

# Supercomputación Castilla y León **SCAYLE**

**Curso Práctico de Iniciación** al  
uso de la **Supercomputación**  
aplicado a la **Metagenómica** y  
**Genómica comparada**  
6<sup>a</sup> edición

## Dirección y coordinación académica

Supercomputación Castilla y León (SCAYLE), Oficina Técnica.

## Objetivos

Se proporciona la formación necesaria para el análisis de datos procedentes de técnicas de *Next Generation Sequencing*, centrada particularmente en su aplicación al estudio metagenómico de muestras de diversos ambientes y emplear la supercomputación en la recopilación y ensamblado de los fragmentos de ADN secuenciados, así como su posterior anotación y análisis.

## 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

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.

## Fecha

Del **15 al 19 de octubre de 2018**

## Duración 36 horas

## 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

350 €/curso.

Nº de cuenta: ES88 2108 4292 26 0033510978.

## Inscripción

[www.scayle.es/formacion](http://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.

### **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

### 15 de octubre de 2018 - Seminario de Introducción al uso de la supercomputación aplicado a la Bioinformática

Recepción de Alumnos y Entrega de Documentación.

Inauguración del Curso.

- 09:00 - 10:00**    **Introducción al entorno Linux** - *Cristina Esteban Blanco*.  
· Acceso remoto a Caléndula.  
· Carpetas y ficheros.
- 11:00 - 11:20**    **Pausa.**
- 11:20 - 14:00**    **Introducción al entorno Linux (continuación)** - *Cristina Esteban Blanco*.  
· Permisos.  
· Comandos básicos.
- 14:00 - 15:30**    **Descanso.**
- 15:30 - 18:30**    **Introducción al entorno Linux (continuación)** - *Cristina Esteban Blanco*.  
· Prácticas sobre Caléndula.

### 16 de octubre de 2018 - Análisis de diversidad

- 09:00 - 10:00**    **Control de calidad de las secuencias** - *Giuseppe D'Auria*
- 10:00 - 11:30**    **Asignación taxonómica** - *Giuseppe D'Auria*.
- 11:30 - 12:00**    **Pausa.**
- 12:00 - 14:00**    **Estimación de abundancia** - *Giuseppe D'Auria*.
- 14:00 - 15:30**    **Descanso.**
- 15:30 - 18:30**    **Análisis de datos de taxonomía** - *Giuseppe D'Auria*.

## 17 de octubre de 2018 - Metagenómica

09:00 - 11:00 **Ensamblaje y coensamblaje de metagenomas** - *Javier Tamames de la Huerta.*

11:00 - 11:30 **Pausa.**

11:30 - 13:30 **Predicción de genes y búsqueda de homología** - *Javier Tamames de la Huerta.*

13:30 - 14:00 **Asignación funcional y taxonómica** - *Javier Tamames de la Huerta.*

14:00 - 15:30 **Descanso.**

15:30 - 18:30 **Asignación funcional y taxonómica (continuación)** - *Javier Tamames de la Huerta..*

## 18 de octubre de 2018 - Metagenómica (continuación)

09:00 - 12:00 **Mapping de lecturas sobre contigs para estimar abundancias** - *Javier Tamames de la Huerta.*

12:00 - 12:30 **Pausa**

12:30 - 14:00 **Binning: Separacion de MAGs (genomas de especies individuales)** - *Javier Tamames de la Huerta*

14:00 - 15:30 **Descanso.**

15:30 - 16:30 **Binning: Separacion de MAGs (genomas de especies individuales) (continuación)** - *Javier Tamames de la Huerta.*

16:30 - 18:30 **Reconstrucción de genomas presentes en el metagenoma** - *Javier Tamames de la Huerta..*

## 19 de octubre de 2018 - Metatranscriptómica (RNASeq)

09:00 - 11:00 **Estimación de expresión de genes presentes en el metagenoma** - *Javier Tamames de la Huerta.*

11:00 - 11:30 **Pausa.**

11:30 - 13:00 **Comparación de niveles de expresión en diferentes condiciones** - *Javier Tamames de la Huerta.*

13:00 - 13:15 **Clausura del curso.**

13:15 **Visita al Superordenador Caléndula (voluntario)** - *Cristina Esteban Blanco.*

## Organizan



## Colaboran

