

PROFESORADO:

- Beatriz Gutiérrez Gil. Profesora. Facultad de Veterinaria. Universidad de León.
- Aroa Suárez Vega. Post Doctoral Fellow. The Department of Animal Biosciences. University of Guelph. Canadá.
- Beatriz Rosón Burgo. Instituto de Investigación Sanitaria La Fe. Valencia.
- Cristina Esteban Blanco. Profesora. Facultad de Veterinaria. Universidad de León.
- Jesús Lorenzana Campillo. Fundación Centro de Supercomputación de Castilla y León.
- Juan José Arranz Santos. Profesor. Facultad de Veterinaria. Universidad de León.

V
C
B
18

ENTIDADES COLABORADORAS:



2018
CURSOS
DE VERANO
Universidad
de León



V
C
B
18

**CURSO PRÁCTICO
DE INICIACIÓN
AL USO DE LA
SUPERCOMPUTACIÓN
APLICADO AL ANÁLISIS
DE DATOS RNA-SEQ
4ª EDICIÓN**

18/06/2018 - 22/06/2018

**CURSOS
DE VERANO
2018**
Universidad
de León



CURSO PRÁCTICO DE INICIACIÓN AL USO DE LA SUPERCOMPUTACIÓN APLICADO AL ANÁLISIS DE DATOS RNA-SEQ (4ª EDICIÓN)

DIRECTORES:

- Ruth Alonso Martínez. Responsable Oficina Técnica del Centro de Supercomputación de Castilla y León.
- Juan José Arranz Santos. Profesor. Facultad de Veterinaria. Universidad de León.

LUGAR:

CRAI-TIC

FECHAS:

18/06/2018 - 22/06/2018

HORARIOS:

Lunes a jueves de 9 a 14 y de 15:30 a 18:30 horas.

Viernes de 9 a 13 horas.

DURACIÓN:

36 horas

NÚMERO DE ALUMNOS:

Mínimo: 10 y Máximo: 20

TASAS:

- Ordinaria: 350 €
- Alumnos ULE: 300 €
- Alumnos de otras universidades: 350 €
- Desempleados: 300 €

Los alumnos de la ULE deberán acreditar dicha condición para tener derecho a la reducción de las tasas mediante la presentación de copia del carnet universitario.

Los alumnos en desempleo deberán acreditar dicha condición para tener derecho a la reducción de las tasas mediante la presentación de copia de la tarjeta del paro.

El alojamiento/comidas no están incluidas dentro del precio del curso. - Sin embargo ofrecemos la posibilidad de

alojamiento en el Aparthotel Exe Campus San Mames situado al lado del Campus Vegazana donde tienen lugar las charlas del curso. Ésta es su web:

<http://www.execampussanmames.com>

Realizar las reservas a través del e-mail: info@execampussanmames.com indicando la Referencia SCAYLE para obtener un descuento 10% (sobre la tarifa de venta) en los servicios de Alojamiento o alojamiento y desayuno, Garaje free, y Menaje incluido.

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.

CRÉDITOS DE LIBRE CONFIGURACIÓN:

3,6 créditos LEC - 1,8 créditos ECTS

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.

PROGRAMA:

18 de junio de 2018 - Seminario de Introducción al uso de la supercomputación aplicado a la Bioinformática

Recepción de Alumnos y Entrega de Documentación

Inauguración del Curso

09:00 - 10:00 Introducción acceso a Caléndula - Jesús Lorenzana Campillo.

Descripción técnica de los recursos de Supercomputación de Castilla y León (SCAYLE).

Infraestructuras de SCAYLE.

Configuración del superordenador de SCAYLE, Caléndula.

Estado actual de la Supercomputación.

Acceso remoto a Caléndula.

Entorno de usuario: Utilización del gestor de colas y envío de trabajos.

10:00 - 11:00 Introducción al entorno Linux - Cristina Esteban Blanco.

Carpetas y ficheros.

Permisos.

Comandos básicos.

Prácticas sobre Caléndula.

11:00 - 11:20 PAUSA.

11:20 - 14:00 Introducción al entorno Linux (Continuación) - Cristina Esteban Blanco.

14:00 - 15:30 DESCANSO.

15:30 - 18:30 Introducción al entorno Linux (Continuación) - Cristina Esteban Blanco.

19 de junio de 2018

09:00 - 11:15 NGS y RNA-Seq Supercomputación - Juan José Arranz Santos.

11:15 - 11:45 PAUSA.

11:45 - 14:00 Control de Calidad y Trimming (FastQC, otras herramientas Trimmomatic, etcF.) - Juan José Arranz Santos.

14:00 - 15:30 DESCANSO.

15:30 - 18:30 Alineamiento de lecturas (TopHat) y visualización (IGV) - Beatriz Gutiérrez Gil.

20 de junio de 2018

09:00 - 11:15 Manipulación de secuencias (SamTools) - Beatriz Gutiérrez Gil.

11:15 - 11:45 PAUSA.

11:45 - 14:00 Transcript assembly (Cufflinks) - Aroa Suárez Vega.

14:00 - 15:30 DESCANSO.

15:30 - 18:30 Cuantificación de lecturas (Cufflinks y HTSeq) - Aroa Suárez Vega.

21 de junio de 2018

09:00 - 11:15 Introducción a R y Bioconductor. Toma de contacto - Beatriz Rosón Burgo.

11:15 - 11:45 PAUSA.

11:45 - 14:00 Qué es el análisis de expresión diferencial: - Beatriz Rosón Burgo.

Del microarray de Affymetrix a las secuencias de Illumina.

Ajuste a multiple-testing: FDRs y p-valores.

Contrastes simples y factoriales.

14:00 - 15:30 DESCANSO.

15:30 - 18:30 Análisis de expresión diferencial de RNAseq: - Beatriz Rosón Burgo.

Programas en R: Práctica con DESeq. Nuevas posibilidades del paquete limma para RNAseq.

Programa de cufflinks: Cuffdiff.

22 de junio de 2018

09:00 - 09:55 Introducción a las anotaciones funcionales - Beatriz Rosón Burgo.

09:55 - 10:50 Bases de datos y ontologías para anotación funcional (KEGG, GO, INTERPRO) - Beatriz Rosón Burgo.

10:50 - 11:05 PAUSA.

11:05 - 12:00 Análisis de enriquecimiento funcional (DAVID and GeneTermLinker) - Beatriz Rosón Burgo.

12:00 - 12:55 Redes funcionales (FGNet package) - Beatriz Rosón Burgo.

12:55 - 13:00 Clausura del curso.

13:00 Visita al Superordenador Caléndula (voluntario) - Ruth Alonso Martínez.