

# Supercomputación Castilla y León **SCAYLE**

## Curso Práctico de Metagenómica y diversidad microbiana utilizando Supercomputación 5ª edición

 **SCAYLE**  
SUPERCOMPUTACIÓN  
CASTILLA Y LEÓN

## 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 **27 noviembre al 1 de noviembre de 2023**.

## Duración 40 horas

## Lugar

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

## 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.

**Idioma** Español.

## Importe matrícula

Matrícula de 45€. El coste completo del curso es de 450€, al que se le ha aplicado un descuento del 90% gracias a la Cofinanciación al 90% de la Unión Europea y el Ministerio de Industria, Comercio y Turismo y la Fundación EOI del Gobierno de España, en el marco del Mecanismo de Recuperación y Resiliencia financiado por los fondos Next Generación de la Unión Europea. No obstante, los puntos de vista y las opiniones expresadas son únicamente los del autor o autores y no reflejan necesariamente las de la Unión Europea, el Ministerio de Industria, Comercio y Turismo o la Fundación EOI. Ni la Unión Europea ni la autoridad que concede la subvención pueden ser considerados responsables de los mismos.

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.

## 27 de noviembre de 2023 - 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.

## 28 de noviembre de 2023 - 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*.

## 29 de noviembre de 2023 - 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*.

### 30 de noviembre de 2023 - Metagenómica (continuación)

- 08:30 - 11:00 Binning: obtención de MAGs (Metagenomic Associated Genomes, genomas individuales) - Javier Tamames de la Huerta.
- 11:00 - 11:30 Pausa
- 11:30 - 12:30 Binning: Validación y refinado - Javier Tamames de la Huerta.
- 12:30 - 14:00 Completando el análisis: predicción por homología y uso de otras bases de datos - Javier Tamames de la Huerta.
- 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 - Javier Tamames de la Huerta.
- 15:30 - 17:30 Herramientas auxiliares - Javier Tamames de la Huerta.

### 1 de diciembre de 2023 - Metatranscriptómica (RNASeq)

- 08:30 - 11:00 Otros modos de análisis: prescindiendo del ensamblaje - Javier Tamames de la Huerta.
- 11:00 - 11:30 Pausa.
- 11:30 - 12:00 Herramientas auxiliares: Análisis de genomas - Javier Tamames de la Huerta.
- 12:00 - 13:30 Introducción a SQMTools para análisis estadístico de los resultados - Javier Tamames de la Huerta.
- 13:30 - 14:15 Consideraciones finales y preguntas - Javier Tamames de la Huerta.
- 14:15 - 14:30 Clausura del curso.
- 14:30 - 15:00 Visita al Superordenador Caléndula (voluntario) - Ruth Alonso Martínez.

### Organiza



### Colaboran

