

Más información:

Este seminario es una introducción a los aspectos básicos del análisis bioinformático de datos de secuenciación masiva (NGS) obtenidos principalmente mediante tecnologías Illumina. En primer lugar, se describirán los conceptos básicos del análisis de novo orientado a caracterización de nuevos genomas y transcriptomas (aquellos secuenciados por vez primera sobre los cuales no hay referencia conocida). Abordaremos también los fundamentos del análisis RNAseq y/o VariantSeq a partir de datos de re-secuenciación usando secuencias de referencia (transcriptomas o genomas) previamente caracterizados. Aunque los análisis de novo y los de re-secuenciación tienen pasos comunes, estos difieren en que los primeros se basan principalmente en protocolos de ensamblaje y anotación mientras que los segundos utilizan técnicas de mapeo y análisis comparativo, bien mediante análisis de expresión y enriquecimiento diferencial (en el caso de RNAseq) o mediante llamada y anotación de variantes (en el caso de VariantSeq). El seminario pretende igualmente facilitar que el asistente se introduzca en los pasos básicos y las herramientas más comunes que definen el estado del arte actual en los flujos de trabajo y/o los pipelines que se usan habitualmente en este tipo de análisis.

Carlos Llorens es doctor por la Universidad de Valencia en Biodiversidad y Evolución molecular. El recorrido profesional de Carlos Llorens se centra en la empresa de investigación bioinformática Biotechvana, una spin-off de la Universidad de Valencia fundada en 2006 por Carlos de la cual es actualmente el investigador principal. La investigación de Carlos lógicamente versa sobre la Bioinformática y Biología Computacional. Su experiencia abarca dos áreas de trabajo, desarrollo software y análisis de datos. Como desarrollador, ha desarrollado distintas aplicaciones software como el proyecto GPRO y bases de datos como Gypsy(GyDB) de virus y elementos genéticos móviles. Respecto al análisis de datos y dado la vocación de servicios de las empresas bioinformáticas en el área de análisis de datos, Carlos ha trabajado en múltiples proyectos de secuenciación analizando todo tipo de datos omicos. Carlos es también autor y co-autor de diversos artículos de investigación.

Para más detalle consúltese:

<https://scholar.google.es/citations?user=1FT8sysAAA&hl=es>