

CURSO:

HERRAMIENTAS DE ANÁLISIS DE SECUENCIAS 2025 (HASB-25)

OBJETIVO

Ofrecer al estudiante una visión introductoria al manejo de bases de datos e información de secuencias biológicas (ADN, ARN y proteínas). Presentar una visión panorámica de las herramientas de análisis disponibles y realizar ejercicios simples de familiarización con las mismas.

|

PÚBLICO OBJETIVO

Estudiantes de grado de la carrera de Medicina y EUTM y otras disciplinas afines (Licenciaturas en Biología, Bioquímica, Biología Humana y/o formaciones similares).

PREVIATURAS

Para estudiantes de Medicina y EUTM tener aprobados los módulos de Biología Celular y Molecular (BCM1) o Biología Celular y Tisular del ESFUNO.

Para estudiantes de otras formaciones y facultades, tener aprobados los cursos de Genética y/o Biología Celular y Molecular de las carreras de grado correspondientes.

PERIODICIDAD	curso anual, en el segundo semestre Teóricos breves y Prácticos
FECHA	Noviembre
MODALIDAD	Presencial en sala de bioinformática. Se trabajará con paquetes de distribución libre y herramientas online,
CARGA HORARIA	5 semanas, 2 instancias x semana (martes y jueves 14 a 17), Instancias asincrónicas a través de foros de discusión.
EVALUACIÓN:	Evaluación continua durante las actividades prácticas del curso. Evaluación final con prueba teórico-práctica.
CUPO:	20 estudiantes, 12 de Facultad de Medicina y 8 de otras orientaciones.
CREDITOS	6 créditos
SELECCIÓN:	Se debe acompañar la inscripción de carta de motivación
COORDINADORES:	Dr. Santiago Fontenla, Dra. Silvana Pereyra
EQUIPO DOCENTE:	Dr. Nicolas Dell'Oca, Dra. Cecilia Matho, Msc. Agustin Bilat, Br. Alejandro Serra.

TEMARIO Y ACTIVIDADES

	Teórico	Practico
SEMANA 1	Secuencias Biológicas, Secuenciación	
	Flujo de información en las células, Características generales de secuencias biológicas Historia de la secuenciación y la bioinformática Mecanismos de secuenciación	Formatos de almacenaje de secuencias biológicas Visualizadores y editores de secuencias Secuenciación Sanger, visualización Calidad y curado de secuenciación Sanger
SEMANA 2	Bases de Datos genómicas y visualizadores	
	Utilidad de las bases de datos, visualizadores genómicos, integración e interconexión de bases genómicas Búsquedas por homología	Visualizadores genómicos, Identificadores, tipos de anotación y datos disponibles Búsqueda de genes, ubicación cromosómica, Identificación de transcritos
SEMANA 3	Edición de secuencias nucleotídicas y estudio de variantes	
	Diseño de primers para secuenciación Detección de variantes en secuenciación Sanger Alineamiento de a pares y detección manual de variantes	Secuencias de referencia y como obtenerlas Diseño de primers para PCR y secuenciación Alineamiento a referencia y detección de variantes Reporte de variantes
SEMANA 4	Mapeo de datos de Secuenciación masiva NGS	
	Tipos de secuenciación. Calidad de secuencias Conceptos de mapeo y ensamblaje Anotación, búsqueda de genes, ab initio y por homología	Chequeo de calidad de secuencias Mapeo y visualización de datos de NGS Cobertura, variantes de splicing Detección de SNPs
SEMANA 5	Variantes genómicas y SNPs	
	Definiciones SNPs y variantes alélicas, Identificación de SNPs Exosomas, relevancia y uso. Detección de variantes, significado funcional Bases de datos de variantes	Identificación y clasificación de SNPs Generación de archivos de variantes Bases de datos de variantes Determinación de sentido funcional