

# Temario

Nombre del Curso: Diseño de proyectos de secuenciación y análisis bioinformático de lecturas

Fecha: 18/10/21 al 15/11/21

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

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

## Visión

Integrar los conocimientos básicos para plantear proyectos de secuenciación adecuados para lograr responder diferentes preguntas de investigación.

## Misión

Formar recursos humanos con habilidades para plantear y manejar datos de secuenciación masiva.

## Objetivo

El participante aprenderá a seleccionar el flujo de trabajo para la elaboración y secuenciación de librerías acorde a las necesidades de cada proyecto. Aprender los comandos básicos de Linux para el análisis de lecturas de secuenciación masiva. Desarrollar bitácoras bioinformáticas compartidas entre usuarios facilitando el flujo de trabajo y la revisión de los resultados de proyectos de secuenciación.

## Destinatarios

Dirigido a participantes de licenciatura, posgrado, investigadores, docentes interesados en realizar proyectos con lecturas de secuenciación masiva. Primer acercamiento a la tecnología de secuenciación masiva y su análisis bioinformático.

El participante deberá contar con computadora personal con cualquier sistema operativo y conexión de internet. La institución dará acceso al servidor del laboratorio de genómica y bioinformática de CIBNOR, en donde podrá realizar los ejercicios del curso, contará con acceso las 24 horas, las cuentas para ingresar al servidor son personales e intrasferibles, en caso de detectarse el mal uso del servidor, se suspenderá la cuenta.

## Modalidad

CURSO 100% ONLINE con acceso las 24 h. No requiere asistencia presencial. El curso se realiza en la plataforma del CIBNOR (Moodle). Contarás con el

# Temario

acompañamiento de un facilitador experto en el contenido. Desarrollarás diversas actividades teórico-prácticas y aprenderás "haciendo" y reflexionando sobre tu experiencia. Te propondremos diferentes estrategias y herramientas de comunicación para generar una experiencia de aprendizaje significativo orientado a la aplicación en la práctica laboral, profesional o docente. Haremos un seguimiento personalizado de tu progreso y te orientaremos para que logres los objetivos de aprendizaje.

Introducción: El curso está diseñado para que cualquier participante de licenciatura con conocimientos básicos de biología molecular pueda realizarlo. Partiremos desde las bases moleculares del ADN, continuando con la comprensión de diferentes librerías genómicas para que puedas distinguir entre las aplicaciones de cada una y al final podrás definir la mejor estrategia de secuenciación para responder tu pregunta de interés. Durante el curso aprenderás desde las bases para limpiar y pre-procesar secuencias de cualquier tipo de librería. Aprenderás a trabajar en servidores, crearas y realizarás análisis bioinformáticos desde bitácoras electrónicas en línea. Al finalizar el curso habrás realizado ejercicios de limpieza de lecturas, blast en servidores, ensamblajes de transcriptomas con y sin genoma de referencia, realizaras anotaciones con uniprot, incorporación de librerías a NCBI, y creación de bitácoras electrónicas.

Coordinación general: Dra. Cristina Escobedo Fregoso

Instructores : Dra. Cristina Escobedo Fregoso

Temario.

Semana 1

Expositor: Cristina Escobedo Fregoso

Tema: Módulo 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)

# Temario

## Semana 2

Expositor: Cristina Escobedo Fregoso

Tema: Módulo 2 (8 h)

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

## Semana 3

Expositor: Cristina Escobedo Fregoso

Tema: Módulo 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

Expositor: Cristina Escobedo Fregoso

Tema: 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)
- Exámen

Diseño de un proyecto de secuenciación masiva (3 h)