

Curso pre-congreso: Metagenómica y ensamblaje dirigido 2017

Cali, 11 y 12 de septiembre de 2017

Lugar: Universidad del Valle. Sede San Fernando, Calle 4B # 36-00, edificio de Ciencias básicas, sala de cómputo, quinto piso

Dirigido a: Investigadores, profesionales y estudiantes de pregrado y posgrado tanto del área de las Ciencias de la Salud como de la informática y áreas afines. Interesados en el uso de datos de secuenciación de Nueva Generación aplicados al ensamblaje de genomas y metagenomas. El curso será dictado en Inglés.

Docentes Encargados:

Alejandro Reyes, PhD (Universidad de los Andes)
Arthur Gruber (Universidad de Sao Paulo)

Información del curso:

Cupo máximo: 25 personas

Duración: 16 horas

Fecha de Inicio y finalización:
11 y 12 de septiembre

Horarios:
8 - 12 y 14 - 18

Modalidad: Presencial

Inversión:
Tarifa plena: \$200.000 (COP) hasta el 9 de septiembre.

Inscripciones:
<http://ccbc.org/cursos-pre-congreso/>

Contacto:

Página:
www.sc2b2.org

Correo:
sc2b2.org@gmail.com
a.reyes@uniandes.edu.co



IV Congreso Solombiano
de Biología Computacional
y bioinformática



<http://ccbc.org/>

Información del curso:

Descripción:

Con el advenimiento de la Secuenciación de Nueva Generación se abre la probabilidad de secuenciar no sólo genomas individuales, sino incluso los genomas de toda una comunidad de microorganismos en un bioma. La metaégenómica permite la estimación de la diversidad de una muestra, el potencial funcional de una comunidad, al igual que detectar organismos desconocidos. Actualmente conocemos sólo una porción pequeña de la diversidad viral. El uso de datos metagenómicos en la identificación de virus emergentes representa uno de los mayores retos en bioinformática. En el curso vamos a cubrir algunos métodos y herramientas para el procesamiento de datos metagenómicos y su uso para el descubrimiento de virus, incluyendo conceptos teóricos y sesiones prácticas.

Este curso tiene como objetivo presentar conceptos básicos de diseño experimental y análisis de datos metagenómicos usando Secuenciación de Nueva Generación (NGS). Los temas cubiertos incluyen tecnologías de secuenciación, uso de bases de datos, y ejemplos (teóricos y prácticos) para el descubrimiento de nuevos virus a partir de estudios metagenómicos, tanto con aproximación de ensamblaje tradicional como usando algoritmos basados en semillas como GenSeed-HMM.

Agenda:

Día 1: Procesamiento de datos NGS (Filtros de calidad, remoción de adaptadores, "trimming"), estrategias de ensamblaje de genomas y metagenomas y evaluación de la calidad de los ensamblajes.

Día 2: Reconstrucción de secuencias usando GenSeed-HMM: uso de fagos (Alpavirinae) y Flavivirus (Zika y Dengue) como modelos

Fecha de Inicio y finalización:
11 y 12 de septiembre

Horarios:
8 - 12 y 14 - 18

Modalidad: Presencial

Inversión:
Tarifa plena: \$200.000 (COP) hasta el 9 de septiembre.

Inscripciones:
<http://ccbc.org/cursos-pre-congreso/>

Contacto:

Página:
www.sc2b2.org

Correo:
sc2b2.org@gmail.com
a.reyes@uniandes.edu.co



IV Congreso Colombiano
de Biología Computacional
y bioinformática



<http://ccbc.org/>