**PRUEBA ESTANDARIZADA DE SECUENCIAMIENTO MASIVO** **(Next-Generation Sequencing, NGS)**

**Nombres y Apellidos: …………...............................................................**

**Expositor:** Student PhD & MSc. Ronald Eleazar Huarachi Olivera

**Organizador y Coordinador:** Dr. Antonio Mateo Lazarte Rivera

**LABORATORIO DE BIOTECNOLOGÍA CELULAR Y MOLECULAR AVANZADA (LAB-BIOTCEMA); ESCUELA PROFESIONAL DE BIOLOGÍA; UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN AGUSTÍN; AREQUIPA-PERÚ**

**INDICACIONES:**

* El estudiante deberá responder eficientemente el control, el cuál se asignará una nota de 0 a 20, donde la mínima nota aprobatoria corresponde a 10.5 y la máxima nota aprobatoria corresponde a 20.
* La nota aprobatoria de 10,5 a 20.
* Durante la búsqueda de información en inglés, se recomienda de que el participante interprete correctamente sus respuestes, no solamente traducir de inglés al español, sino que el participante deberá interpretar su respuesta de manera correcta.
* El estudiante deberá enviar el control (en Word) al correo electrónico: [workshop.biol.molecular@gmail.com](mailto:workshop.biol.molecular@gmail.com) con el siguiente título o código **“2preworkSecMasiva\_NOMBRE\_APELLIDO”** a más tardar el lunes 24 de Febrero hasta las 20:00 hrs.

RESPONDA CLARAMENTE LAS SIGUIENTES PREGUNTAS CITANDO REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS (puede basarse en las diapositivas del curso). OJO: NO SERÁN EVALUADAS LAS PRUEBAS CLONADAS. RESUELVA PERSONALMENTE. SI DESEA TAMBIEN PUEDE ENVIAR CAPTURA DE PANTALLA, CON LA FINALIDAD DE SABER QUE UD. RESOLVIO LA PRUEBA ESTANDARIZADA.

**1.- ¿Mencione las diferencias más relevantes entre la 1era, 2da y 3era generación de secuenciación (1 punto)**

**2.- ¿Cuáles son las ventajas y desventajas que ofrece cada una de las técnicas de la 1era secuenciación?. Explique detalladamente. Si desea hacer un esquema propio. Hágalo (1 punto).**

**3.- Con respecto al largo de lectura de la secuenciación de Sanger. ¿Cual es el máximo largo de lectura que ofrece ILLUMINA, y que ventaja nos ofrece esta tecnología, a diferencia de la secuenciación de Sanger?(1 punto)**

**4.- Mencione claramente en que se basa la aproximación pública y privada (1 punto)**

**5.- ¿Cuando llega el secuenciamiento masivo? ¿ILLUMINA es una máquina? (1 punto)**

**6.- Cuando aparece la secuenciación masiva. Con respecto a los costos ¿Qué hubiese sucedido si hubiésemos seguido la ley de Moore? (1 punto)**

**7.- ¿Mencione cuáles son las tecnologías Seq? Y cuál es la más popular? Y de que depende el tipo de tecnología que nos interesa secuenciar? (1 punto)**

**8.- Mencione detalladamente cuales son las metodologías previas a la secuenciación en ILLUMINA (1 punto)**

**9.- ¿Cuál es la diferencia entre ILLUMINA y Pirosecuenciación? ¿Cual nos conviene usar?(1 punto)**

**10.- ¿Cómo funciona la protonsecuenciación a diferencia de la pirosecuenciación? ¿Y que ventaja nos ofrece la protonsecuenciación a diferencia de otras plataformas con respecto al largo de la lectura? (1 punto)**

**11.- ¿Cómo funciona la secuenciación por ligación? Y porque no tuvo mucho éxito esta tecnología? (1 punto)**

**12.- Con respecto a PacBio o secuenciamiento de una sola molécula en tiempo real ¿Por qué nos resulta muy ventajoso hacer metagenómica, por ejemplo con el gen taxonómico 16S? Mencione alguna publicación en WOS donde se realizó la secuenciación con metagenómica(2 puntos)**

**13.- ¿Mencione detalladamente en que consiste esta última tecnología de secuenciación como el nanopore Oxford? ¿Mencione de manera resumida 1 publicación del Web of Science(WOS), donde se utiliza esta nueva tecnología? Ya sea en metagenómica o transcriptómica de cualquier línea biológica (OJO: Realizar cita bibliográfica) (2 puntos)**

**14.- Garo Arakelián egresado de la Escuela Profesional de Biología de la UNSA se ganó una beca de tesis de pregrado en el *laboratorio de Genómica Aplicada y Biocomputación* de la Universidad Mayor de Chile. El primer día que llega al laboratorio, su tutor de pasantía le dice que en su tesis secuenciará el genoma de la línea biológica *Danio rerio* usando el RNAseq cuyo tamaño del genoma es 4.5 Gb. Debido a que no todo es codificante, todo el material RNAm es de 2 Gb, entonces** **al realizar la preparación de la biblioteca con ese Gb el ILLUMINA lo fragmentó en pedacitos de 100 nucleótidos. ¿Cuántas lecturas de modificación bruta se deberá conseguir durante la secuenciación? Explique detalladamente su respuesta (5 puntos).**