos previos de biología molecular. El curso no requiere ningún lenguaje de programación.

HORAS DE INVERSIÓN	12-18 H DE VIDEOS Y EJERCICIOS
LENGUAJE	Español
OBTENCIÓN DEL CERTIFICADO	Completar curso y obtener una calificación igual o superior a 8.0
COSTO DE INSCRIPCIÓN	\$3,000
PERIODO DE INSCRIPCIÓN	A partir del 4 de Septiembre de 2020



Contenido del Curso

Semana 1

NCBI/Blast I

En este módulo se explorarán los recursos disponibles en NCBI (National Center for Biotechnology Information) de National Library of Medicine en Estados Unidos. Además, se realizarán búsquedas mediante Blast para encontrar secuencias similares en bases de datos. Se pueden emplear secuencias similares para inferir homología y predecir la función de una proteína.

Semana 2

Blast II/Genómica Comparativa

En este módulo se explorarán los recursos disponibles en NCBI (National Center for Biotechnology Information). Se realizarán diferentes tipos de búsqueda mediante Blast: BlastP, PSI-Blast, y translated Blast. Se pueden emplear secuencias similares previamente identificadas para inferir homología, el cual es el método más convencional para predecir la función de la proteína. Además, se compararán partes de genomas de diferentes especies, para observar la similitud entre ellos.

Semana 3

Alineamiento múltiple de secuencias

En este módulo se realizarán alineamiento múltiple de secuencias con Clustal (implementado en MEGA), DiAlign, y MAFFT. El alineamiento múltiple permite identificar las regiones conservadas y variables, las cuales son importantes para entender la biología de un organismo. Además tiene aplicaciones prácticas, como es el diseño de oligonucleótidos para PCR para amplificar secuencias de un número diferentes de organismos.

Semana 4

Resumen: NCBI/Blast I, Blast II/Genómica comparativa y alineamiento múltiple

Evaluación: Módulos 1-3