

Supercomputación Castilla y León **SCAYLE**

Curso Diseño experimental y
análisis Metagenómico
utilizando supercomputación
1ª edición

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 la 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 ECTS por la Universidad de León (pendiente)

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 **9 al 13 de noviembre de 2020**

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

450 €/curso.

Nº de cuenta: ES82 2103 4292 86 0033510978.

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.

Javier Tamames de la Huerta.

Centro Nacional de Biotecnología (CNB), Madrid.

CONTENIDOS

9 de noviembre de 2020 - Javier Tamames de la Huerta

Recepción de Alumnos y Entrega de Documentación.

09:00	Inauguración del Curso.
09:10 - 10:00	Diseño experimental: Estimación de la profundidad de secuenciación.
10:00 - 10:30	Breve resumen de SqueezeMeta .
10:30 - 11:30	Diseño experimental: Elección método de análisis (reads vs assembly).
11:30 - 12:00	Pausa.
12:00 - 14:00	Métodos de Binning. Combinación de métodos de Binning.
14:00 - 15:30	Descanso.
15:30 - 18:30	Binning avanzado: Depuración de bins: Detección de contigs no pertenecientes al bin; Reclutado de nuevos contigs.

10 de noviembre de 2020 - Fernando Puente Sánchez

09:00 - 11:30	Metagenómica, análisis de resultados SqueezeMeta. Combinación metagenómica-Metatranscriptómica. - <i>Javier Tamames de la Huerta</i>
11:30 - 12:00	Pausa.
12:00 - 14:00	Introducción a R.
14:00 - 15:30	Descanso.
15:30 - 17:00	Exploración de datos metagenómicos con SQMtools y anvio.
17:00 - 17:30	Escalado de proyectos metagenómicos en clusters de supercomputación.
17:30 - 18:30	Introducción al cluster de computación Caléndula - <i>Cristina Esteban Blanco</i> .

11 de noviembre de 2020 - Fernando Puente Sánchez

09:00 - 12:00	Análisis multivariante.
12:00 - 12:30	Pausa.
12:30 - 14:00	Análisis multivariante (continuación).
14:00 - 15:30	Descanso.
15:30 - 18:30	Detección de funciones metabólicas y taxones con abundancia diferencial en conjuntos de metagenomas / metatranscriptomas.

12 de noviembre de 2020 - Fernando Puente Sánchez

09:00 - 12:00	Generación y análisis de redes de coabundancia.
12:00 - 12:30	Pausa.
12:30 - 14:00	Generación y análisis de redes de coabundancia (continuación).
14:00 - 15:30	Descanso.
15:30 - 18:00	Recuperación y análisis del gen del ARNr 16S a partir de datos metagenómicos.
18:00 - 18:30	Comparación de estrategias para el análisis metagenómico a gran escala.

13 de noviembre de 2020 - Fernando Puente Sánchez

09:00 - 11:30	Modelado de datos metagenómicos con técnicas de machine learning.
11:30 - 12:00	Pausa.
12:00 - 13:00	Consideraciones finales y preguntas.
13:00	Clausura del curso.
13:15	Visita al Superordenador Caléndula (voluntario) - Cristina Esteban Blanco.

Organiza



Colaboran



universidad
de león

