

TALLER “INTRODUCCIÓN A LAS HERRAMIENTAS DE BIOINFORMÁTICA APLICADAS AL ANÁLISIS DE SECUENCIAS”

3 y 4 de Octubre de 2019 – Neuquén
Auditorium del Colegio de Bioquímicos de Neuquén (Alberdi 655, Neuquén)

Taller organizado por la Subcomisión de Microbiología Molecular y Celular (MICROMOL - AAM)

3 de octubre de 2019

Mañana

9:00 - 9:30: Presentación del Taller

9:30 - 11:30: Introducción a las herramientas básicas de análisis de secuencias de ADN: diseño de primers, blast, multialineamientos, etc. **Pablo Power**

11:30: *Coffee break*

12:45 - 13:15: NGS: introducción general (RNAseq y metagenómica) **Marcos Paolinelli**

13:30: *Corte para almorzar*

Tarde

15:00 - 16:30: NGS: ejemplos casos de estudio aplicaciones RNAseq y metagenómica. **Marcos Paolinelli**

4 de octubre de 2019

Mañana

9:30 - 11:00: Bioinformática de proteínas: introducción al análisis de secuencias de proteínas, blast, multialign, predicción de dominios, etc. **Pablo Power**

11:00: *Coffee break*

11:30 - 12:30: Nociones de modelado *in silico* de proteínas. **Pablo Power**

12:30: *Corte para almorzar*

Tarde

Importante: en lo posible, traer sus laptops/notebook para la actividad de Taller-práctico.

14:00 - 15:30: Taller práctico en computadoras: ejemplo blast y múltiple alineamiento: herramientas en línea. **Pablo Power**

15:30 - 16:30: Taller práctico en computadoras: ejemplo blast y múltiple alineamiento: demostración en línea de comandos. **Marcos Paolinelli**