



Ensamblajes de Genomas Virales

Paola Rojas-Estevez

M.Sc Biología Computacional

Grupo Genómica de Microorganismos Emergentes Instituto Nacional de Salud de Colombia

Links a utilizar



https://us06web.zoom.us/j/89960008592?pwd=3WXhx6ENvGsszXeakfatCJRLDgZgRt.1



https://github.com/BCVI/Taller-Virtual-Bioinformatica-Genomica-Viral



sigck https://join.slack.com/t/slack-smo2540/shared invite/zt-2d62ig1fr-lketSaPu~leUyZ5LlghRqA



https://colab.research.google.com/











Taller Virtual: Bioinformática en Genómica Viral

Este repositorio se centra en la capacitación práctica en análisis de secuencia del genoma viral, principios científicos, análisis e interpretación de datos genómicos de secuenciación a gran escala.

Infraestructura computacional del curso

Este curso se desarrollará por medio de un servidor privado y usando Google Colab, un servicio de acceso libre.

Compromiso de tiempo - 2 semanas

2 Semanas: (1 semana de curso - 1 semanas de seguimiento) 4 horas por semana de tiempo personal y 1 hora de trabajo remoto con los instructores.

Fecha de início: El curso se desarrollará en modo remoto durante la semana del 26-29 de Febrero 2024.

Programa del curso

El programa cubrirá los siguientes temas generales:

- Introducción a Linux
- Ensamble y Anotación de Genomas Virales con Referencia
- Identificación de Secuencias Virales (Metagenómica Viral y Profagos)
- · Clustering y Clasificación Taxonómica

Equipo de instructores

- · Paola Rojas-Estevez, Instituto Nacional de Salud, Bogotá Colombia.
- · Laura Camelo-Valera, Universidad de McGill, Canadá, Quebec Canadá.
- · Dafne Arellano Maciel, Centro de Investigación en Dinámica Celular-UAEM, Cuernavaca México.
- Juan Manuel Hurtado Ramirez, Instituto de Biotecnología-UNAM, Cuernavaca México.
- Gamaliel López-Leal, Centro de Investigación en Dinámica Celular-UAEM, Cuernavaca México.



Repositorio GitHub

Cargar los notebooks

+ Nuevo cuaderno

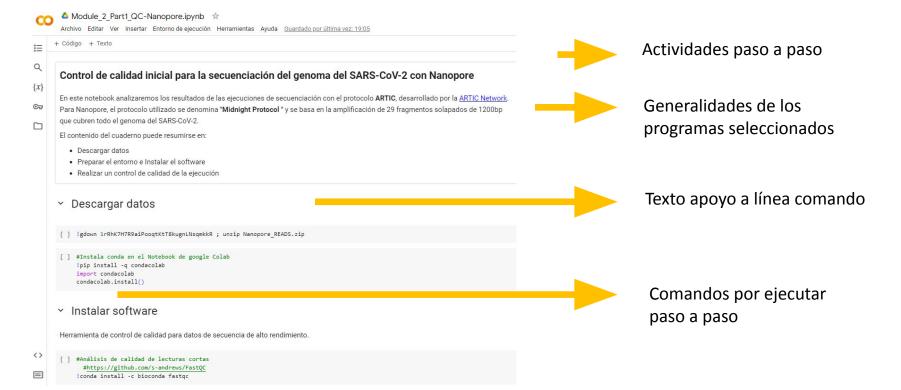


Abrir cuade	erno			
Ejemplos	>	Escribe una URL de GitHub o busca por organización o usuario	ositorios privados	Copiar URL del curso
Recientes	>	https://github.com/BCVI/Taller-Virtual-Bioinformatica-Genomica-Viral.git	Q	
Google Drive	>	Repositorio: Rama:		
GitHub	>	кита		
Subir	>	Notebook/Modulo_2/Module_2_Part1_QC-Nanopore.ipynb	Q Z	Notebook por módulo
		Notebook/Modulo_2/Modulo_2_Part2_Reconstruccion_genoma_Nanopore_SARS_Co	Q Z	Notebook poi modulo

Cancelar

Notebooks Colab





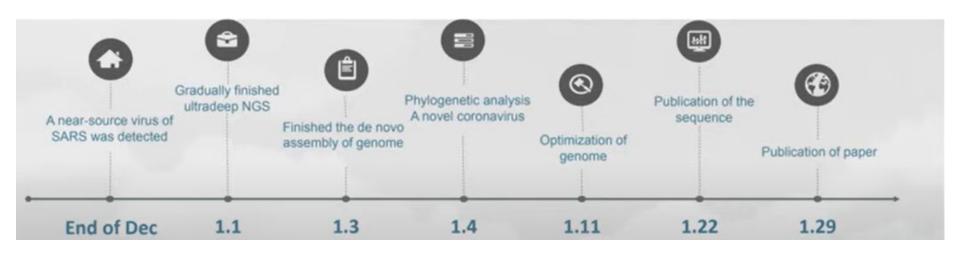




Ensamblajes de Genomas Virales con referencia

Modulo_2 - Ejemplo Sars-CoV-2

Descubrimiento y Montaje de Sars-cov-2



- ✓ Permite una identificación precisa
- Facilita la comprensión de la mutación y la historia del virus

- Comprensión de la composición genética
- ✓ Tipificación y Distancia Filogenética

Secuenciación Genómica en el INS





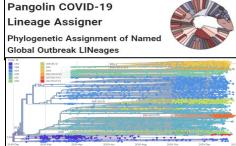


Vigilancia Genómica

DENV, CHIKV, ZIKV, Rabies, Measles, POXVIRUS, H1N1, VIH

Metagenómica de virus emergentes y virodiversidad

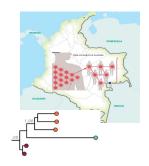




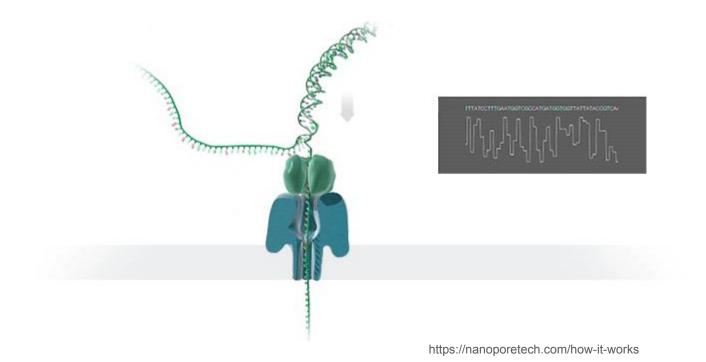








Archivos fast5: datos de señal eléctrica



Paso a paso_Análisis

1. Llamado de bases guppy_basecaller

2. Control de Calidad artic guppyplex

3. Ensamblaje artic minion



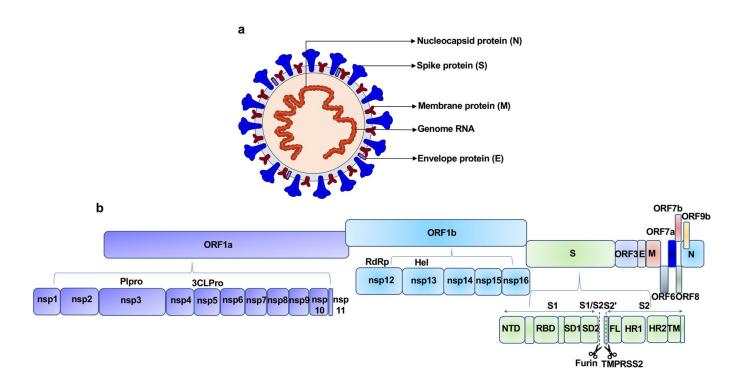
4. Estimación del Linaje Pangoline / Nextclade



5. Revisión de Mutaciones NEXTSTRAIN



29,903 bases - Genoma de SARS-CoV-2



La importancia de las mutaciones



4. Estimación del linaje

PANGOLIN:/ https://pangolin.cog-uk.io

https://cov-lineages.org/resources/pangolin/installation.html

Importante mantener actualizado

5. Revisión de mutaciones

NEXTSTRAIN: https://clades.nextstrain.org/

Disponible en web y línea de comandos



Gracias

Contacto:

crojas@ins.gov.co

paolarojasestevez@gmail.com