

# Supercomputación Castilla y León

# SCAYLE

## Curso

# Ecología de los microbiomas. Metataxonomía mediante el gen ribosomal 16S empleando supercomputación



**SCAYLE, enmarcado en el Proyecto DIGIS3 (DIGItalización Inteligente, Sostenible y coheSiva digital concebido como un a Centro de Innovación Digital - DIGIS3), organiza el Curso Ecología de los microbiomas. Metataxonomía mediante el gen ribosomal 16S.**

## Dirección y coordinación académica

Supercomputación Castilla y León (SCAYLE), Área de Formación.

## Objetivos

Este curso ofrece una formación práctica en análisis metataxonómico utilizando exclusivamente información de secuenciación del gen 16S, combinando Linux, Qiime2 y R para procesar, visualizar y extraer información de datos microbiológicos. La metataxonomía permite una clasificación precisa de comunidades microbianas, y R facilita su análisis con herramientas avanzadas de gráficos y estadística. Con un enfoque aplicado, los participantes optimizarán su flujo de trabajo y mejorarán la interpretación de resultados.

## 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

## Fecha

Del **19 al 23 de mayo de 2025.**

## Duración 36 horas

## 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.

## Lugar

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

**Idioma** Español.

## Horario

- Lunes a jueves de 08:30 a 14:00 y de 15:30 a 18:30 horas.
- Viernes de 08:30 a 14:30 horas.

## Importe matrícula

Matrícula de 225€. El coste completo del curso es de 450€, 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](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 Genomic and Bioinformatics Researcher, SCAYLE.

**Giuseppe D'Auria.**

Investigador Principal de Bioinformática, Servicio de Secuenciación y Bioinformática de FISABIO-Universidad de Valencia, Valencia.

### CONTENIDOS

#### **19 de mayo de 2025 - Introducción a Linux y acceso a Calendula (superordenador). Cristina Esteban Blanco.**

Recepción de Alumnos y Entrega de Documentación.

Inauguración del Curso.

|               |                                                                                                      |
|---------------|------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 09:30 - 11:00 | Introducción al entorno Linux. Comandos básicos, estructura de archivos, permisos, editores de texto |
| 11:00 - 11:30 | Descanso (café).                                                                                     |
| 11:30 - 13:00 | Práctica: Ejercicios básicos de Linux (navegación, creación/edición de archivos, scripts simples).   |
| 13:00 - 14:00 | Teoría: Introducción a Calendula (qué es, cómo acceder, configuración del entorno).                  |
| 14:00 - 15:30 | Descanso (comida).                                                                                   |
| 15:30 - 17:00 | Práctica: Conexión a Calendula, configuración del entorno y ejecución de comandos básicos.           |
| 17:00 - 18:30 | Práctica: Ejercicios avanzados en Linux (manejo de jobs, envío de trabajos a Calendula).             |

#### **20 de mayo de 2025 - Introducción a R y control de calidad de secuencias. Cristina Esteban Blanco.**

|               |                                                                                            |
|---------------|--------------------------------------------------------------------------------------------|
| 9:00 - 10:30  | Teoría: Introducción a R (instalación, paquetes, estructuras de datos, funciones básicas). |
| 10:30 - 11:00 | Descanso (café).                                                                           |
| 11:00 - 12:30 | Práctica: Ejercicios básicos en R (manipulación de datos, gráficos simples).               |
| 12:30 - 14:00 | Teoría: Control de calidad de secuencias (qué es, herramientas, parámetros de calidad).    |
| 14:00 - 15:30 | Descanso (comida).                                                                         |
| 15:30 - 17:00 | Práctica: Control de calidad con herramientas como FastQC y MultiQC.                       |
| 17:00 - 18:30 | Práctica: Trimming de las secuencias.                                                      |

#### **21 de mayo de 2025 - Qiime2 y análisis inicial. Giuseppe D'Auria.**

|               |                                                                                  |
|---------------|----------------------------------------------------------------------------------|
| 9:00 - 10:00  | Teoría: Introducción a la Ecología microbiana y Qiime2.                          |
| 10:00 - 10:30 | Práctica: Importación de datos en Qiime2                                         |
| 10:30 - 11:00 | Descanso (café).                                                                 |
| 11:00 - 12:30 | Práctica: Importación de datos en Qiime2 (continúa) y ejecución de DADA2.        |
| 12:30 - 14:00 | Práctica: Anotación taxonómica en Qiime2 (asignación de taxones, visualización). |
| 14:00 - 15:30 | Descanso (comida).                                                               |
| 15:30 - 17:00 | Práctica: Exportación de resultados desde Qiime2.                                |
| 17:00 - 18:30 | Práctica: Introducción a Phyloseq (importación de datos, estructura del objeto). |

## 22 de mayo de 2025 - Phyloseq, Mixomics y DESeq2. Giuseppe D'Auria.

|               |                                                                               |
|---------------|-------------------------------------------------------------------------------|
| 9:00 - 10:30  | Práctica: Phyloseq (manejo de datos, gráficos básicos, diversidad alfa/beta). |
| 10:30 - 11:00 | Descanso (café).                                                              |
| 11:00 - 12:30 | Práctica: Visualización de diversidad alfa/beta en Phyloseq.                  |
| 12:30 - 14:00 | Práctica: HandsON.                                                            |
| 14:00 - 15:30 | Descanso (comida).                                                            |
| 15:30 - 16:30 | Práctica: Análisis de abundancia diferencial con DESeq2.                      |
| 16:30 - 17:30 | Práctica: Análisis de taxones diferenciales con Mixomics.                     |
| 17:30 - 18:30 | Práctica: HandsON.                                                            |

## 23 de mayo de 2025 - Visualización y representación gráfica. Giuseppe D'Auria.

|               |                                                                                         |
|---------------|-----------------------------------------------------------------------------------------|
| 9:00 - 10:30  | Práctica: Creación de gráficos avanzados en R (heatmaps, biplots, árboles taxonómicos). |
| 10:30 - 11:00 | Descanso (café).                                                                        |
| 11:00 - 12:30 | Práctica: General HandsON.                                                              |
| 12:30 - 13:00 | Cierre del curso, preguntas y feedback. .                                               |

### Organiza



### Colaboran

