

Curso: Fundamentos y herramientas bioinformáticas para análisis genómicos

Duración total: 40 horas (18 teóricas, 22 prácticas)

Fechas: del 13 al 17 de octubre de 2025

Modalidad: Intensiva, presencial

Dirigido a: Estudiantes de posgrado e investigadores/as en etapa inicial en el área de las biociencias y la salud

Descripción general

Este curso intensivo tiene como objetivo brindar una formación teórico-práctica en bioinformática aplicada al análisis de datos genómicos, cubriendo aspectos clave como la ensambladura y anotación genómica, el análisis de variantes, transcriptómica y expresión génica, alineamientos, filogenia y genómica comparativa. Está estructurado en módulos temáticos que combinan clases teóricas con sesiones prácticas orientadas al desarrollo de habilidades concretas.

Responsables: Luisa Berná y Daniela Megrian

Docentes participantes

Locales:

Luisa Berná

Tamara Fernández

Pablo Fresia

Martín Graña

Daniela Megrian

Hugo Naya

Natalia Rego

Camila Simoes

Lucía Spangenberg

Del Exterior:

Ana Conesa

Gonzalo Bello

Contenido resumido por módulo

1. Introducción a la bioinformática

Fundamentos del campo, su relevancia en la investigación biológica y acceso a recursos bioinformáticos (NCBI, Ensembl). Incluye sesiones prácticas sobre búsqueda, descarga y visualización de datos genómicos.

2. Ensamblado y anotación de genomas

Principios de ensamblaje genómico y estrategias para la anotación funcional de genes. Las prácticas incluyen herramientas como PROKKA, Augustus y MAKER.

3. Análisis de variantes genéticas

Identificación e interpretación de variantes mediante herramientas como GATK, FreeBayes y SAMtools. Se abordará tanto el análisis técnico como la visualización e interpretación de los resultados.

4. Transcriptómica y análisis de expresión génica

Análisis de datos RNA-Seq, desde el preprocesamiento hasta la visualización de patrones de expresión (PCA, heatmaps, volcano plots), incluyendo tecnologías de lecturas cortas y largas.

5. Alineamientos y evolución proteica

Alineamiento de secuencias genómicas y proteínas, predicción estructural y aplicaciones evolutivas. Introducción a herramientas de alineamiento múltiple y modelado estructural.

6. Genómica comparativa y filogenia

Comparación de genomas, análisis de diversidad genética y construcción de árboles filogenéticos con herramientas como IQ-TREE y RAxML, y visualización con iTOL.

Resumen del cronograma

El curso se desarrollará en sesiones diarias de jornada completa, con bloques teóricos durante la mañana y actividades prácticas por la tarde. En la tarde del último día se enfocará en actividades integradoras, discusión de resultados y recapitulación colectiva.