

## PROFESORADO:

- Juan José Arranz Santos. Profesor. Facultad de Veterinaria. Universidad de León.
- Beatriz Rosón Burgo. Instituto Karolinska, Estocolmo, Suecia.
- Aroa Suárez Vega. Profesora. Facultad de Veterinaria.
- Beatriz Gutiérrez Gil. Profesora. Facultad de Veterinaria. Universidad de León.
- Jesús Lorenzana Campillo. Fundación Centro Supercomputación.
- Cristina Esteban Blanco. Fundación Centro de Supercomputación de Castilla y León.

## COLABORADORES:

- Cristina Esteban Blanco. Fundación Centro de Supercomputación de Castilla y León.
- Ruth Alonso Martínez. Fundación Centro de Supercomputación de Castilla y León.
- Jesús Lorenzana Campillo. Fundación Centro de Supercomputación de Castilla y León.

## ENTIDADES COLABORADORAS:



**Karolinska  
Institutet**



**Junta de  
Castilla y León**

# CURSO PRÁCTICO DE INICIACIÓN AL USO DE LA SUPERCOMPUTACIÓN APLICADO AL ANÁLISIS DE DATOS RNA-SEQ 3ª EDICIÓN

03/07/2017 - 07/07/2017

# CURSOS DE VERANO 2017

Universidad  
de León



universidad  
de león

unileones

## CURSO PRÁCTICO DE INICIACIÓN AL USO DE LA SUPERCOMPUTACIÓN APLICADO AL ANÁLISIS DE DATOS RNA-SEQ 3ª EDICIÓN

### DIRECTORES:

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

### LUGAR:

CRAI-TIC (Aula 105 de la 1ª planta)

### FECHAS:

03/07/2017 - 07/07/2017

### HORARIOS:

Lunes de 9:00 a 14:00 y de 15:30 a 18:30 horas.

Martes de 9:00 a 14:00 y de 15:30 a 18:30 horas.

Miércoles de 9:00 a 14:00 y de 15:30 a 18:30 horas.

Jueves de 9:00 a 14:00 y de 15:30 a 18:30 horas.

Viernes de 9:00 a 13:00 horas.

### DURACIÓN:

36 horas

### NÚMERO DE ALUMNOS:

Mínimo: 12 y Máximo: 20

### TASAS:

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

### 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:

**3 de julio de 2017- Seminario de Introducción al uso de la supercomputación aplicado a la Bioinformática**

*Seminario voluntario, gratuito y altamente recomendable para usuarios con poco conocimiento de Linux para un mejor aprovechamiento de los cursos de Bioinformática de la FCSCCL.*

09:00 - 11:00 Introducción acceso a Caléndula - Jesús Lorenzana Campillo.

-Descripción técnica de los recursos de la Fundación Centro de Supercomputación de Castilla y León.

•Infraestructuras de la FCSCCL.

•Configuración del superordenador de la FCSCCL, Caléndula.

-Estado actual de la Supercomputación.

-Acceso remoto a Caléndula.

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

11:00 - 11:20 Pausa.

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

-Carpetas y ficheros.

-Permisos.

-Comandos básicos.

-Prácticas sobre Caléndula.

14:00 - 15:30 Descanso.

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

### 4 de julio de 2017

Recepción de Alumnos y Entrega de Documentación

Inauguración del Curso

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.

### 5 de julio de 2017

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.

### 6 de julio de 2017

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.

### 7 de julio de 2017

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) - Cristina Esteban Blanco.