

Supercomputación Castilla y León

SCAYLE

Curso de Bioinformática para el Ensamblaje y Anotación de Genomas de Plantas



SCAYLE, enmarcado en el Proyecto DIGIS3 (DIGItalización Inteligente, Sostenible y coheSiva digital concebido como un a Centro de Innovación Digital - DIGIS3), organiza el Curso de Bioinformática para el Ensamblaje y Anotación de Genomas de Plantas.

Dirección y coordinación académica

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

Objetivos

Este curso tiene como objetivo capacitar a los participantes en el uso de herramientas bioinformáticas clave para el ensamblaje y la anotación de genomas vegetales. A través de un enfoque práctico, se abordará el manejo de datos de secuenciación (lecturas cortas y largas), el uso de infraestructuras de supercomputación, y la aplicación de metodologías actuales para obtener ensamblajes de alta calidad y realizar anotaciones funcionales precisas. El contenido está orientado a su aplicación en proyectos de investigación relacionados con la mejora genética, la conservación y el análisis de la diversidad en especies vegetales.

Destinatarios

El curso está dirigido a investigadores interesados en estudios genómicos, profesionales del sector de las Ciencias Computacionales, Biología y Biotecnología, así como a alumnos universitarios (titulaciones técnicas del ámbito experimental y económico) de posgrado. También es adecuado para cualquier persona afín a la temática en investigación, innovación y desarrollo.

Número de Plazas 20

Fecha

Del **22 al 26 de septiembre de 2025.**

Duración 37'5 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 18:00 horas.
- Viernes 8:30 a 14:15

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

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.

Rocío Bautista Moreno.

Unidad de Bioinformática, Centro de Supercomputación y Bioinformática (SCBI), Universidad de Málaga.

Luis Díaz Martínez.

Director de la cátedra I+D+I para la prevención de la dependencia de la Universidad de Málaga.

Organiza



Colaboran



CONTENIDOS

22 de septiembre - 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. Acceso remoto a Caléndula. Carpetas y ficheros.
11:00 - 11:20	Pausa.
11:20 - 14:00	Introducción al entorno Linux (continuación). Permisos. Comandos básicos.
14:00 - 15:30	Pausa comida.
15:30 - 18:00	Introducción al entorno Linux (continuación). Prácticas sobre Caléndula.

23 de septiembre - Secuenciación de los genomas

08:30 - 10:30	Control de calidad de las secuencias.
10:30 - 11:00	Pausa.
11:00-14:00	Inspección de la calidad de las lecturas.
14:00-15:30	Pausa comida.
15:30-18:00	Introducción al ensamblaje de secuencias genómicas.

24 de septiembre - Ensamblaje de genomas a partir de lecturas cortas

08:30 - 10:30	Herramientas para el ensamblaje de genomas de plantas a partir de lecturas cortas.
10:30 - 11:00	Pausa.
11:30-14:00	Herramientas para el ensamblaje de genomas de plantas a partir de lecturas cortas (continuación).
14:00-15:30	Pausa comida.
15:30-18:00	Evaluación de los resultados de ensamblaje.

25 de septiembre - Ensamblaje de genomas largas y ensamblaje híbrido

08:30 - 10:30	Herramientas para el ensamblaje de genomas de plantas a partir de lecturas largas, ensamblaje híbrido.
10:30-11:00	Pausa.
11:00-14:00	Herramientas para el ensamblaje de genomas de plantas a partir de lecturas largas, ensamblaje híbrido (continuación).
14:00-15:30	Pausa comida.
15:30-18:00	Evaluación de los resultados de ensamblaje.

26 de septiembre - Anotación descriptiva y funcional del ensamblaje

08:30 - 10:30	Predicción de genes y búsqueda de homologías. Asignación funcional. Consideraciones finales y preguntas.
10:30 - 11:00	Pausa.
11:30-14:00	Predicción de genes y búsqueda de homologías (continuación).
14:00-14:15	Clausura del curso.