

“BIOINFORMATICA PARA USUARIOS”



VI Workshop BioMur

“BIOINFORMATICA PARA USUARIOS”

El Foro de Biotecnología de Plantas de la Región de Murcia (BioMur) organiza nuevamente un Workshop sobre Bioinformática para Usuarios. Esta actividad se enmarca en el programa de BioMur de actividades para la formación y actualización de conocimientos de investigadores de la Región. El objetivo del Workshop es familiarizar a potenciales usuarios de bioinformática con algunos de los programas más utilizados para el análisis de secuencias de nucleótidos y aminoácidos, el rastreo de bases de datos, el análisis de datos de expresión provenientes de micromatrices (“microarrays”) y las nuevas generaciones de secuenciación (454, Illumina y Solid) y el manejo y análisis de las secuencias producidas por estos sistemas. El Workshop está esencialmente dirigido a investigadores predoctorales y postdoctorales de la Región de Murcia que lleven a cabo su trabajo en el área de Biotecnología.

Profesores:

Joaquín Canizares (Universidad Politécnica de Valencia)

José Blanca (Universidad Politécnica de Valencia)

Lugar: Sala Octavio Carpena, CEBAS-CSIC.
Campus Universitario de Espinardo, Murcia



PROGRAMA

Cada jornada constará de una pequeña introducción teórica y varias horas de prácticas. Se desarrollarán de 10:00 a 13:00 y 14:00 a 17:00 horas.

MODULO 1

Jornada 1 (7 de octubre de 2010, jueves):

Bases de datos biológicas

Se describirán las principales bases de datos genéticas y genómicas existentes. Se realizarán ejercicios de manejo de las bases de datos, para maximizar la eficacia de obtención de información.

Análisis de secuencias de ADN y proteínas

Los análisis incluirán la manipulación y edición de secuencias, la realización de mapas de restricción, búsqueda de pautas de lectura, traducción de secuencias, alineamientos de secuencias y búsqueda de secuencias en las bases de datos. Para ello se utilizarán servicios on-line, incluyendo los programas del paquete EMBOSS.

Jornada 2 (8 de octubre de 2010, viernes):

Alineamiento múltiple de secuencias

Se realizarán alineamientos de secuencias tanto de ADN como de proteínas, como base previa a análisis funcionales y filogenéticos. Se utilizarán los programas CLUSTAL, Bioedit y BLOCKS.

MODULO 2

Jornada 3 (27 de octubre de 2010, miércoles):

Proyectos de secuenciación

Se describirán brevemente las estrategias de secuenciación de fragmentos grandes de ADN. Se

mostrará el procedimiento de ensamblaje de las secuencias obtenidas para obtener la secuencia completa del fragmento basándose en el programa Staden.

Jornada 4-5 (28 y 29 de octubre de 2010, jueves y viernes):

Análisis de secuencias provenientes de secuenciación de nueva generación (NGS)

Se realizará una introducción a las nuevas generaciones de secuenciación (454, Illumina y Solid) y al manejo y análisis de las secuencias producidas por estos sistemas. El módulo contempla: tipos de ficheros, limpieza, mapeo, búsqueda de marcadores y anotación.

MODULO 3

Jornada 6-7 (4 y 5 noviembre, jueves y viernes):

Análisis de expresión mediante microarrays

Se describirán la base teórica y las principales plataformas de microarrays existentes. Se estudiarán los métodos de análisis de estas plataformas, incluyendo desde la normalización de los datos a la obtención de información biológica relacionada. Se utilizarán el programa TMEV y las plataformas GEPAS y Babelomics.

INSCRIPCIONES

Se admitirá hasta un máximo de 20 asistentes por módulo. Se priorizarán las inscripciones de investigadores jóvenes, pre- y postdoctorales. El cupo de asistencia se completará por orden de llegada de la solicitud de inscripción (ver más abajo).

Las inscripciones podrán ser para módulos específicos o para el curso completo.

COMPROMISO DE ASISTENCIA:

La asistencia al Workshop es COMPLETAMENTE GRATUITA. Para evitar inscripciones poco meditadas que puedan dar lugar a faltas de asistencia (con la consiguiente pérdida de oportunidad para otra persona interesada), es imprescindible la ENTREGA DE UNA CARTA DE COMPROMISO DE ASISTENCIA FIRMADA POR EL SOLICITANTE Y, EN SU CASO, TAMBIÉN POR SU DIRECTOR DE TESIS. Las inscripciones no serán válidas hasta la recepción de dicha carta.

ORDENADORES:

Los inscritos deberán asistir con su propio ordenador personal. Este deberá tener posibilidad de conexión inalámbrica a Internet. Se ha tomado esta decisión para fomentar que los asistentes finalicen el Workshop con un paquete de programas instalado y funcionando en un ordenador que puedan manejar más tarde. Si dos asistentes se ponen de acuerdo, podrán compartir ordenador.

FORMA DE INSCRIBIRSE:

Enviar un correo electrónico a M^a Amelia Sánchez Pina (spina@cebas.csic.es) (asunto: inscripción Workshop BioMur 2010), especificando:

Nombre

Categoría profesional

Grupo de Investigación al que pertenece

Institución

Módulos que desea realizar

Motivación: cuatro líneas explicando por qué esta interesado en participar en el Workshop.

Enviar la carta de compromiso de asistencia (original firmado) a la siguiente dirección:

M^a Amelia Sánchez Pina
CEBAS-CSIC Apdo. correos 164,
30100 Espinardo, Murcia.

La confirmación de la admisión se realizará por correo electrónico entre el 13 y 17 de Septiembre de 2010