

TALLER PRE-CONGRESO

Nombre del Taller: “Bioinformática viral aplicada a Ciencias del Mar: de GenBank al árbol filogenético”

Imparte: Dra.Yoanna Eissler Parada

Fecha: viernes 24 de julio de 2026

Hora: 9 a 12 hrs.

Número mínimo de participantes: 10

Número máximo de participantes: 24

Valor: 5 mil

Descripción del Taller:

Este taller introduce herramientas básicas de bioinformática viral aplicadas a problemas de las Ciencias del Mar, usando como modelo el virus de la necrosis pancreática infecciosa (IPNV) y secuencias disponibles en GenBank.

La actividad integrará una breve base conceptual sobre secuenciación Sanger, formatos FASTA, bases de datos biológicas, curación de secuencias, alineamiento múltiple y construcción de árboles filogenéticos.

En la sección práctica, las y los participantes descargarán secuencias de referencia desde NCBI, organizarán un archivo de trabajo, realizarán un alineamiento en MEGA y construirán un árbol filogenético preliminar mediante Neighbor-Joining con bootstrap.

El foco estará en comprender el flujo de análisis, reconocer errores frecuentes, interpretar agrupamientos filogenéticos y discutir cómo estas herramientas permiten estudiar diversidad viral, vigilancia sanitaria, trazabilidad molecular e invasiones biológicas en sistemas acuáticos.

No se requiere experiencia previa avanzada en bioinformática, aunque se recomienda manejo básico de computador y lectura de secuencias biológicas.

Objetivos del Taller :

- Comprender el flujo básico de análisis de secuencias virales, desde la obtención de datos en GenBank hasta la interpretación filogenética.
- Aplicar herramientas simples de curación, alineamiento y análisis filogenético usando MEGA.
- Interpretar árboles filogenéticos preliminares en el contexto de diversidad viral, vigilancia y trazabilidad molecular en ambientes acuáticos.
- Reconocer limitaciones metodológicas y errores frecuentes en el uso de secuencias parciales para inferencias evolutivas.

PROGRAMA

09:00-09:20 | Introducción: ¿por qué hacer bioinformática viral en Ciencias del Mar?

09:20-09:45 | Secuenciación Sanger, formatos FASTA/FASTQ, cromatogramas y calidad de secuencias.

09:45-10:10 | Bases de datos biológicas: NCBI/GenBank, búsqueda y descarga de secuencias virales.

10:10-10:25 | Pausa breve.

10:25-11:10 | Actividad práctica 1: descarga, organización y curación inicial de secuencias de IPNV.

11:10-11:45 | Actividad práctica 2: alineamiento múltiple en MEGA y edición del alineamiento.

11:45-12:00 | Construcción e interpretación de árbol Neighbor-Joining con bootstrap; cierre y discusión