

# VII CURSO GENÓMICA DEL CÁNCER

**Oviedo/Uviéu, 15 – 17 de OCTUBRE de 2025**

El continuo avance de las técnicas de secuenciación masiva, junto a la reducción de costes que han experimentado en los últimos años, ha generalizado su empleo tanto en los laboratorios de investigación básica como en aquellos con una orientación más traslacional y clínica. Aunque se han iniciado programas de medicina de precisión genómica con el objetivo de trasladar los avances en este campo a la práctica clínica, una de las principales limitaciones en este campo radica en la falta de personal con conocimientos en el análisis de este tipo de datos. Por esta razón, el objetivo del curso es proporcionar a personal investigador (estudiantes predoctorales, postdoctorales, técnicos de servicios, etc) una introducción a las tecnologías de alto rendimiento principales de la genómica del cáncer y a los retos de trabajar con datos biológicos/clínicos. El curso servirá para conocer las tecnologías que permiten el análisis de datos genómicos en la investigación biomédica, tanto para el desarrollo de proyectos de investigación clínico-traslacionales, como para su implementación en la práctica clínica. El curso pretende abordar de una manera teórico-práctica dos de los principales tipos de análisis más demandados: el **análisis de genomas tumorales para la identificación de mutaciones somáticas** (mutaciones puntuales, indels, alteraciones en el número de copia, translocaciones,...) así como el **análisis de datos de RNA-seq** (expresión génica diferencial, enriquecimiento de rutas,...).

De acuerdo a las sugerencias recibidas en las ediciones anteriores, y dado que parte del alumnado no tiene experiencia en el **manejo de sistemas Linux** y línea de comando, este año el curso se iniciará con un bloque dedicado a la introducción al trabajo en línea de comando en sistemas Linux, lo cual se considera que redundará en la formación y aprovechamiento del curso, así como **ambientes de Conda y manejo de contenedores tipo Docker**, que serán empleados en el resto del curso.

La realización de esta séptima edición del curso permite abordar aspectos de gran importancia y actualidad para la investigación traslacional y clínica, con un profesorado con reconocida experiencia en el desarrollo y manejo de herramientas para el análisis genómico en cáncer.

El curso tendrá lugar en el Edificio Severo Ochoa de la Universidad de Oviedo (C/Fernando Bongera s/n, 33006 Oviedo/Uviéu). Información: [quesadavictor@uniovi.es](mailto:quesadavictor@uniovi.es)

La **preinscripción estará abierta hasta el 30 de marzo** utilizando el siguiente enlace:

**<https://forms.office.com/e/iggGbun3ma>**

## Programa

Miércoles 15			
	Hora	Tema	Ponente
	15:00 – 15:30	Bienvenida e introducción al curso	<b>Xose S. Puente</b> Universidad de Oviedo/IUOPA
Linux	15:30 – 17:00	Sistemas Linux y trabajo en línea de comando	<b>Víctor Quesada</b> Universidad de Oviedo/IUOPA
	17:00 – 17:30	Pausa y café	
Linux	17:30 – 20:00	Ambientes Conda y contenedores tipo Docker	<b>Víctor Quesada</b> Universidad de Oviedo/IUOPA
Jueves 16			
DNA-seq	9:00 – 11:00	Whole-Genome Sequencing (WGS)	<b>Xose S. Puente</b> Universidad de Oviedo/IUOPA
	11:00 – 11:30	Pausa y café	
DNA-seq	11:30 – 13:30	Tipos de alteraciones en genomas tumorales Somatic calling	<b>Xose S. Puente</b> Universidad de Oviedo/IUOPA
	13:30 – 15:00	Comida	
DNA-seq	15:00 – 16:00	Somatic Calling: continuación	<b>Víctor Quesada</b> Universidad de Oviedo/IUOPA
DNA-seq	16:00 – 17:00	Taller de Isabl (I): Creación de proyectos, registro de muestras y primeras acciones	<b>Pablo Bousquets Muñoz</b> The Institute of Cancer Research (UK)
	17:00 – 17:30	Pausa y café	
DNA-seq	17:30 – 19:00	Taller de Isabl (II): Análisis e interpretación de mutaciones	<b>Pablo Bousquets Muñoz</b> The Institute of Cancer Research (UK)
DNA-seq	19:00 – 20:00	Filtrado de datos y selección de variantes de interés en oncología	<b>Xose S. Puente</b> Universidad de Oviedo/IUOPA

<b>Viernes 17</b>			
	<b>Hora</b>	<b>Tema</b>	<b>Ponente</b>
RNA-seq	9:00 – 10:00	Conceptos generales y diseño experimental	<b>Jaime Martínez</b> CNIO
RNA-seq	10:00 – 11:00	Control calidad y mapeo de lecturas	<b>Jaime Martínez</b> CNIO
	11:00 – 11:30	Pausa y café	
RNA-seq	11:30 – 12:30	Ensamblaje de transcritos y cuantificación	<b>Jaime Martínez</b> CNIO
RNA-seq	12:30 – 13:30	Expresión diferencial	<b>Jaime Martínez</b> CNIO
	13:30 – 15:00	Comida	
RNA-seq	15:00 – 16:00	Gene Ontology y análisis de rutas	<b>Ramón García Escudero</b> CIEMAT
RNA-seq	16:00 – 17:00	Gene set enrichment analysis (GSEA)	<b>Ramón García Escudero</b> CIEMAT
RNA-seq	17:00 – 18:00	Preguntas, dudas y despedida	