**Nombre y apellidos:** Iratxe Montes Asperilla

**Email:** iratxe.montes@ehu.es

**DNI:** 78934937H

**Adscripción (Institución, departamento):** UPV/EHU, Genética, Antropología Física, Fisiología Animal

**Asignatura:** Applied Bioinformatics I. Variation analysis

**Bloque:** Reduced Genome Sequencing

**Objetivos:**

* Comprender a fondo las estrategias de secuenciación de genomas reducidos y su utilidad
* Entender las diferencias entre los diferentes sistemas de secuenciación de genomas reducidos y las limitaciones de cada uno de ellos
* Ser capaz de realizar un alineamiento de secuencias de transcriptoma generadas a partir de secuenciación masiva y descubrir mutaciones

**Bibliografía:**

* Metzker M (2010) Sequencing technologies – the next generation. Nat Rev Genet 11: 31–46. doi: 10.1038/nrg2626.
* Montes I, Conklin D, Albaina A, Creer S, Carvalho GR, Santos M and Estonba A (2013). SNP Discovery in European Anchovy (Engraulis encrasicolus, L) by High-Throughput Transcriptome and Genome Sequencing. PLoS ONE, 8(8): e70051.

**Planificación:**

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **HORAS DE DOCENCIA PRESENCIAL** | | | | | | **HORAS DE ACTIVIDAD NO PRESENCIAL**  **DEL ALUMNO** | | | | | | **TOTAL DE HORAS PROGRAMADAS**  **(5)** | |
| **Tipo docencia (1)** | | | | | **Total Actividad**  **Presencial (2)** | **Asociadas a docencia tipo (3)** | | | | | **Total actividad no** | |  |
| **M** | **S** | **PA** | **PL** | **PO** | **M** | **S** | **PA** | **PL** | **PO** | **Presencial (4)** | |  |
| 10 |  | 6 |  | 4 | 20 |  |  | 12 |  | 28 | 40 | | 60 |

**Procedimiento de evaluación:**

|  |
| --- |
| Instrumento |

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Criterios | Procentaje | |  |  | |  |
| Asistencia | |  | | |  | |
| Exámen por módulos | |  | | | 100% | |
| Exámen final | |  | | |  | |
| Trabajos | |  | | |  | |
| Otros | |  | | |  | |