

Curso de Introducción a las Técnicas de Next Generation Sequencing: aplicaciones en ecología y evolución

4 – 8 julio de 2016. Universidad Rey Juan Carlos, Cursos de Verano

<http://uverano.urjc.es/go/nextgeneration>

Organizan:



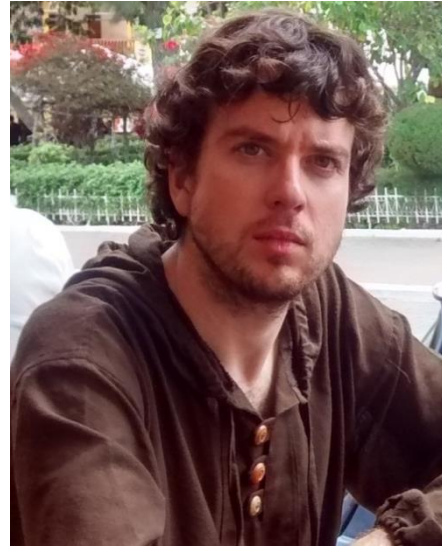
Colaboran:



- **Nosotros**



Alfredo García Fernández
Investigador post doctoral
alfredo.garcia@urjc.es



Carlos Lara Romero
Investigador post doctoral
carlos.lara@urjc.es



Jose María Iriando
Catedrático
jose.iriondo@urjc.es

- **Mas en: <http://www.escet.urjc.es/biodiversos/>**

- **Nosotros**
- **Motivación del curso**
 - Pocos cursos de NGS en España
 - La formación esta siendo autodidacta o en el extranjero (más caro)
 - Los cursos son mayormente teóricos
 - Centrado en humanos (diagnóstico médico) o animales (producción)

- **Nosotros**
- **Motivación del curso**
 - Necesidad de formación en el ámbito
 - Combinar teoría con práctica
 - Uso de software específico pero no exclusivo
 - Ponentes como usuarios de la técnica frente a grandes expertos

- Nosotros
- **Motivación del curso**

Expectativas

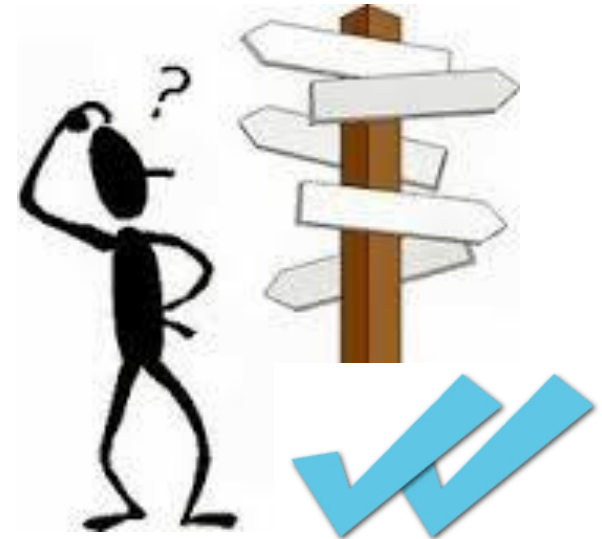
1. Ninguna experiencia en NGS



- Nosotros
- **Motivación del curso**

Expectativas

1. Ninguna experiencia en NGS
2. Conocimiento general sobre las técnicas



- Nosotros
- **Motivación del curso**

Expectativas

1. Ninguna experiencia en NGS
2. Conocimiento general sobre las técnicas
3. Formación sobre una técnica concreta



- **Nosotros**
- **Motivación del curso**
- **Organización**
 - Sesión de teoría (1:30 horas) , descanso (30 min) y sesión de prácticas (2:00 horas)
 - Café a medio día en la terraza de la residencia
 - Datos reales y sencillos
 - Todo quede reflejado en carpeta Google Drive

- Nosotros
- Motivación del curso
- Organización
- **Algunas consideraciones...**
 - No exhaustividad con la presencia
 - Ponentes “amistosos”
 - Horarios orientativos

Lunes 4 de julio

9:30-11:00

Módulo I. Presentación del curso, Introducción a las técnicas de Next Generation Sequencing. Instalación de software específico y familiarización con entorno Linux

- Presentación de los participantes, directores y ponentes. Descripción de las sesiones. Declaración de interés de los alumnos por cada una de las técnicas.

Ponentes: Drs. Alfredo García-Fernández, Carlos Lara Romero y José María Iriondo (URJC)

11:00-11:30

Café

Lunes 4 de julio

11:30-13:30

Módulo I. Presentación del curso, Introducción a las técnicas de Next Generation Sequencing. Instalación de software específico y familiarización con entorno Linux

- Descripción de las técnicas de Next Generation Sequencing. Plataformas de secuenciación y su evolución. Aplicaciones. Recomendaciones para los estudios.

Ponentes: Drs. Alfredo García-Fernández, Carlos Lara Romero (URJC)

13:30-14:30

Comida

Lunes 4 de julio

14:30-16:00

Módulo I. Presentación del curso, Introducción a las técnicas de Next Generation Sequencing. Instalación de software específico y familiarización con entorno Linux

- Instalación del software específico en los ordenadores.
Formación en comandos básico de Linux.

Ponentes: Drs. Alfredo García-Fernández, Carlos Lara Romero (URJC)

16:00-16:30

Pausa

Lunes 4 de julio

16:30-18:30

Módulo I. Presentación del curso, Introducción a las técnicas de Next Generation Sequencing. Instalación de software específico y familiarización con entorno Linux

- Instalación del software específico en los ordenadores.
Formación en comandos básicos de Linux (continuación).

Ponentes: Drs. Alfredo García-Fernández, Carlos Lara Romero (URJC)

Martes 5 de julio

9:30-11:00

Módulo II. Perdiendo el miedo a los datos. Edición y calidad de la secuenciación. Ejecución de pipelines sencillas

- Presentación de los datos procedentes de una secuenciación masiva. Explicación de la información que contiene. Edición de datos y filtrado por calidad. Manejo de software específico (Trimmomatic, FastQC...)

Ponentes: Drs. Alfredo García-Fernández y Carlos Lara Romero (URJC)

11:00-11:30

Café

Martes 5 de julio

11:30-13:30

Módulo II. Perdiendo el miedo a los datos. Edición y calidad de la secuenciación. Ejecución de pipelines sencillas

- Ejecución de pipelines sencillas en LINUX. El ejemplo de QDD para buscar regiones microsátélites. Ejecución del programa QDD con datos predefinidos, Ejemplos de BLAST+

Ponentes: Drs. Alfredo García-Fernández y Carlos Lara Romero (URJC)

13:30-14:30

Comida

Martes 5 de julio

14:30-16:00

Módulo III. Ensamblaje de novo y análisis filogenéticos-filogeográficos .

- Necesidad de los diferentes tipos de ensamblaje en las técnicas NGS. ¿Necesito siempre un genoma de referencia?
- Como afrontar los análisis filogenéticos y filogeográficos. Recomendaciones y consejos.
- Exposición de casos reales de estudio

Ponentes: José Carlos del Valle y Dra. Inés Soriguer (Univ. Pablo de Olavide, Sevilla).

16:00-16:30

Descanso



Martes 5 de julio

16:30-18:30

Módulo III. Ensamblaje de novo y análisis filogenéticos-filogeográficos .

- Ejemplos prácticos bajo la supervisión de los ponentes utilizando un dataset procedente de NGS. Software Genious (ensamblaje y alineamiento).
- Programas filogenéticos y filogeográficos: Mrbayes, RaxML, otros.

Ponentes: José Carlos del Valle y Dra. Inés Soriguer (Univ. Pablo de Olavide, Sevilla).



Miercoles 6 de julio

9:30-11:00

Módulo IV. Análisis de múltiples genomas; metagenómica y 16S

- Descripción básica de la metagenómica.
- Aplicaciones y limitaciones.
- Como afrontar un análisis metagenómico.
- Recomendaciones, regiones potenciales para considerar.
- Tratamiento de muestras. Recomendaciones y consejos.

Ponentes: Dras. Andrea Meseguer y Maria Razzauti (CBGP-INRA, Montpellier)

11:00 – 11:30

Café



Miercoles 6 de julio

11:30-13:30

Módulo IV. Análisis de múltiples genomas; metagenómica y 16S

- Ejemplos prácticos bajo la supervisión de los ponentes.
Software específico para metagenómica. Análisis de scripts con R.

Ponentes: Dras. Andrea Meseguer y Maria Razzauti (CBGP-INRA, Montpellier)

13:30 – 14:30

Comida



Miercoles 6 de julio

14:30-16:00

Módulo V. *Análisis de elementos repetitivos del genoma*

- Introducción conceptual a los elementos repetitivos del genoma.
- Como afrontar un estudio de las secuencias repetitivas del genoma.
- Recomendaciones y consejos.

Ponentes: Drs. Sonia García y Daniel Vitales (Institut Botanic de Barcelona, Barcelona)

16:00 – 16:30

Pausa



Miercoles 6 de julio

16:30-18:30

Módulo V. Análisis de elementos repetitivos del genoma

- Ejemplos prácticos bajo la supervisión de los ponentes.
- Software específico para el análisis de elementos repetitivos del genoma
- Software específico: Servidor Galaxy y RepeatExplorer

Ponentes: Drs. Sonia García y Daniel Vitales (Institut Botanic de Barcelona, Barcelona)



https://www.researchgate.net/profile/Sonia_Garcia3

https://www.researchgate.net/profile/Daniel_Vitales/

Jueves 7 de julio

9:30-11:00

Módulo VI. Buscando polimorfismos en el genoma. RAD y GBS y sus aplicaciones

- Explicación de cada una de las técnicas: del laboratorio a la bioinformática.
- Aplicaciones para estudios genómicos.
- Recomendaciones y consejos

Ponentes: Irene Villa y Yurena Arjona (Real Jardín Botánico de Madrid – CSIC, Madrid)

11:00 – 11:30

Café



Jueves 7 de julio

11:30-13:30

Módulo VI. Buscando polimorfismos en el genoma. RAD y GBS y sus aplicaciones

- Ejemplos prácticos bajo la supervisión de los ponentes.
- Software específico para la obtención de SNP's y estudios poblacionales

Ponentes: Irene Villa y Yurena Arjona (Real Jardín Botánico de Madrid – CSIC, Madrid)

13:30 – 14:30

Café



Jueves 7 de julio

14:30-16:00

Módulo VI. Buscando polimorfismos en el genoma. Aproximaciones de captura génica y genotipado de SNPs

- Producción práctica de genotipos utilizando secuenciación dirigida (exoma y genes)
- Construcción de archivos VCF para análisis de genética de poblaciones. Depuración y filtrado de archivos VCF, preparación de datos para su análisis
- Genotipado con SNPs usando la tecnología Illumina Infinium.

Ponentes: Dr. Santiago C. González-Martínez (INRA, Burdeos)

16:00 – 16:30

Descanso



Jueves 7 de julio

16:30-18:30

Módulo VI. Buscando polimorfismos en el genoma. Aproximaciones de captura génica y genotipado de SNPs

- Análisis de genética de poblacionales (diversidad de nucleótidos, estructura poblacional, test de neutralidad, etc.) para grandes conjuntos de datos.
- Ejemplos prácticos bajo la supervisión del ponente. Casos de estudio de *Taxus baccata* y *Pinus pinaster*.

Ponentes: Dr. Santiago C. González-Martínez (INRA, Burdeos)



Viernes 8 de julio

9:30-11:00

Módulo VII. Discusión general

- Charla magistral

Ponentes: Dr. Santiago C. González-Martinez (INRA, Burdeos)

11:00 – 11:30

Café

11:30 – 13:30

Módulo VII. Parque científico de Madrid

Ponente: Dr. Ricardo Alvarez

Módulo VII. Discusión general y cierre de curso

Ponentes: Dr. Santiago C. González-Martinez (INRA, Burdeos),
Alfredo García, Carlos Lara-Romero y Jose María Iriondo (URJC).

- Nombre e Institución
- Experiencia previa con técnicas de NGS
- Expectativas del curso
- ...