

Adquisición de competencias en Bioinformática a través del Trabajo de Fin de Grado en el grado en Veterinaria

Gaining Bioinformatics skills through the End of Degree Project in Veterinary Medicine

Gutiérrez-Gil, B.; Suarez-Vega A.; Arranz, J.J.

Departamento Producción Animal. Universidad de León.

Correo electrónico: beatriz.gutierrez@unileon.es (Gutiérrez, B.)

Introducción

La Bioinformática puede definirse como la aplicación de técnicas de la informática para la resolución de problemas biológicos complejos. Una de las ramas más importantes de la bioinformática es el análisis de genomas y transcriptomas a partir del desarrollo de las técnicas de secuenciación masiva paralela (Metzker, 2010). Entre los logros más importantes destaca la consecución del genoma de todas las especies de interés veterinario y la posible aplicación de esta información en Medicina humana y Veterinaria (Goddardt, 2003). El análisis de los datos genómicos se realiza con programas libres diseñados para entorno Linux (Unix), frente a los sistemas operativos más habituales (Windows), y en la utilización de la línea de comandos. Dado la falta de familiarización de los estudiantes del Grado de Veterinaria con este entorno, y previendo la bioinformática como una potencial salida profesional para algunos futuros graduados en Veterinaria, nuestro Grupo de Innovación Docente (GID) de la Universidad de León (ULE), ha realizado varias ofertas de Trabajos de Fin de Grado (TFG) expresamente diseñados para la adquisición de competencias en el campo de la bioinformática.

Métodos

Para la realización de los TFGs mencionados, se definen cuatro fases planteadas de manera secuencial: (i) Adquisición de competencias básicas en el entorno Linux y programación en lenguaje Shell scripting y R; (ii) Familiarización con programas bioinformáticos específicos; (iii) Utilización de bases de datos públicas; (iv) Desarrollo de competencias avanzadas, tanto en el uso del entorno Linux/R como en lo relativo a los programas de análisis bioinformático. Esta cuarta fase no es requerida para la defensa del TFG, y su consecución dependerá de las circunstancias y grado de interés del alumno en la materia.

Resultados y Discusión

Aunque el planteamiento del tipo de TFGs aquí descritos como GID oficial de la ULE está en sus fases iniciales, los docentes integrantes del mismo ya han supervisado un TFG del Grado de Veterinaria que podría encuadrarse dentro del objeto de interés de este trabajo. Además, el grupo ha supervisado otros cuatro TFGs de este tipo en el grado de Biotecnología (Gutiérrez-Gil *et al.*, 2017). En concreto, el TFG planteado en el Grado de Veterinaria se basó en la identificación de

variantes genéticas a partir del análisis de 72 genomas completos de diversas razas ovinas (Gutiérrez-Gil *et al.*, 2016). El desarrollo de las cuatro etapas planteadas implica una fase de autoaprendizaje seguida de tutorías para la familiarización del estudiante con el sistema operativo y los programas bioinformáticos. Según nuestra experiencia el proceso de motivación individual es importante llevando incluso a la búsqueda de especializaciones de postgrado en esta área (Gutiérrez-Gil *et al.*, 2017). La calificación de estos trabajos refleja la consecución del objetivo de adquisición de competencias en el ámbito de la bioinformática de una manera exitosa.

Conclusiones

Las propuestas de TFGs relacionados con la Bioinformática parecen ser una interesante forma de proporcionar a los estudiantes del Grado de Veterinaria la oportunidad de familiarizarse con programas de análisis bioinformático y de valorar el inicio de especializaciones de postgrado relacionadas con este campo.

Referencias

- Bai Y, Sartor M, Cavalcoli J (2012). Current status and future perspectives for sequencing livestock genomes. *Journal of Animals Science and Biotechnology* 3: 8.
- Goddardt ME (2003). Animal breeding in the (post-) genomic era. *Animal Science* 76: 353-365.
- Gutierrez-Gil B, Marina H, Esteba-Blanco C, Suarez-Vega A, Arranz J.J (2016). Study of the genetic variability of the ovine CNS3 gene based on whole genome sequencing information from nine breeds of domestic sheep (*Ovis aries*) and three mouflon species. En *Livestock Genomics*. Cambridge, Reino Unido. p. 23.
- Gutierrez-Gil B, Suárez-Vega A, Bayón Y, de la Fuente LF, Arranz J.J (2017). End-of- degree and end-of- master projects as exploratory opportunities for students to assess research and science transference as job options: the University of León animal breeding group experience. *International Technology, Education and Development Conference* <http://dx.doi.org/10.21125/inted.2017.2153>
- Metzker ML (2010). Sequencing technologies - the next generation. *Nature Review Genetics* 11: 31-46.

Palabras clave: Secuenciación Masiva paralela; Análisis bioinformático; TFG; Linux.

Historial de publicación:

Recibido: 31/03/2017 Revisado: 09/04/2017 Aceptado: 20/04/2017