

I Curso Práctico Secuenciación de Genomas de Virus

Fecha: 14 y 15 de noviembre de 2024

Valladolid

Destinatarios:

Médicos, farmacéuticos, veterinarios, biólogos, biotecnólogos y técnicos de laboratorio.

Organiza:

- Instituto de Ciencias de la Salud de Castilla y León (ICSCYL).

Coordina:

Dra. Marta Hernández Pérez.

Profesora Titular de Universidad. Área de Microbiología. Facultad de Medicina. Universidad de Valladolid.

Duración y formato:

10 horas.

Lugar:

Edificio LUCIA – Campus Miguel Delibes. Sala de reuniones y Laboratorios 2.2, 2.3 y 2.4.
Paseo de Belén 19. Universidad de Valladolid.
47011 Valladolid.

Matrícula:

100€.

Inscripción:

20 plazas por orden de inscripción. Exclusivamente Online a través de la web:

www.icscyl.com

Acreditación:

Solicitada acreditación a la Comisión de Formación Continuada de las Profesiones Sanitarias de Castilla y León.

Secretaría e información en:

Instituto de Ciencias de la Salud de Castilla y León (ICSCYL).

Parque de Santa Clara, s/n. 42002 - Soria

Teléfono: 975 04 00 08

Web: www.icscyl.com

Email: informacion@icscyl.com

Objetivos:

General:

El objetivo de este curso es abordar de forma específica la secuenciación masiva de genomas víricos (NGS, HTS) mediante secuenciadores de tecnología de síntesis de genoma completo (Whole Genome Sequencing, WGS) y consta de las siguientes partes:

- Parte teórica que describe la metodología de secuenciación.
- Aplicación práctica que se realizará en el laboratorio.
- Análisis bioinformático de datos e interpretación de los resultados.

Se imparte por parte de investigadores que actualmente están trabajando con estas técnicas con más de 50.000 genomas víricos secuenciados.

El asistente a este curso deberá adquirir los conocimientos que le permitan realizar cada una de las aplicaciones en su laboratorio mediante técnicas de secuenciación masiva. Se formará de manera práctica en la realización de librerías para obtener genoma completo de virus, en particular SARS-CoV-2, gripe y cómo abordar otros virus emergentes.

Específicos:

- Técnicas laboratoriales de secuenciación masiva.
- Tratamiento de datos genómicos.
- Bioinformática de genomas.

Profesorado:

Marta Hernández Pérez.

Profesora Titular de Universidad. Área de Microbiología. Facultad de Medicina. Universidad de Valladolid.

Sonia García Díaz.

Técnico de secuenciación. Hospital Clínico Universitario de Valladolid (HCUV).

Julen Ortiz de Zarate.

Illumina Inc.

Mario Montaña.

Illumina Inc.

Inés Rábano.

Illumina Inc.

Programa:

14 noviembre 2024

8:45 h. Bienvenida.

9:00 h. Introducción a la secuenciación. Soluciones NGS para virus. Flujo de trabajo completo para la vigilancia genómica. *Julen Ortiz de Zarate, Mario Montaña & Inés Rábano.*

11:00 h. Los virus. Su genoma. Conceptos genómicos (mutación, genoma, indels, elementos repetidos, linajes, etc.). *Marta Hernández Pérez.*

12:00 h. Pausa-Café.

12:30 h. Preparación de librerías parte 1. RT-PCR/PCR, fragmentación y marcado de los fragmentos del genoma. *Sonia García Díaz.*

14:00 h. Comida.

15:30 h. Técnicas de secuenciación. Secuenciación de genoma vírico. *Marta Hernández Pérez.*

16:30 h. Preparación de librerías parte 2. Limpieza de librerías y preparación de pool. *Sonia García Díaz.*

18:00 h. Fin de la jornada.

15 noviembre 2024

9:30 h. Análisis bioinformático de genomas víricos. Filtrado de calidad, ensamblado, anotación de genomas, construcción de árboles epidemiológicos. *Marta Hernández Pérez.*

10:30 h. Carga del secuenciador. *Sonia García Díaz.*

11:30 h. Pausa-Café.

12:00 h. Extracción de datos del secuenciador y análisis. Resumen explicativo sobre los resultados del análisis bioinformático. Calidad de secuencia e interpretación de clados y linajes. *Marta Hernández Pérez.*

14:30 h. Fin de la jornada.

Patrocina:

illumina®