

Supercomputación Castilla y León **SCAYLE**

Curso Práctico de Metagenómica y diversidad microbiana utilizando Supercomputación 6ª edición



SCAYLE, enmarcado en el Proyecto DIGIS3 (DIGItalización Inteligente, Sostenible y coheSiva digital concebido como un a Centro de Innovación Digital - DIGIS3), organiza el Curso Práctico de Metagenómica y diversidad microbiana utilizando Supercomputación - 6ª 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 cocimientos adquiridos.

Fecha

Del **30 de septiembre al 4 de octubre de 2024**.

Duración 40 horas

Lugar

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

Idioma Español.

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.

Importe matrícula

Matrícula de 250€. El coste completo del curso es de 500€, al que se le ha aplicado un descuento del 50% gracias a la Cofinanciación al 50% 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.

Tras la finalización del curso, SCAYLE ofrece acceso gratuito a recursos HPC a los inscritos durante el mes siguiente a la finalización del mismo, gracias a la financiación del Proyecto DIGIS3, vinculado a la cumplimentación y firma de la documentación completa asociada a los test DMA (Digital Maturity Assessment).

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 Genomic and Bioinformatics Researcher, SCAYLE.

Giuseppe D'Auria.

Responsable del servicio de bioinformática de la fundación FISABIO, Valencia.

Javier Tamames de la Huerta.

Centro Nacional de Biotecnología (CNB), Madrid.

30 de septiembre de 2024- 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.

1 de octubre de 2024 - 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 abundancias** - *Giuseppe D'Auria*.
- 14:00 - 15:30 **Descanso.**
- 15:30 - 18:30 **Análisis de datos de taxonómicos (1)** - *Giuseppe D'Auria*.

2 de octubre de 2024 - Metagenómica

- 08:30 - 10:30 **Análisis de datos de taxonómicos (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*.

3 de octubre de 2024 - 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.*

4 de octubre de 2024 - 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

