

Supercomputación Castilla y León **SCAYLE**

Curso Diseño experimental y
análisis Metagenómico
utilizando supercomputación
2ª 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 **14 al 18 de noviembre de 2022**

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

500 €/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.

Postdoctoral researcher, Gastrointestinal Genetics Lab, Derio, Vizcaya.

Fernando Puente Sánchez

Swedish University of Agricultural Sciences.

Javier Tamames de la Huerta.

Centro Nacional de Biotecnología (CNB), Madrid.

CONTENIDOS

14 de noviembre de 2022 - *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.

15 de noviembre de 2022 - *Fernando Puente Sánchez*

09:00 - 11:30	Técnicas avanzadas de análisis Metatranscriptómas. Mapeo a pangenomas. - <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	Recursos computacionales y escalado de proyectos.
17:30 - 18:30	Introducción al cluster de computación Caléndula - <i>Cristina Esteban Blanco</i> .

16 de noviembre de 2022 - *Fernando Puente Sánchez*

09:00 - 12:00	Análisis multivariante.
12:00 - 12:30	Pausa.
12:30 - 14:00	Detección de funciones metabólicas y taxones con abundancia diferencial en conjuntos de metagenomas / metatranscriptómas.
14:00 - 15:30	Descanso.
15:30 - 17:00	Detección de funciones metabólicas y taxones con abundancia diferencial en conjuntos de metagenomas / metatranscriptómas (continuación).
15:30 - 17:00	Recuperación y análisis del gen del ARNr 16S a partir de datos metagenómicos.

17 de noviembre de 2022 - 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	Resolución de especie y diversidad intra-específica en análisis metagenómicos.
18:00 - 18:30	Comparación de estrategias para el análisis metagenómico a gran escala.

18 de noviembre de 2022 - 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) - Ruth Alonso Martínez.

Organiza



Colaboran

