

Temario

Nombre del Curso: **Más allá de las secuencias: Análisis de datos de secuenciación masiva con STACKS.**

Fecha: 27 al 30 de mayo de 2024

Lugar/Sede: CIBNOR - online

Horario: de 9 am a 4:30 pm

Visión: Estudiantes, técnicos e investigadores capacitados en la obtención de variantes genómicas para estudios en genómica poblacional.

Misión: Brindar las herramientas necesarias para la comprensión y obtención de variantes genómicas para estudios de genómica poblacional.

Objetivo: Cubrir/aprender los principales pasos para la obtención de variantes genómicas de secuencias cortas que sean informativos para estudios en genómica poblacional.

Dirigido a estudiantes de Licenciatura y Posgrado, así como Posdoctorantes e Investigadores que necesiten desarrollar habilidades para el manejo de información de secuenciación masiva para estudios genómico poblacionales

Coordinación general: Dr. Fausto Valenzuela Quiñonez

Instructores participantes/Institución:

Dr. Fausto Valenzuela Quiñonez / Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste (CIBNOR)

Dra. Paulina Mejía Ruíz / Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada, Baja California (CICESE)

M. en C. Jorge Alberto Mares Mayagoitia / Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste (CIBNOR)

Temario

Temario.

Lunes 27 de mayo, 2024

Expositor: Dr. Fausto Valenzuela Quiñonez

Tema: Introducción a la elaboración de librerías genómicas y procesamiento bioinformático.

Subtema: ADN y dogma central

Martes 28 de mayo, 2024

Expositor: Dra. Paulina Mejía Ruíz

Tema: Alineamiento de Secuencias de especies no modelo

Subtema: Procesamiento de secuencias en STACKS en módulo *denovo*

Miércoles 29 de mayo, 2024

Expositor: M. en C. Jorge Alberto Mares Mayagoitia

Tema: Alineamiento de Secuencias con Genoma de referencia.

Subtema: Algoritmo Burrows & Wheeler Transform (BWT)

Jueves 30 de mayo, 2024

Expositor: Dr. Fausto Valenzuela Quiñonez, Dra. Paulina Mejía Ruíz y M. en C. Jorge Alberto Mares Mayagoitia

Tema: Discusión de casos de estudio

Subtema: Presentaciones y Evaluación Final en google forms.

Criterio de Evaluación:

Ésta será En Línea y se realizará mediante la aplicación de una evaluación de conocimientos generales mediante formulario Google.

Temario

Material de Apoyo

- N. Rochette, A. Rivera- Colón, and J. Catchen. *Stacks 2: Analytical methods for paired- end sequencing improve RADseq- based population genomics*. *Molecular Ecology*, 28(21):4737-4754, 2019. [[reprint](#)]
- N. Rochette & J. Catchen. *Deriving genotypes from RAD-seq short-read data using Stacks*. *Nature Protocols*, 12:2640–2659, 2017. [[reprint](#)]
- J. Paris, J. Stevens, & J. Catchen. *Lost in parameter space: a road map for Stacks*. *Methods in Ecology and Evolution*, 8(10):1360-1373, 2017. [[reprint](#)]
- S. Bassham, J. Catchen, E. Lescak, F. von Hippel, W. Cresko. *Repeated Selection of Alternatively Adapted Haplotypes Creates Sweeping Genomic Remodeling in Stickleback*. *Genetics*, 209:921-939, 2018. [[reprint](#)]
- J. Catchen, P. Hohenlohe, S. Bassham, A. Amores, and W. Cresko. *Stacks: an analysis tool set for population genomics*. *Molecular Ecology*, 22(11):3124-3140, 2013. [[reprint](#)]
- J. Catchen, A. Amores, P. Hohenlohe, W. Cresko, and J. Postlethwait. *Stacks: building and genotyping loci de novo from short-read sequences*. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 1:171-182, 2011. [[reprint](#)]
- A. Amores, J. Catchen, A. Ferrara, Q. Fontenot and J. Postlethwait. *Genome evolution and meiotic maps by massively parallel DNA sequencing: Spotted gar, an outgroup for the teleost genome duplication*. *Genetics*, 188:799–808, 2011. [[reprint](#)]
- P. Hohenlohe, S. Amish, J. Catchen, F. Allendorf, G. Luikart. *RAD sequencing identifies thousands of SNPs for assessing hybridization between rainbow trout and westslope cutthroat trout*. *Molecular Ecology Resources*, 11(s1):117-122, 2011. [[reprint](#)]
- K. Emerson, C. Merz, J. Catchen, P. Hohenlohe, W. Cresko, W. Bradshaw, C. Holzapfel. *Resolving postglacial phylogeography using high-throughput sequencing*. *Proceedings of the National Academy of Science*, 107(37):16196-200, 2010. [[reprint](#)]