



WORKSHOP ON

**High Throughput
Sequencing Data
Analysis on Genomics,
Metagenomics and
Transcriptomics.**



Secretaría de
**Educación Superior,
Ciencia y Tecnología**



uniandes



Prilabsa



Institut Pasteur



C3BI - USR 3657



Septiembre

13 al 21 de 2018

**Escuela Superior Politécnica
del Litoral (ESPOL)**

Laboratorio A (FIMCP)

GUAYAQUIL-ECUADOR



Centro Nacional de Acuicultura e
Investigaciones Marinas (CENAIM)
+593-4-2269494
www.cenaim.espol.edu.ec/

Escuela Superior Politécnica del
Litoral (ESPOL)
www.espol.edu.ec/
Campus Gustavo Galindo
Facultad de Ingeniería en
Mecánica y Ciencias de la
Producción (FIMCP)
Guayaquil-Ecuador

El Centro Nacional de Acuicultura e Investigaciones Marinas (CENAIM) de la Escuela Superior Politécnica del Litoral (Ecuador), el Grupo de Biología Computacional y Ecología Microbiana (BCEM) de la Universidad de los Andes (Colombia) y el Hub de Bioinformática y Bioestadística del Centro de Bioestadística y Biología Integrativa (C3BI) del Instituto Pasteur (Francia) se complacen en invitarlos a un Taller teórico-práctico, de alto nivel, dirigido a investigadores/estudiantes que trabajan con datos de tecnologías de secuenciación de Alto Rendimiento (High-Throughput Sequencing Technologies - HTS) en distintas disciplinas científicas, y a los cuales deseen aplicar el máximo poder computacional posible, mediante la guía de instructores expertos en bioinformática y biología computacional. Al finalizar el taller, los investigadores/estudiantes habrán ganado experiencia en el uso de aplicaciones y herramientas bioinformáticas de datos derivados de secuenciación masiva o de alto rendimiento (HTS) y podrán contribuir al conocimiento en sus áreas de investigación.

¿A QUIÉNES ESTÁ DIRIGIDO EL TALLER?

El taller está dirigido a investigadores/estudiantes en ciencias biológicas, ciencias de la computación y áreas afines que estén interesados en el análisis de secuencias biológicas tales como acuicultura, biotecnología, biomedicina, biología, ecología, ciencias agropecuarias, entre otros.

¿QUÉ TEMÁTICAS SE TRATARÁN?

El taller proporcionará una introducción general a los aspectos bioinformáticos y estadísticos del análisis de datos de HTS, teoría y prácticas alternas, conceptos bioinformáticos generales, tales como formatos de archivo y mapeo de secuencias. Se abordará además procedimientos específicos para varios tipos de datos biológicos, tales como DNA-seq y RAN_seq. Se dedicará una sesión adicional al análisis de datos metagenómicos. El conocimiento de los comandos básicos de Linux y R es muy recomendable.

Dado que es un curso de corta duración, el requerimiento de conocimientos previos y el número limitado de cupos, se realizará un proceso de admisión en base a experiencia y aplicabilidad del taller (Se enviará al correo electrónico de los interesados un cuestionario de inscripción para ser diligenciado).

Fecha límite de inscripción: 31 de agosto del 2018

Fecha de comunicación de aceptación: 04 de septiembre del 2018

Fecha límite de pago: 07 de septiembre del 2018

INSTRUCTORES

ALEJANDRO REYES

Ph.D. en Biología Computacional y Biología de Sistemas de Washington University en San Luis, Estados Unidos. Director del Grupo de Investigación en Biología Computacional y Ecología Microbiana (BCEM) de la Universidad de los Andes. Alejandro aplica la Biología Computacional en el desarrollo de herramientas para análisis de datos derivados de tecnologías actuales de estudios ómicos (genómicos, transcriptómicos, metabolómicos, etc.) para caracterizar comunidades microbianas y sus interacciones con el medio ambiente, incluyendo comunidades asociadas al humano y las implicaciones para la salud pública.



CLAUDIA CHICA

Ph.D. en Biología Computacional (European Biology Laboratory-Alemania). Actualmente es Senior bioinformatician en el Hub de Bioinformatics and Biostatistics-C3BI del Institut Pasteur y responsable del grupo experto de Transcriptómica y Epigenómica. Claudia está interesada en el estudio evolutivo de la emergencia, el almacenamiento y la modulación de la información en los sistemas biológicos. Colabora en proyectos que implican el análisis y la integración de múltiples tipos de datos HTS (ChIP-seq, ATAC-seq, RNA-seq) con el objetivo de la cuantificar los factores claves en la regulación de la expresión génica.



NATALIA PIETROSEMOLI

Ph.D. en Biología Computacional (School of Bioengineering of Rice University-EE.UU.). Durante su doctorado Natalia estudió el rol funcional y evolutivo de las proteínas intrínsecamente desordenadas en la plasticidad de las redes de regulación celular. Actualmente es Senior bioinformatician en el Hub de Bioinformatics and Biostatistics-C3BI del Institut Pasteur y está especialmente interesada en la integración de diferentes datos ómicos, tanto a gran como pequeña escala. Natalia es la responsable del grupo experto de Genómica funcional y coordina varios proyectos donde se aplica el análisis funcional para disminuir la complejidad de los resultados a nivel genómico y aumentar así su valor interpretativo.



Costo 350 USD
Cupos limitados

Este taller es ejecutado en el marco de las investigaciones del proyecto PIC-14-CENAIM-003 "Desarrollo e implementación de métodos de control y prevención de enfermedades en especies acuáticas de uso comercial y uso potencial en maricultura y repoblación".

CONTACTOS INSCRIPCIÓN
lrestrep@espol.edu.ec
lsbajana@espol.edu.ec

Workshop Program

Introduction to Linux (13/09/2018)

| Time | Activity |
|------------------------|--|
| 8:00 a.m. - 8:30 a.m. | Welcome / Registration |
| 8:30 a.m. - 12:30 p.m. | Presentation of the course [T] Introduction to Linux [T] |
| 2:00 p.m. - 6:00 p.m. | Introduction to basic commands [T/P] Introduction to scripts construction [T/P] |

Introduction to R (14/09/2018)

| Time | Activity |
|------------------------|--|
| 8:30 a.m. - 12:30 p.m. | Introduction to R [T] Some basics statistics/probability concepts; Particularities of distributions, etc. [T] |
| 2:00 p.m. - 6:00 p.m. | Introduction to basic commands in R [T/P] Introduction to exercises in R [T/P] |

Introduction High-Throughput Sequencing Technologies HTS (17/09/2018)

| Time | Activity |
|------------------------|---|
| 8:30 a.m. - 12:30 p.m. | Introduction to HTS/NGS technologies (Illumina, PacBio, NanoPore, etc.) [T] Some basics statistics/probability concepts; Particularities of HTS sampling; underlying distributions, etc. [T] |
| 2:00 p.m. - 6:00 p.m. | Quality analysis (error and bias of different technologies, quality metrics in sequencing, etc.) [T/P] Introduction to file formats (FASTA, SAM, BED, BAM...) [T/P] |

Alignment and mapping (18/09/2018)

| Time | Activity |
|------------------------|---|
| 8:30 a.m. - 12:30 p.m. | Alignment and mapping and algorithms [T] Mapping against a reference - Mapping for cleaning contaminants [P] |
| 2:00 p.m. - 6:00 p.m. | Assembly [T/P] |

Transcriptomics and Visualization (19/09/2018)

| Time | Activity |
|------------------------|--|
| 8:30 a.m. - 12:30 p.m. | Transcriptomics: Expression quantification, differential analysis [T/P] Transcriptomics: Splice variants analysis [T/P] |
| 2:00 p.m. - 6:00 p.m. | Visualization of datasets in the genome browser IGV [P] |

Functional Annotation (20/09/2018)

| Time | Activity |
|------------------------|--|
| 8:30 a.m. - 12:30 p.m. | Introduction to Gene set analysis: Over Representation Analysis & Functional Class Score [T/P] |
| 2:00 p.m. - 6:00 p.m. | Introduction to Gene set analysis: Comparison of Gene Set analysis methods [T/P] |

Metagenomics (21/09/2018)

| Time | Activity |
|------------------------|---|
| 8:30 a.m. - 12:30 p.m. | Introduction to metagenomics [T] Introduction to Qiime [T/P] |
| 2:00 p.m. - 6:00 p.m. | Metagenomic analysis [T/P] |