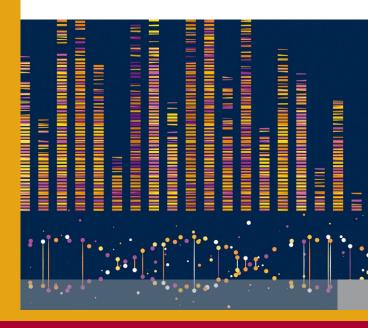


- Formación Continua 2019-2020
- Introducción a las Técnicas de Secuenciación Masiva (NGS): Aplicaciones en Ecología y Evolución (l edición)





# Datos básicos

Número de créditos: 3.00 ECTS Preinscripción: A partir del 01/04/2020 Matrícula: A partir del 01/05/2020 Impartición: Del 22/06/2020 al 26/06/2020 Precio (euros): 170,00 (tasas incluidas)

Modalidad: Presencial Lugar de impartición: TIC

Procedimientos de Evaluación: Asistencia, Trabajo durante sesiones

#### Dirección

Unidad Organizadora:

Departamento de Biología Vegetal y Ecología

Director de los estudios:

D. Antonio Marcial Escudero Lirio

## Requisitos

- Grado o licenciado en Biología, Ciencias Ambientales o similar.
- Se evaluará el CV académico de los solicitantes.

# **Objetivos**

El objetivo principal de este curso consiste en mostrar una batería de aplicaciones potenciales de la NGS por parte de investigadores que actualmente están trabajando con ellas. Al tratarse de un curso introductorio no se busca una formación compleja ni profunda en una técnica específica, sino dar una visión amplia de muchas de las aproximaciones posibles. El asistente a este curso deberá terminar con la sensación de haber conocido las técnicas y sus aplicaciones, con la finalidad de poder valorar cuáles puede ser interesantes para su investigación y sobre cuáles profundizar en etapas posteriores.

- 1. Dar información actualizada sobre las diferentes técnicas de NGS y sus aplicaciones, potencial y complejidad.
- 2. Proporcionar una formación básica sobre los principales softwares para cada una de las técnicas, en el tratamiento de datos y cómo ampliar sus conocimientos. Esto incluye desde el análisis de la calidad, edición y análisis de los archivos, hasta la interpretación de resultados. Pretendemos que, con esta base, el alumno pueda formarse posteriormente si le interesara un aspecto concreto de los abordados (por ejemplo, asistiendo a cursos de especialización o de manera autodidacta).
- 3. Favorecer el contacto entre alumnos interesados en técnicas específicas con docentes y personal especializado, para posibles colaboraciones o formaciones.

### Comisión Académica

D. Antonio Marcial Escudero Lirio. Univ. de Sevilla - Biología Vegetal y Ecología D. Francisco Balao Robles. Universidad de Sevilla - Biología Vegetal y Ecología

D. Rafael González Albaladejo. Univ. de Sevilla - Biología Vegetal y Ecología

#### **Profesorado**

Da. Yurena Arjona Fariña. - Instituto de Productos Naturales y Agrobiología (IPNA-CSIC)

D. Francisco Balao Robles. Universidad de Sevilla - Biología Vegetal y Ecología

D. Jose Carlos del Valle García. - Investigador Postdoctoral de la Univ. de Sevilla

D. Antonio Marcial Escudero Lirio. Univ. de Sevilla - Biología Vegetal y Ecología

D. Alfredo García Fernandez. Rey Juan Carlos - Biología y Geología y Física y Química Inorgánica

Da. Sonia García Giménez. - Instituto Botánico de Barcelona - CSIC

D. Rafael González Albaladejo. Univ. de Sevilla - Biología Vegetal y Ecología

D. Santiago González Martínez. - INRA

D. Carlos Lara Romero. Rey Juan Carlos - Biología y Geología y Física y Química Inorgánica

D. Enrique Maquilla Salado. - Investigador Postdoctoral de la Universidad de Sevilla

Da. Sara Martín Hernánz. - Investigador Predoctoral de la Universidad de Sevilla

D. Vratislav Peska. - Institute of Biophysics, Academy of Sciences of the Czech Republic

D. María Razzauti Sanfeliu. - INRA

Da. Sandra Sacristán Bajo. Rey Juan Carlos - Biología y Geología y Física y Química

Da. Andrea Sánchez Meseguer. - Real Jardín Botánico de Madrid (CSIC)

Da. Irene Villa Machio. - Real Jardín Botánico de Madrid (CSIC)

D. Daniel Vitales Serrano - Instituto Botánico de Barcelona - CSIC

# Asignaturas del Curso

Módulo/Asignatura 1. Presentación del curso e introducción a las técnicas de Next Generation Sequencing. Instalación de software específico y familiarización con el entorno Linux. Perdiendo el miedo a los datos. Edición y calidad de la secuenciación. Ejecución de pipelines sencillas.

Número de créditos: 1.00 ECTS

Contenido: Presentación del curso e introducción a las técnicas de Next Generation Sequencing. Instalación de software específico y familiarización con el entorno Linux. Perdiendo el miedo a los datos. Edición y calidad de la secuenciación. Ejecución de pipelines sencillas.

Fechas de inicio-fin: 22/06/2020 - 23/06/2020

Horario: Lunes, en horario de mañana y tarde, y martes en horario de mañana.

Módulo/Asignatura 2. Transcriptómica y expresión. Ensamblaie de novo y análisis filogenéticos-filogeográficos. Análisis de múltiples genomas. Metagenómica y 16S.

Número de créditos: 1,00 ECTS

Contenido: Transcriptómica y expresión. Ensamblaje de novo y análisis filogenéticos-filogeográficos. • Análisis de múltiples genomas. • Metagenómica y 16S. Fechas de inicio-fin: 23/06/2020 - 24/06/2020

Horario: Martes, en horario de tarde, y miércoles en horario de mañana y tarde.

Módulo/Asignatura 3. Buscando polimorfismos en el genoma. RAD y GBS y sus aplicaciones. Buscando polimorfismos en el genoma. Aproximaciones de captura génica y genotipado de SNPs. Análisis de elementos repetitivos del genoma. Discusión general y cierre del curso.

Número de créditos: 1.00 ECTS

Contenido: Buscando polimorfismos en el genoma. RAD y GBS y sus aplicaciones. Buscando polimorfismos en el genoma. Aproximaciones de captura génica y genotipado de SNPs. Análisis de elementos repetitivos del genoma. Discusión general y cierre del curso. Fechas de inicio-fin: 25/06/2020 - 26/06/2020

Horario: Jueves y viernes, en horario de mañana y tarde.

