CFT1: BIOINFORMÁTICA

Fecha: 18-19/01/2016

Horario: 10:00-12:30 / 15:00-17:30

Tipo de curso: curso práctico con base teórica, requiere presencialidad en el aula donde se imparte

Lugar: Aula de videoconferencia Edificio CITEXVI, Universidade de Vigo

Coordinador: David Posada, Universidade de Vigo (dposada@uvigo.es)

Profesor: Miguel M. Fonseca, CIBIO, University of Porto, Portugal (mig.m.fonseca@gmail.com)

DESCRIPCIÓN

El principal objetivo del curso es dar una introducción práctica a la programación en bioinformática. Los participantes conseguirán experiencia práctica en diferentes aplicaciones del lenguaje de programación "R", que les permitirá responder cuestiones biológicas relevantes. Los temas que se tratarán incluyen ambiente ”shell”, manipulación de archivos de secuencias biológicas y acceso a bases de datos. El caso de estudio que se presentará será del campo de la Evolución Molecular Marina, incluído en las líneas de investigación del programa de doctorado DO*MAR.

Contenidos

1. Introducción a la Investigación Reproducible
2. Investigación reproducible utilizando sintaxis Markdown
3. Introducción al lenguaje R y a RStudio.
4. Sintiéndose cómodo con UNIX
5. Shell y shell scripting
6. Manipulación de un gran volumen de datos de secuencias de ADN
7. Acceso online a la base de datos: GenBank (NCBI)
8. BLAST
9. Filogenética
10. Caso de estudio I. Forense en pesquería: derribando el frauda en alimentos marinos
11. Caso de estudio II. Barcode of Life: uso del barcoding ADN para la identificación de especies

Programa docente

Este curso (1 ECTS) se centrará principalmente en aspectos prácticos de la bioinformática. Se organizará en dos clases presenciales de 5 horas cada uno, más 16 horas de trabajo no presencial del alumno. Los dos casos de estudio consistirán en el análisis de datos de secuencias de ADN de organismos marinos. El curso está orientado a estudiantes que quieran automatizar tareas y procesos repetitivos en el análisis de secuencias de ADN desarrollando sus propios scripts.

Metodología docente

La filosofía del curso será "aprender haciendo", lo que significa que el manejo de herramientas bioinformáticas se aprenderá mediante ejemplos prácticos. Las clases se impartirán en una sala de ordenadores, con breves introducciones a los principales conceptos y herramientas, seguido de ejercicios prácticos en el ordenador. Además de las clases en el aula, los alumnos tendrán que completar varios trabajos prácticos de manera no presencial. Se proporcionará una guía específica en la plataforma Moodle para todos los temas a tratar y se garantiza la tutoría a lo largo de todo el curso.

Sistema de evaluación

La evaluación del alumno consistirá en:

Asistencia a clase y participación (25%): el profesor evaluará la participación de cada estudiante en las clases.

Trabajo escrito y ejercicios de ordenador individuales (75%): recuperación y organización de datos genómicos; análisis de secuencias homólogas; identificación de especies usando datos genéticos.

Aula y medios disponibles

Los requisitos para este curso consta de una sala de ordenadores, con 1 computador por estudiante con UNIX, R/RStudio y acceso a Internet.

Profesores del curso

Miguel Mendonça da Fonseca (CIBIO–Centro de Investigación en Biodiversidad y Recursos Genéticos, Universidade de Porto, Portugal)
Miguel Fonseca es investigador post-doctoral en el CIBIO - Centro de Investigación en Biodiversidad y Recursos Genéticos de la Universidade de Porto. En 2011, obtuvo su doctorado en Biología en la Universidade de Porto. Su experiencia docente abarca un año de clases (Genómica Computacional, Universidade de Porto, Portugal, 2011) más cursos de 15 día de duración (profesor ayudante, Programación para Biología Evolutiva2012 y 2013, University of Leipzig, Alemania) y profesor del curso "Bioinformática" del Programa de Doctorado DO*MAR (2014). La mayoría de su trabajo es en el campo de Genómica Computacional y Filogenómica, que

consiste en el uso del análisis computacional y estadístico para descifrar procesos biológicos de secuencias genómicas completas. Sus principales líneas de investigación incluyen evolución genómica de orgánulos, detección estadística de estructuras genómicas raras, aplicación de modelos complejos de evolución de secuencias de datos. Actualmente participa en proyectos nacionales e internacionales como experto en Genómica Computacional (PTDC/AAC-AMB/117688/2010 and FCT-ANR/BIA-EVF/0250/2012).

Algunas de sus publicaciones más representativas son:

- Fonseca MM, Harris DJ, Posada D (2014) The inversion of the control region in three mitogenomes provides further evidence for an asymmetric model of vertebrate mtDNA replication. PLoS ONE 9(9): e106654.
- Fonseca MM, Harris DJ, Posada D. 2014. Origin and length distribution of unidirectional prokaryotic overlapping genes. G3: Genes, Genomes, Genetics 4:19-27.
- Fonseca MM, Brito JC, Paulo OS, Carretero MA, Harris DJ. 2009. Systematic and phylogeographical assessment of the Acanthodactylus erythrurus group (Reptilia: Lacertidae) based on phylogenetic analyses of mitochondrial and nuclear DNA. Mol Phylogenet Evol. 51(2):131-42
- Fonseca MM, Posada D, Harris DJ. 2008. Inverted replication of vertebrate mitochondria. Molecular Biology and Evolution 25: 805-808.