

Supercomputación Castilla y León **SCAYLE**

**Curso Práctico de
Metagenómica y diversidad
microbiana utilizando
Supercomputación**
3^a 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 ECTS por la Universidad de León

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 **17 al 21 de octubre de 2022**

Duración 40 horas

Horario

- Lunes a Jueves 8:30 a 14:00 y de 15:30 a 18:30 horas.
- Viernes de 8:30 a 14:30 horas.

Lugar

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

Idioma Español.

Importe matrícula

450 €/curso.

Nº de cuenta: ES82 2103 4292 8600 3351 0978.

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.

Postdoctoral researcher, Gastrointestinal Genetics Lab, Derio, Vizcaya.

Giuseppe D'Auria.

Cátedra FISABIO-Universidad de Valencia, Valencia.

Javier Tamames de la Huerta.

Centro Nacional de Biotecnología (CNB), Madrid.

17 de octubre de 2022 - Seminario de Introducción al uso de la supercomputación aplicado a la Bioinformática

Recepción de Alumnos y Entrega de Documentación.

Inauguración del Curso.

- 08:30 - 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.

18 de octubre de 2022 - Análisis de diversidad

- 08:30 - 10:00 **Control de calidad de las secuencias** - *Giuseppe D'Auria*
- 10:00 - 10:30 **Introducción a la metataxonomía** - *Giuseppe D'Auria*.
- 10:30 - 11:00 **Pausa.**
- 11:00 - 12:00 **Metataxonomía y secuenciación de segunda y tercera generación** - *Giuseppe D'Auria*.
- 12:00 - 14:00 **Estimación de abundancia** - *Giuseppe D'Auria*.
- 14:00 - 15:30 **Descanso.**
- 15:30 - 18:30 **Análisis de datos de taxonomicos (1)** - *Giuseppe D'Auria*.

19 de octubre de 2022 - Metagenómica

- 08:30 - 10:30 **Análisis de datos de taxonomicos (2)** - *Giuseppe D'Auria*.
- 10:30 - 11:00 **Pausa.**
- 11:00 - 12:00 **Introducción a la plataforma de análisis de metagenomas** - *Javier Tamames de la Huerta*.
- 12:00 - 12:30 **Como decidir que método de análisis seguir** - *Javier Tamames de la Huerta*.
- 12:30 - 14:00 **Ensamblaje y coensamblaje de metagenomas** - *Javier Tamames de la Huerta*.
- 14:00 - 15:30 **Descanso.**
- 15:30 - 16:30 **Predicción de genes y búsqueda de homologías** - *Javier Tamames de la Huerta*.
- 16:30 - 17:30 **Asignación funcional y taxonómica** - *Javier Tamames de la Huerta*.
- 17:30 - 18:00 **Mapeo de lecturas sobre contigs para estimar abundancias** - *Javier Tamames de la Huerta*.
- 18:00 - 18:30 **Finalización del primer análisis metagenómico** - *Javier Tamames de la Huerta*.

20 de octubre de 2022 - Metagenómica (continuación)

08:30 - 11:00	Binning: obtención de MAGs (Metagenomic Associated Genomes, genomas individuales) - <i>Javier Tamames de la Huerta.</i>
11:00 - 11:30	Pausa
11:30 - 12:30	Binning: Validación y refinado - <i>Javier Tamames de la Huerta.</i>
12:30 - 14:00	Completando el análisis: predicción por homología y uso de otras bases de datos - <i>Javier Tamames de la Huerta.</i>
14:00 - 15:30	Descanso.
15:30 - 17:30	Metatranscriptómica: Combinar series de DNA y RNA. Uso del modo merge para obtener expresión de genes ausentes en el metagenoma - <i>Javier Tamames de la Huerta.</i>
15:30 - 17:30	Herramientas auxiliares - <i>Javier Tamames de la Huerta.</i>

21 de octubre de 2022 - Metatranscriptómica (RNASeq)

08:30 - 11:00	Otros modos de análisis: prescindiendo del ensamblaje - <i>Javier Tamames de la Huerta.</i>
11:00 - 11:30	Pausa.
11:30 - 12:00	Herramientas auxiliares: Análisis de genomas - <i>Javier Tamames de la Huerta.</i>
12:00 - 13:30	Introducción a SQMTools para análisis estadístico de los resultados - <i>Javier Tamames de la Huerta.</i>
13:30 - 14:15	Consideraciones finales y preguntas - <i>Javier Tamames de la Huerta.</i>
14:15 - 14:30	Clausura del curso.

Organiza



Colaboran

