

Introducción al diseño de experimentos de secuenciación masiva

Objetivo

Dar las bases teóricas y técnicas de diseño, ejecución y análisis de experimentos de secuenciación masiva (ChIPSeq, Transcriptómica y Exoma)

A quién va dirigido

A todas las personas que estén interesados en diseñar un experimento o que tengan uno en curso y quieran conocer más acerca del fundamento de los experimentos y el tipo de análisis bioinformático.

Temas

Genómica

- Para qué sirve la secuenciación masiva de ADN?
- Tipos de muestra y como diseñar los experimentos
 - RNA-seq
 - Exome-seq
 - ChIP-seq
 - Páneles
- Fundamentos de la secuenciación por síntesis (illumina)
- Cómo calcular cobertura y profundidad de secuenciación?
- La importancia de la bioinformática y su interacción con el laboratorio.

Bioinformática

- Llamado de bases
- Formatos
- Análisis primario
- Análisis de expresión diferencial de datos de RNA-Seq
- Análisis de ChIP-Seq
- Análisis de Exomas

Organizadores

Dr. inti de la Rosa Velázquez. Laboratorio de Genómica

Dra. Georgina Hernández Montes. Unidad de Bioinformática