

| Taller: Herramientas bioinformáticas para el análisis de datos genéticos | | | |
|--|--|-----|------------|
| Tema | | Día | Horas |
| introducción al curso | ¿Qué es la bioinformática?, ¿Para qué nos sirve?; ejemplos y usos. Unidad de la vida, el material hereditario, concepto de gen, diferencias entre procariontes y eucariontes | 1 | 1hr |
| Genética | Conceptos Transcripción y traducción diferencias entre gDNA, cDNA, mRNA, etc. | 1 | 1hr |
| Evolución clásica y moderna | Repaso de las teorías evolutivas, conceptos de selección, tipos de mutaciones. | 1 | 1hr |
| PRACTICA 1 | Ejercicio de repaso | 1 | 1hr |
| Revisión Lecturas | Breve discusión de las lecturas propuestas en las sesión anterior. | 2 | 30 minutos |
| Procesos evolutivos | Sustituciones, homologías y transferencia horizontal , comparación entre dos secuencias genómicas, alineamientos globales y locales. Estadística usada para el alineamiento de secuencias. | 2 | 2hrs |
| PRACTICA 2 | Introducción a las bases de datos. Haremos un ejercicio para conocer las bases de datos y el BLAST, así como los valores estadísticos de los resultados del BLAST. | 2 | 1.5hrs |
| Filogenias, pasos para el análisis de filogenias. | Introducción al procesamiento de de datos genéticos para llevar a cabo alineamientos y construir una filogenia. | 3 | 1hr |
| PRACTICA 3 | Alineación de secuencias. Usaremos algunos programas básicos para alinear secuencias de DNA, como ClustalW y otras plataformas para el análisis estadístico de las alinaciones como MEGA. | 3 | 2hrs |
| Revisión de artículos y realización del archivo de genes | Este trabajo consiste en la aplicación de todo lo dado en el curso para construir una filogenia molecular de algún gen de interés particular. Desde la colección de secuencias hasta las alineaciones. | 4 | 3hrs |
| Análisis de filogenias. Sesión Teórico-Práctica | Introducción a las pruebas estadísticas para el análisis de filogenias y su interpretación evolutiva (bootstraps, Tasas de mutación, reloj molecular) | 5 | 2hrs |
| Tecnologías de secuenciación. | Revisión de las tecnologías de secuenciación de nueva generación y herramientas para analizar estos datos. | 5 | 2hrs |