

DATOS GENERALES

Curso académico

Tipo de curso	Certificado Universitario
Número de créditos	3,00 Créditos ECTS
Matrícula	350 euros (importe precio público)
Requisitos de acceso	Licenciados o Graduados en titulaciones relacionadas con el campo de la Biología o la Biomedicina. Ingenieros o Ingenieros técnicos con algún conocimiento de Biología.
Modalidad	Presencial
Lugar de impartición	Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunitat Valenciana (FISABIO), Avda. de Catalunya, 21. 46020 Valencia
Horario	Lunes 19 de Junio de 2017 a jueves 22 de Junio de 2017 de 9 a 13h y de 14.30 a 17.30 y viernes 23 de junio de 2017 de 9 a 13h

Dirección

Organizador	Departament de Genètica
Patrocinador	Cátedra FISABIO de Investigación Biomédica
Dirección	Francisco J. Silva Moreno Catedrático/a de Universidad. Departament de Genètica. Universitat de València Giuseppe D'Auria Coordinador Servicio Secuenciación y Bioinformática. Fundació per el Foment de la Investigació Sanitària i Biomèdica de la CV (FISABIO)

Plazos

Preinscripción al curso	Hasta 02/06/2017
Fecha inicio	Junio 2017
Fecha fin	Junio 2017

Más información

Teléfono	961 603 000
E-mail	informacion@adeituv.es

PROGRAMA

Basic Computational Skills for Genomic Analysis

Next generation sequencing technologies. NGS in comparative genomics and microbial ecology. NGS Bioinformatics formats, managing data. Genome Assembly and mapping. Installing a Linux system. Unix commands. From office automation to computation for NGS. One command line pipelines. Introduction to R. R data formats and operations. R programming for bioinformatics. Student Project, Tests and questionnaires.

PROFESORADO

Alejandro Artacho Pérez

Estadístico. Máster en Bioinformática

Pascual Vicente Asensi Belloch

Informática Escala Técnica Básica. Departament de Prehistòria i Arqueologia. Universitat de València

Giuseppe D'Auria

Coordinador Servicio Secuenciación y Bioinformática. Fundació per el Foment de la Investigació Sanitària i Biomèdica de la CV (FISABIO)

Rosario Gil García

Profesor/a Titular de Universidad. Departament de Genètica. Universitat de València

David Pérez Villarroya

OBJETIVOS

Las salidas profesionales que tiene el curso son:

Investigación básica y aplicada en entidades públicas o privadas donde se necesite estudios relacionados con la secuenciación masiva

Aprendizaje de:

- Métodos de secuenciación masiva
- Aplicación de métodos de secuenciación masiva para genómica, metagenómica y taxonomía bacteriana
- Instalación sistema Linux
- Fundamentos de bash y comandos básicos
- Creación pipelines
- Fundamentos de R y comandos básicos
- Programación básica en bioinformática
- Mapeo de genomas, ensamblado y asignación taxonómica bacteriana

METODOLOGÍA

- Clases magistrales
- Prácticas individuales
- Lectura material bibliográfico y manuales