

Supercomputación Castilla y León **SCAYLE**

Curso Práctico Avanzado del
uso de la **Supercomputación**
aplicado a la **Metagenómica** y
Genómica comparada

Dirección y coordinación académica

Supercomputación Castilla y León (SCAYLE), Oficina Técnica.

Objetivos

Este curso está destinado a profundizar en los métodos de análisis metagenómico para sacar todo el partido posible de las secuencias.

La primera parte está enfocada en métodos de ensamblaje híbridos, combinando diferentes tipos de secuencias, especialmente secuencias largas y cortas. En a segunda parte se trabajará en profundidad con los resultados de binning, para poder recuperar con gran precisión genomas muy completos a partir del metagenoma. Se enseña como depurar los bins, como completarlos, y como combinar resultados de diferentes métodos. La tercera y última parte se centra en el análisis estadístico de los resultados, usando R para obtener asociaciones entre abundancias de taxones/genes/rutas metabólicas y tipos de muestra, por ejemplo condiciones ambientales o parámetros clínicos.

Destinatarios

El curso está dirigido a investigadores interesados en estudios genómicos, a profesionales del sector de las Ciencias Computacionales, Biología y/o Biotecnología relacionados con el diagnóstico genético y a Alumnos Universitarios (titulaciones técnicas del ámbito experimental y/o económico) de posgrado y, en general, cualquier persona afín a la temática tanto en la dimensión de la investigación, como de la innovación y el desarrollo.

Número de Plazas 20

Reconocimiento de créditos de Libre Elección Curricular y ECTS por la Universidad de León - Pendiente

Libre Elección Curricular - LEC: **3,6 créditos**.

European Credit Transfer and Accumulation System (Sistema Europeo de Transferencia y Acumulación de Créditos) - ECTS: **1,8 créditos**.

Asistencia mínima para obtención de certificado de aprovechamiento 80%.

Se realizará prueba de evaluación sobre los conocimientos adquiridos.

Duración 36 horas

Fecha

Del **5 al 9 de noviembre de 2018**

Horario

- Lunes a Jueves 9:00 a 14:00 y de 15:30 a 18:30 horas.
- Viernes de 9:00 a 13:00 horas.

Lugar

Edificio CRAI-TIC, Campus de Vegazana, Universidad de León.

Idioma Español.

Importe matrícula

450 €/curso.

Nº de cuenta: ES88 2108 4292 26 0033510978.

CÓDIGO SWIFT: CSPAES2LXXX

Inscripción

www.scayle.es/formacion

El plazo de Inscripción finalizará una semana antes del comienzo del curso.

Una vez realizada la inscripción, el alumno dispone de un plazo de 7 días para realizar el ingreso de la cuota del curso y formalizar la matrícula, en caso contrario la reserva será anulada.

La adjudicación de las plazas será por riguroso orden de formalización de la matrícula.

Profesorado

Cristina Esteban Blanco.

Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria de la Universidad de León.

Fernando Puente Sánchez

Centro Nacional de Biotecnología (CNB), Madrid.

Giuseppe D'Auria.

Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunitat Valenciana. (FISABIO), Valencia.

Javier Tamames de la Huerta.

Centro Nacional de Biotecnología (CNB), Madrid.

CONTENIDOS

5 de noviembre de 2018 - Ensamblaje avanzado - Giuseppe D'Auria

Recepción de Alumnos y Entrega de Documentación.

09:00	Inauguración del Curso.
09:10 - 09:45	Introducción a la secuenciación de tercera generación.
09:45 - 11:15	Control de calidad de secuencias de tercera generación tipo Oxford Nanopore (Minlon)
11:15 - 11:45	Pausa.
11:45 - 13:00	Ensamblajes mixtos: PacBio/Illumina/Minlon.
13:00 - 14:00	Ensamblado de secuencias largas (tercera generación).
14:00 - 15:30	Descanso.
15:30 - 16:30	Corrección de errores con secuencias cortas (segunda generación).
16:30 - 17:30	Acabado del ensamblado.
17:30 - 18:30	Anotación funcional del ensamblado.

6 de noviembre de 2018 - Binning avanzado - Javier Tamames de la Huerta

09:00 - 11:00	Depuración de bins: Detección de contigs no pertenecientes al bin; Reclutado de nuevos contigs.
11:00 - 11:30	Pausa.
11:30 - 14:00	Combinación de métodos de binning.
14:00 - 15:30	Descanso.
15:30 - 18:30	Anotación metabólica de bins.

7 de noviembre de 2018 - Análisis avanzado de metagenomas - Fernando Puente Sánchez

09:00 - 12:00	Manejo de R.
12:00 - 12:30	Pausa.
12:30 - 14:00	Manejo de R (continuación).
14:00 - 15:30	Descanso.
15:30 - 18:30	Detección de funciones metabólicas con abundancia diferencial en conjuntos de metagenomas/metatranscriptomas con R/DeSeq2

8 de noviembre de 2018 - Análisis avanzado de metagenomas (continuación) - Fernando Puente Sánchez

09:00 - 12:00	Análisis multivariante y redes de co-abundancia.
12:00 - 12:30	Pausa
12:30 - 14:00	Análisis multivariante y redes de co-abundancia (continuación).
14:00 - 15:30	Descanso.
15:30 - 18:30	Caso práctico 1: Búsqueda de auxotrofías en biosíntesis de aminoácidos y vitaminas en bins metagenómicos

9 de noviembre de 2018 - Análisis avanzado de metagenomas (continuación) - Fernando Puente Sánchez

09:00 - 11:00	Caso práctico 2: Caracterización de genes de transportadores de membrana.
11:00 - 11:30	Pausa.
11:30 - 13:00	Caso práctico 3: Modelado conceptual de comunidades microbianas a partir de datos metagenómicos.
13:00	Clausura del curso.
13:15	Visita al Superordenador Caléndula (voluntario) - Cristina Esteban Blanco.

Organizan



Colaboran

