

# Supercomputación Castilla y León **SCAYLE**

**Curso Práctico de  
Metagenómica y diversidad  
microbiana utilizando  
Supercomputación**  
2ª 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 **13 al 17 de diciembre de 2021**

## 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

400 €/curso.

Nº de cuenta: ES82 2103 4292 8600 3351 0978.

## 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.**

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.

## 13 de diciembre de 2021 - 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.

## 14 de diciembre de 2021 - 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      **Introducción a QIIME2** - *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*.

## 15 de diciembre de 2021 - 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*.

## 16 de diciembre de 2021 - 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>

## 17 de diciembre de 2021 - 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

