

Supercomputación Castilla y León **SCAYLE**

Curso práctico de iniciación al
uso de la **supercomputación**
aplicado al **análisis de datos**
RNAseq - 5ª edición

Dirección y coordinación académica

Supercomputación Castilla y León (SCAYLE), Oficina Técnica.

Objetivos

En este curso se proporcionará una formación básica para el manejo e interpretación de datos de expresión génica global procedentes de Next Generation Sequencing (RNA-Seq). Para ello, además de explicar las bases teóricas de la generación de los datos y del proceso de análisis, se pretende trabajar con datos reales de expresión génica en los que se realizará: el control de calidad, el alineamiento frente al genoma de referencia, ensamblado, cuantificación y normalización de la expresión génica, análisis de expresión diferencial y análisis de enriquecimiento funcional.

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 **11 al 15 de julio de 2022**

Duración 36 horas

Idioma Español.

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, Aula Formación SCAYLE de la 1ª planta, Campus de Vegazana, Universidad de León.

Importe matrícula

450 €/curso.

Desempleados y alumnos ULE: 350€

Inscripción

www.scayle.es/formacion

<http://extensionuniversitaria.unileon.es/euniversitaria/curso.aspx?id=2441>

Profesorado

Aroa Suárez Vega.

Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria de León, León, España.

Beatriz Gutiérrez Gil.

Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria de León, León, España.

Cristina Esteban Blanco.

Gastrointestinal Genetics Lab (Unidad de Bioinformática), Derio, Vizcaya, España.

Héctor Marina García.

Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria de León, León, España.

Juan José Arranz Santos.

Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria de León, España.

Juan José Gutiérrez González.

Departamento de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Biológicas y Ambientales de León, León, España.

Colabora



CONTENIDOS

11 de julio de 2022 - Cristina Esteban Blanco

Recepción de Alumnos y Entrega de Documentación.

09:00	Inauguración del Curso.
09:10 - 11:00	Introducción al entorno Linux. <i>Cristina Esteban Blanco.</i> <ul style="list-style-type: none">• Acceso remoto a Caléndula• Carpetas y ficheros.
11:00 - 11:20	Pausa.
11:20 - 14:00	Introducción al entorno Linux (continuación). <ul style="list-style-type: none">• Permisos.• Comandos básicos.
14:00 - 15:30	Descanso.
15:30 - 18:30	Introducción al entorno Linux (continuación). <ul style="list-style-type: none">• Prácticas sobre Caléndula

12 de julio de 2022

09:00 - 11:15	NGS y RNAseq. <i>Juan José Arranz Santos.</i>
11:15 - 11:45	Pausa.
11:45 - 14:00	Control de calidad y Trimming (FAstQC, otras herramientas Trimmomatic, etcF.). <i>Juan José Arranz Santos.</i>
14:00 - 15:30	Descanso.
15:30 - 18:30	Alineamiento de lecturas (Star) y visualización (IGV). <i>Beatriz Gutiérrez Gil.</i>

13 de julio de 2022

09:00 - 11:15	Manipulación de secuencias (SamTools). <i>Beatriz Gutiérrez Gil.</i>
11:15 - 11:45	Pausa.
11:45 - 14:00	Transcript assembly (Stringtie). <i>Aroa Suárez Vega.</i>
14:00 - 15:30	Descanso.
15:30 - 18:30	Cuantificación de lecturas (RSEM y HTSeq). <i>Aroa Suárez Vega.</i>

14 de julio de 2022

09:00 - 11:15	Introducción a R y Bioconductor. Toma de contacto. <i>Héctor Marina García.</i>
11:15 - 11:45	Pausa.
11:45 - 14:00	Análisis de expresión diferencial de RNAseq. Introducción. <i>Aroa Suárez Vega.</i>
14:00 - 15:30	Descanso.
15:30 - 18:30	Análisis de expresión diferencial de RNAseq. <i>Aroa Suárez Vega.</i>

15 de julio de 2022

09:00 - 09:55	Introducción a las anotaciones funcionales. <i>Juan José Gutiérrez González.</i>
09:55 - 10:50	Bases de datos y ontologías para anotación funcional (KEGG, GO, INTERPRO). <i>Juan José Gutiérrez González.</i>
10:50 - 11:05	Pausa.
11:05 - 12:00	Análisis de enriquecimiento funcional. <i>Juan José Gutiérrez González.</i>
12:00 - 12:55	Redes funcionales. <i>Juan José Gutiérrez González.</i>
12:55 - 13:00	Clausura del curso.
13:00	Visita al Superordenador Caléndula (voluntario) - <i>Ruth Alonso Martínez.</i>