



PROGRAMA DE FORMACIÓN INTRAMURAL, ISCIII

"Iniciación al análisis de datos procedentes de técnicas de secuenciación masiva (NGS)", 13 al 17 junio 2022. 9ª Edición.

Lunes 13,

10:00h-12:00h Secuenciación masiva, Plataformas de secuenciación. Isabel Cuesta.

12:15h-13:00h Iniciación al entorno Linux. Aspectos teóricos. Sarai Varona.

13:00h-14:00h Comandos básicos Linux. Navegación por el árbol de directorios. Sarai Varona.

Martes 14,

10:00h-12:00h Aplicación de las técnicas de secuenciación masiva (NGS). Isabel Cuesta.

12:15h-13:00h Comandos básicos Linux. Manejo y gestión de ficheros. Sarai Varona.

13:00h-14:00h Comandos básicos Linux. Manejo de permisos. Sarai Varona.

Miércoles 15,

10:00h-11:00h Análisis de datos: Control de calidad y preprocesado. Sarai Varona.

11:00h-12:00h Análisis de datos: Mapado y filtrado de duplicados. Sara Monzón.

12:15h-14:00h Hands-on análisis de datos, fase de control de calidad, preprocesado y alineamiento. Sara Monzón, Sarai Varona.

Jueves 16,

10:00h-12:00h Análisis secundario: Introducción a la llamada a variantes. *Sara Monzón.* 12:15h-14:00h Hands-on, Análisis de variantes en datos de Deep Sequencing. *Sara Monzón, Isabel Cuesta.*

Viernes 17,

10:00h-12:00h Secuenciación de genoma de bacterias, cromosómico y plásmidico, ensamblado, anotación, tipificación e identificación de genes de resistencia. *Isabel Cuesta*.

12:15h-14:00h Hands-on, Análisis secundario, UCSC genome browser. Sara Monzón, Isabel Cuesta.