



## Centro Nacional de Cálculo Científico Universidad de los Andes / Servidor de Bioinformática

### Taller de Herramientas y análisis de secuencias (THAS)

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. Así mismo, se han formado nuevas líneas de investigación que involucran grupos interdisciplinarios como la medicina, genética, inmunológica, bioquímica, ingenierías, etc.

Esta interdisciplinariedad 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 más de 98.868.465 secuencias indexadas (> 99.116.431.942 pares de bases) y creciendo. En tal sentido, para poder hacer uso de esta cuantiosa cantidad de datos, fue necesario involucrar a las ciencias de la computación en este enfoque interdisciplinario, encargando a la biología computacional en el desarrollo de algoritmos que nos permitieran manipular, comparar y analizar estos datos de manera global, creándose lo que hoy conocemos como bioinformática. Para el National Center for Biotechnology (NCBI) la Bioinformática es un campo de la ciencia en el cual confluyen varias disciplinas tales como: biología, computación y tecnología de la información. 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. Al comienzo de la "revolución genómica", el concepto de bioinformática se refería sólo a la creación y mantenimiento de base de datos donde se almacena información biológica, tales como secuencias de nucleótidos y aminoácidos. ...

En tal sentido, el Centro Nacional de Cálculo ha venido trabajando esta área de las ciencias de computación desde 1997, desarrollando herramientas y formando personal con la creación de cursos, talleres, y congresos relacionados con el área. Específicamente contamos con un taller de bioinformática denominado "**Taller de Herramientas para Análisis de Secuencias (THAS)**" que ha ido adaptándose a los cambios más recientes surgidos en el área, adecuándose a las

tendencias en el uso de herramientas y bases de datos. El **THAS** pretende introducir al estudiante en el campo de la bioinformática e introducirlo al uso de las herramientas disponibles para llevar a cabo análisis moleculares, provenientes del estudio de genoma, estudios que generan gran cantidad de datos y requieren de extensos análisis. Así mismo, establecer las bases teóricas para comprender las actuales tendencias su aplicación en la resolución de casos de investigación.

### Objetivos:

El objetivo del THAS es el aprendizaje-enseñanza de paquetes completos actualizados, de distribución gratuita principalmente, para el tratamiento, organización, distribución, visualización e interpretación de información proveniente del estudio del genoma.

### Características:

Taller presencial de cuarenta (40) horas. (Parte teórica 20 horas / parte practica 20 horas).

### Programa del Taller de Herramientas para Análisis de Secuencias (THAS)\*

<b>Programa</b>
<b>Lunes</b>
Introducción al curso. Conceptos Básicos: Biología celular y Genética.
Análisis de secuencias: Formatos de secuencias y manipulación secuencias. : Manipulación secuencias, edición.
<b>Martes</b>
Bases de Datos y servidores remotos. NCBI, EBI, GENOMES, etc. Búsqueda y adquisición de data. Búsquedas de Secuencias de nucleótidos y Proteínas, Bibliografía.
<b>Miércoles</b>
Búsqueda de similitud, Homología, Motivos, Familias de Proteínas. Conceptos de Alineamiento y BLAST. Alineamientos de proteínas y nucleótidos. CLUSTALW, MUSCLE, otros
<b>Jueves</b>
Alineamientos múltiples, Secuencias consenso y motivos. Diseño de Oligos y Clonaje. Predicción de genes. Predicción de estructura secundaria de proteínas.
<b>Viernes</b>
Introducción al uso de secuencias en genética de poblaciones, Epidemiología y Filogenia. Marcadores, SNPs, Microarrays. Discusión y consideraciones generales.

\* El Programa del taller puede variar y ajustarse al interés del grupo.

## Requisitos del THAS

- Los participantes deben tener conocimientos básicos del uso del computador como herramienta de trabajo, incluyendo uso de paquetes de ofimática, editores de texto y gráficos, uso de Internet. Así mismo, debe tener conocimientos básicos en Genética y Biología molecular
- La institución contratante debe contar o proveer un laboratorio de informática con conexión a Internet con un (1) computador para el instructor y preferiblemente con un (1) computador por participante (PCs con Windows XP, y de ser posible simultáneamente con Linux, cualquier distribución, navegador Firefox). Además, de sistema de proyección (Videobeam).
- El solicitante del curso debe garantizar que el laboratorio donde se impartirá el curso, se encuentre 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 perfile 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 nuevos investigadores y de las instituciones participantes.

### Contacto:

email: [bioinfo@cecalc.ula.ve](mailto:bioinfo@cecalc.ula.ve) / [asistente@cecalc.ula.ve](mailto:asistente@cecalc.ula.ve)

Teléfonos: +58-274-2524192. Fax: +58-274-2525815.