

## Cronograma de Actividades

**Curso: Más allá de las secuencias: Análisis de datos de secuenciación masiva con STACKS.**

FECHA	HORA	TEMA	EXPOSITOR
Lunes 27 de mayo, 2024	09:00 – 11:00 11:00 – 11:10 11:10- 13:00  13:00 – 14:00 14:00 – 14:30 14:30 – 16:30	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. Breve introducción: ácidos nucleicos y dogma central</li> <li>2. Elaboración de librerías ddRAD</li> <li>3. Tecnologías de secuenciación (énfasis Illumina)               <ol style="list-style-type: none"> <li>3.1 Plataformas Illumina</li> <li>3.2 Proceso de secuenciación SBS</li> <li>3.3 Formato de datos.</li> </ol> </li> <li>Descanso</li> <li>4. Introducción a Linux               <ol style="list-style-type: none"> <li>4.1 Comandos básicos</li> <li>4.2 ¿Cómo conectarse al servidor? (Terminal y Putty)</li> <li>4.3 ¿Cómo transferir archivos al servidor? Filezilla</li> <li>4.4 Visualización de datos Illumina ¿Qué significa cada línea?</li> </ol> </li> </ol> <p>Práctica: Conexión con el servidor, comandos básicos, transferir archivos</p>	Dr. Fausto Valenzuela Quiñonez
Martes 28 de mayo, 2024	09:00 – 11:00 11:00 – 11:10 11:10- 13:00  13:00 – 14:00 14:00 – 14:30 14:30 – 16:30	<ol style="list-style-type: none"> <li>5. Introducción a STACKS               <ol style="list-style-type: none"> <li>5.1 ¿Qué es y para qué sirve?</li> <li>5.2 Descripción de archivos de entrada (Raw reads, barcodefile, Popmap)</li> <li>5.3 Organización de directorios</li> </ol> </li> <li>Descanso</li> <li>6. <i>Denovo</i> assembly               <ol style="list-style-type: none"> <li>6.1 Descripción de módulos y parámetros principales en STACKS (<i>Process radtags, ustacks, cstacks, tsv2bam, gstacks, populations</i>) – <i>denovo.pl</i></li> </ol> </li> </ol>	Dra. Paulina Mejía Ruíz

## Cronograma de Actividades

		Práctica: Obtención de genotipos <i>denovo</i> con datos de abulón azul ( <i>Haliotis fulgens</i> ) en tres localidades.	
Miércoles 29 de mayo, 2024	09:00 – 11:00 11:00 – 11:10 11:10- 13:00  13:00 – 14:00 14:00 – 14:30  14:30 – 15:30  15:30- 16:30	7.1 Introducción a Burrows-Wheeler Transformation (BWT) 7.2 Burrows-Wheeler Aligner (BWA) 7.2.1 Generación de <i>Index</i> 7.2.2 Alineamiento a genoma de referencia Descanso 7.3 Revisión general de parámetros de alineamientos (SAMTOOLS) 7.4 STACKS: 7.4.1 Módulo <i>ref_map.pl</i> 7.4.2 Módulo <i>populations</i> 7.5 Obtención de genotipos Práctica: <i>Haliotis fulgens</i>	M. en C. Jorge Alberto Mares Mayagoitia
Jueves 30 de mayo, 2024	09:00 – 11:30  11:30 – 13:00  13:00 – 14:00 14:00 – 14:30 14:30 – 16:00 16:00 - 16:30	Breve exposición y discusión de los resultados de genotipos obtenidos <i>denovo</i> y con genoma de referencia. Preguntas: ¿Cuántos SNPs se obtuvieron <i>denovo</i> y con genoma de referencia? ¿Cuál es el efecto de los parámetros mayores -m,-n,-M,-r,-p? ¿Qué pasa con los datos faltantes? Descanso Breve ejemplo de estructura (DAPC) Discusión de Casos de Estudio Evaluación Final de conocimientos generales en google forms.	Dr. Fausto Valenzuela Quiñonez Dra. Paulina Mejía Ruíz M. en C. Jorge Alberto Mares Mayagoitia