

# I Curso Secuenciación masiva de microorganismos. Aplicaciones prácticas

*Fecha: 27 y 28 de marzo de 2023*

Valladolid

### Destinatarios:

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

### Organiza:

- Instituto Tecnológico Agrario (ITACyL). Junta de Castilla y León.
- Instituto de Ciencias de la Salud de Castilla y León (ICSCYL).

### Coordina:

Dra. Marta Hernández Pérez.

*Veterinaria. Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León.*

### Duración y formato:

16 horas.

### Lugar:

Edificio LUCIA. Laboratorio COVID. Universidad de Valladolid (UVa).  
Paseo de Belén, 19, 47011 Valladolid.

### Matrícula:

150€ (incluye café).

### Inscripción:

15 plazas. Exclusivamente Online a través de la web:

[www.icscyl.com](http://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](http://www.icscyl.com)

Email: [informacion@icscyl.com](mailto:informacion@icscyl.com)

## Objetivos:

### General:

Introducción a la secuenciación masiva (NGS, HTS) a través de aplicaciones prácticas y una aproximación al análisis bioinformático de datos e interpretación de los resultados. El curso se imparte por parte de investigadores que actualmente están trabajando con estas técnicas y personal de empresas que comercializan los equipos y materiales.

El asistente a este curso deberá adquirir los conocimientos que permitan discriminar entre las nuevas técnicas de secuenciación masiva, para qué sirven y como realizarlas en el laboratorio. Se formará de manera práctica en la realización de librerías para obtener genoma completo microbiano y estudios de ecología por amplificación del gen 16S RNAr. Se indicará brevemente los principales programas de tratamiento de datos desde el análisis de la calidad de lectura, edición y análisis de los archivos hasta la interpretación de resultados.

### Específicos:

- Uso de técnicas HTS.
- Tratamiento de datos genómicos.
- Bioinformática de genomas.

## Patrocina:

**illumina**<sup>®</sup>

## Programa:

### 27 marzo 2023

**9:00h Bienvenida y presentación del curso.** (Sala)

*Dr. Jose M<sup>a</sup> Eiros. Catedrático de Microbiología en la Universidad de Valladolid y Jefe de Servicio de Microbiología en el Hospital Universitario Río Hortega. Director del Centro Nacional de la Gripe.*

**9:15h Introducción a la secuenciación masiva. Conceptos básicos genómica. Las tecnologías de secuenciación.** (Sala)

*Dra. Marta Hernández Pérez. Investigadora en ITACyL.*

**10:15h Introducción al análisis de datos. Formatos de archivos de secuenciadores. Introducción a Linux.** (Sala)

*Dr. David Abad García. Técnico bioinformático en ITACyL.*

**11:15h Pausa-Café.** (Sala desayuno)

**12:00h Aplicaciones prácticas: secuenciación de genoma completo microbiano.** (Sala)

*Dra. Marta Hernández Pérez. Investigadora en ITACyL.*

**13:00h Comida.** (Libre)

**15:00h Preparación de librerías WGS.** (Laboratorio)

*Dña. Sonia García Díaz. Técnico Superior en Laboratorio de Diagnóstico Clínico. HCUV.*

**17:00h Análisis bioinformático de genoma completo. Ejercicio práctico de análisis de resistoma en genomas microbianos.** (Sala)

*Dr. David Abad García. Técnico bioinformático en ITACyL.*

**18:30h Fin de la jornada.**

### 28 marzo 2023

**9:00h Next Generation Sequencing (NGS) before, during and after COVID 19 pandemic.** (Sala)

*Dr. Josep Quer, VHIR Barcelona*

**10:00h Comprehensive Microbiology solutions + QA.** (Sala)

*D. Julen Ortiz de Zarate, Microbiology Sales Specialist /Dr. Victor Sarachaga, TSS, Illumina*

**11:15 h. Pausa-Café.** (Sala desayuno)

**12:00 h. Limpieza de librerías y preparación de pool.** (Laboratorio)

*Dña. Sonia García Díaz. Técnico Superior en Laboratorio de Diagnóstico Clínico. HCUV.*

**13:00 h. Comida.** (Libre)

**15:00 h. Aplicaciones prácticas: secuenciación microbiota 16S rRNA.** (Sala)

*Dra. Marta Hernández Pérez. Investigadora en ITACyL.*

**16:00 h. Análisis bioinformático del gen 16S RNAr. Ejercicio práctico de asignación taxonómica.** (Sala)

*Dr. David Abad García. Técnico bioinformático en ITACyL.*

**17:00 h. Funcionamiento y carga del secuenciador.** (Laboratorio)

*Dña. Sonia García Díaz. Técnico Superior en Laboratorio de Diagnóstico Clínico. HCUV.*

**18:30 h. Fin de la jornada.**