

## **Curso básico de bioinformática para análisis de genomas**

**Fechas: 24 de marzo – 28 de marzo 2014**

**Coordinador: Giuseppe D'Auria ([dauria\\_giu@gva.es](mailto:dauria_giu@gva.es))**

El Área de Genómica y Salud de la Fundación para el Fomento de la Investigación Sanitaria y Biomédica de la Comunitat Valenciana (FISABIO) organiza un curso básico de bioinformática para análisis de genomas.

El curso está dirigido a estudiantes y profesionales de la biología, la investigación biomédica, las ciencias de la salud y áreas afines que estén interesados/as en el aprendizaje de los métodos básicos de computación necesarios para realizar sus propios análisis genómicos. El módulo será eminentemente práctico e impartirá a los participantes los conocimientos básicos, como la instalación y el uso de sistemas Linux para la construcción de tuberías de análisis (pipelines) y la utilización de las principales funciones disponibles en la plataforma "R" para el análisis estadístico de genomas y metagenomas. Las sesiones teóricas y prácticas serán impartidas por investigadores expertos de FISABIO y la Universidad de Valencia.

### **Profesores:**

**Alejandro Artacho**, MS. Bioinformático en FISABIO, Área de Genómica y Salud.

**Pascual Asensi**. Administrador de sistemas en FISABIO, Área de Genómica y Salud.

**Giuseppe D'Auria**, PhD. Investigador en FISABIO, Área de Genómica y Salud.

**David Perez-Villarroya**, Estudiante de master en bioinformática de la Universidad de Valencia.

**Alejandro Manzano**, MS. Estudiante de doctorado de la Universidad de Valencia.

### **Programa del curso:**

#### **Lunes 24 de marzo:**

09:00 – 09:30 Desde la ofimática a la computación para secuenciación masiva.

Giuseppe D'Auria

09:30 – 10:45 Sistema Linux, instalando una nueva distribución. ¿Listos para el gran paso?

Pascual Asensi

#### **Pausa café**

11:00 – 13:00 Comandos Unix 1, explorando el sistema.

David Perez-Villarroya

#### **Comida**

14:30 – 17:00 Comandos Unix 2, accediendo a los datos (muchos datos).

David Perez-Villarroya

#### **Martes 25 de marzo**

09:00 – 10:00 Lineas de comando encadenadas (pipelines).

Giuseppe D'Auria

10:00 – 10:45 Formatos de datos de NGS, manejando secuencias I.

Alejandro Manzano

#### **Pausa café**

11.00 – 13.00 Formatos de datos de NGS, manejando secuencias II.

Alejandro Manzano

**Comida**

14:30 – 15:00 Mapeo de genomas, teoría.

Giuseppe D'Auria

15:00 – 17:00 Mapeo de genomas, práctica.

Giuseppe D'Auria

**Miercoles 26 de marzo**

09:00 – 10:45 Análisis de alto rendimiento fuera de línea (sin usar la red).

Alejandro Manzano

**Pausa café**

11:00 – 13:00 Introducción a “R”. Como instalar el ambiente y comando básicos.

Alejandro Manzano

**Comida**

14:30 – 17:00 Formato de datos y operaciones básicas en “R” I.

Alejandro Manzano

**Jueves 27 de marzo**

09:00 – 10:45 Formato de datos y operaciones básicas en “R” II.

Alejandro Manzano

**Pausa café**

11:30 – 13:00 Programación en “R” para bioinformática I.

Alejandro Artacho

**Comida**

14:30 – 17:00 Programación en “R” para bioinformática II.

Alejandro Artacho

**Viernes 28 de marzo**

09:00 – 10:45 Análisis de calidad de los datos de secuenciación masiva en “R”.

Alejandro Artacho

**Pausa café**

11:00 – 12:00 Test y cuestionario.

Giuseppe D'Auria

12:00 – 13:00 Cierre del curso.

Giuseppe D'Auria