

BIOINFORMÁTICA 2018-II

PROFESORES:

Dr. Mario Alberto Núñez
Dra. Elsa Góngora Castillo
Dra. Aileen O'Connor Sánchez
Dr. Jorge Humberto Ramírez Prado

COORDINACION:

Dr. Jorge Humberto Ramírez Prado.

CREDITOS: 3

DURACION DEL CURSO:

60 horas. Del 8 de agosto al 26 de noviembre 2018.

HORARIO:

2 h/clase,
2 clases/semana,
Lunes y martes de 10:00 a.m. a 12:00 p.m.

JUSTIFICACIÓN

En las últimas décadas los avances logrados en las áreas de la biología molecular así como en las nuevas tecnologías de secuenciación y ciencias genómicas, han llevado a un crecimiento explosivo en la información biológica generada por la comunidad científica. Esta enorme cantidad de información genómica a su vez ha creado la necesidad absoluta de generar bases de datos para su almacenamiento, categorización y organización así como la creación de herramientas informáticas especializadas para su manejo y análisis.

Desde un punto de vista biotecnológico las probabilidades de encontrar nuevas enzimas con características comercializables o el descubrimiento de nuevos genes para la producción de metabolitos o el mejoramiento genético de plantas se multiplican exponencialmente con esta avalancha de información genómica. Sin embargo, sin las herramientas informáticas adecuadas y las bases moleculares correctas, es imposible un estudio eficiente de tales datos, convirtiéndose estos en un problema en lugar de soluciones.

Es por lo anterior que las ciencias de la información y la computación son una herramienta fundamental para la biología molecular y la biotecnología conjuntándose en nuevos campos de estudio conocidos como “Biología Computacional” o “Bioinformática”.

El presente curso mostrará las metodologías bioinformáticas básicas así como variantes más especializadas, con atención a los conceptos de biología molecular y evolución molecular en los que se basan sus modelos y algoritmos.

REQUISITOS:

El estudiante deberá tener conocimientos básicos de biología molecular.

OBJETIVO GENERAL:

Que el alumno conozca y aprenda el uso de metodologías modernas de almacenamiento, y manipulación de datos masivos de secuencias genéticas, así como la aplicación de conceptos de biología molecular y evolución molecular para el análisis de genomas, transcriptomas y metagenomas.

METODOLOGÍA

El curso teórico/práctico está dividido en 30 sesiones de 2 horas cada una. Las sesiones teóricas incluirán la exposición por parte de los profesores de los conceptos más importantes del tema que serán luego aplicados en problemas representativos durante las sesiones prácticas del curso.

MODO DE EVALUACIÓN

Durante el curso los diferentes profesores asignarán cada uno una calificación basada en presentaciones, discusiones de artículos, ejercicios y/o exámenes (cada profesor tendrá libertad en este respecto). Las calificaciones independientes equivaldrán al 5% de la calificación final.

El 80% restante de la calificación final se asignará mediante la elaboración de un proyecto que será evaluado a través de un reporte final tipo artículo científico. Los profesores trabajarán con los estudiantes en las actividades del proyecto como parte de los ejercicios de las sesiones, del 1 de octubre al 14 de noviembre. La sesión del 21 de noviembre será para resolver dudas respecto al reporte final. La entrega del reporte final será para el lunes 26 de noviembre a las 11:59 p.m.

Para tener derecho a acreditar el curso es requisito haber asistido puntualmente al 80% de las clases.

TEMAS Y SUBTEMAS

I. INTRODUCCIÓN.

8 de Agosto

Responsable: Dr Jorge Humberto Ramirez/Dra. Elsa Góngora. UBT. CICY

1.1 Biología molecular básica para bioinformática

- 1.1.1 Moléculas portadoras de información: DNA, RNA y Proteínas.
- 1.1.2 Dogma central: Flujo de información en la célula.
- 1.1.3 Traducción: El Código Genético.
- 1.1.4 Historia/Cronología de la bioinformática.

II. UNIX, MOTIVOS FUNCIONALES

Del 13 de Agosto al 10 de Septiembre

Responsable: Dr. Mario Alberto Martínez Núñez. Fac. Ciencias. UNAM

2.1 Introducción a SO UNIX y bash

- 2.1.1 Línea de comandos y utilerías linux
- 2.1.2 Introducción a bash
- 2.1.3 Programación en bash
- 2.1.4 Ejercicios

2.2 Motivos funcionales

- 2.2.1 Perfiles y Modelos Ocultos de Markov
- 2.2.2 Motivos de Proteínas y predicción de dominios
- 2.2.3 Herramientas bioinformáticas

III. SECUENCIACIÓN MASIVA, GENOMAS, RNA-SEQ Y SUS APLICACIONES

Del 12 Septiembre al 17 de Octubre

Responsable: Dra. Elsa Góngora Castillo/Dra. Aileen O'Connor. UBT. CICY

3.1. Plataformas de Secuenciación Masiva (12 y 17 Sep)

- 3.1.2. Modo de secuenciación (single-, paired-read)
- 3.1.3. Cobertura
- 3.1.4. Formato fastq
- 3.1.5. Calidad de las secuencias

3.2. Secuenciación y ensamblado de Genomas (17 y 19 Sep)

- 3.2.1. Generalidades
- 3.2.2. Ensamblado de DNA-seq
- 3.2.3. Predicción de genes y anotación
- 3.2.4. Casos de estudio

3.3. Metagenómica (24 y 26 de Sep)

- 3.3.1. Generalidades. Genómica ambiental y su importancia.
- 3.3.2. Muestreo y secuenciación.
- 3.3.3. Herramientas para análisis metagenómicos (MG-RAST).

3.4 Secuenciación y análisis de RNA (RNA-seq) (1, 3, 8 y 15 oct)

- 3.4.1. Generalidades
- 3.4.1. Ensamblado de RNA-seq

- 3.4.2. Mapeo de Reads
- 3.1.3. Expresión y cuantificación de la expresión génica
- 3.1.4. Expresión diferencial de Genes

IV. EVOLUCIÓN MOLECULAR Y FILOGENÉTICA

Del 17 de Octubre al 14 de Noviembre

Responsable: Dr. Jorge Humberto Ramírez Prado.

4.1. Bases de Datos

- 4.1.1 Tipos de Bases de Datos.
- 4.1.2. Bases de Datos biológicas: GenBank, EMBL, etc.
- 4.1.3. Bases de Datos locales: MySQL.

4.2. Alineamiento de Secuencias

- 4.2.1. Bases evolutivas
- 4.2.2. Homología vs Similitud
- 4.2.3. Similitud vs Identidad
- 4.2.4. Matrices de substitución
- 4.2.5. Alineamientos pareados de secuencias
- 4.2.6. Búsqueda por similitud en Bases de Datos
- 4.2.7. Búsquedas heurísticas
- 4.2.8. BLAST
- 4.2.9. Alineamientos múltiples de secuencias
- 4.2.10. Valores significativos en la estadística de los alineamientos

4.3 Filogenética molecular

- 4.3.1. Evolución molecular
- 4.3.2. Filogenia de genes vs filogenia de especies
- 4.3.3. Tipos de representaciones de árboles filogenéticos
- 4.3.4. Métodos de construcción de árboles filogenéticos
- 4.3.5. Métodos basados en distancia
- 4.3.6. Métodos basados en caracteres
- 4.3.7. Programas filogenéticos

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA

Essential Bioinformatics by Jin Xiong, Cambridge University Press; **ISBN-13:** 978-0521600828

Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis by David W. Mount, Cold Spring Harbor Laboratory Press; **ISBN-13:** 978-0879697129

Molecular Evolution and Phylogenetics by Mastoshi Nei and Sudhir Kumar, Oxford University Press; **ISBN-13:** 978-0195135855

BIBLIOGRAFÍA ESPECIALIZADA

Los artículos especializados de cada tema serán proporcionados por los profesores.