

**CURSO PRÁCTICO DE BIOINFORMÁTICA
SERVICIO DE GENÓMICA COMPUTACIONAL**

**Interpretación de resultados de secuenciación masiva:
ChIP-seq, RNA-seq y Detección de mutaciones**

18-21 de noviembre 2013, CNB-CSIC

DESCRIPCIÓN DEL CURSO

Curso gratuito, dirigido a cualquier estudiante, investigador o técnico del CNB, con conocimientos básicos de Biología Molecular y Genética, e interesado en la tecnología de secuenciación masiva. El curso será impartido en castellano.

Se introducirán los conceptos básicos **sobre la tecnología de secuenciación masiva** y sus aplicaciones más populares. Se explicarán los tipos de archivos de resultados más habituales y se enseñarán aplicaciones bioinformáticas para su manejo, visualización e interpretación.

IMPORTANTE: En la parte práctica del curso NO se enseñarán métodos bioestadísticos de generación de resultados. El punto de partida consistirá en resultados ya obtenidos a partir de datos de experimentos reales. El objetivo principal del curso es enseñar a los usuarios finales de esta tecnología a **diseñar experimentos y sacar partido de los resultados obtenidos**.

REQUISITOS

Soltura en el manejo de ordenadores personales, con capacidad de instalar aplicaciones, crear y editar archivos de texto, y manejo de hojas de cálculo tipo Excel. **NO son necesarios conocimientos de bioinformática.**

Cada alumno deberá aportar su propio **ordenador portátil** con las siguientes características:

- Cualquier sistema operativo (Windows, Linux o Mac).
- Al menos 2 GB de memoria RAM,
- Al menos 100 GB de disco duro libre,
- Microsoft Excel (o programa similar) instalado.
- El alumno debe contar con permisos para instalar aplicaciones.

FECHAS Y LUGAR

- DÍAS: Lunes 18 de noviembre de 2013 - Jueves 21 de noviembre de 2013
- HORARIO: 10:30 am - 13:30 pm.
- LUGAR: Sala de formación del CNB-CSIC (Sala B, en el hall).

Juan Carlos Oliveros
Servicio de Genómica Computacional, CNB-CSIC