



# Estrategias para el análisis de datos de metagenómica y metatranscriptómica

Octubre 14 y 15

Participantes del Congreso: \$50

No participantes: \$100



Con el desarrollo de las tecnologías, la capacidad de obtención de datos ha aumentado significativamente en los últimos 10 años. La estructura y funcionamiento de los seres vivos puede ser caracterizada con alta precisión y costos cada vez más bajos, mediante el uso de plataformas que permiten generar grandes cantidades de datos de genes, proteínas y metabolitos.

El presente curso pretende abarcar las estrategias más importantes de análisis de datos masivos para estudios de metagenómica y metatranscriptómica. Se utilizarán datos reales obtenidos de sistemas modelos que pueden luego ser extrapolados a otros estudios.

## INSTRUCTOR



Hui Ling (Sunny) - Liao  
DUKE UNIVERSITY, EE.UU.

### Hui-Ling (Sunny) Liao

Sunny es asociada post doctoral en el área de Metatranscriptómica en Duke University. Sus trabajos de investigación se destacan por el uso de herramientas bioinformáticas en estudios genéticos de micorrizas.

