

Diseño de proyectos de secuenciación y análisis bioinformático de lecturas

Fecha: A partir de 02/05/22 al 30/05/22

Lugar/Sede: CIBNOR La Paz, BCS. Curso no presencial, curso en línea.

Horario: El horario es abierto, 40 horas en cuatro semanas.

Temario.

Semana 1 (11 h)

- Introducción a la genómica (1 h)
- Consideraciones en la calidad y cantidad de ácidos nucleicos (1 h)
- Librerías de 16S y whole genome (2 h)
- Librerías RNA-Seq (1 h)
- Librerías epigenéticas y miRNA (2 h)
- Librerías SNPs y metabarcoding (1 h)
- Secuenciación masiva (2 h)
- Dudas y foro (1 h)

Semana 2 (8 h)

- Introducción a Linux (3 h)
- Bitácoras electrónicas en jupyter (3 h)
- Dudas y foro (2 h)

Semana 3 (12 h)

- Análisis de calidad de lecturas, FastQC (2 h)
- Limpieza de lecturas (2 h)
- Anotación ontológica (4 h)
- Incorporar librerías a NCBI (2 h)
- Dudas y foro (2 h)

Semana 4. Módulo 4 (6 h) y módulo 5 (3 h)

- Alineamiento y ensamblaje de transcriptomas (2 h)
- Ensamble de transcriptoma de novo (2 h)
- Ensamble de transcriptoma con genoma (2 h)
- Examen

Diseño de un proyecto de secuenciación masiva (3 h)