

MATRICULACIÓN:

La matrícula se realizará preferentemente a través de la página WEB del Centro Mediterráneo <http://cemed.ugr.es>

Presencialmente en la sede del Centro Mediterráneo: Se ha de acompañar del reguardo de ingreso/transferencia en la cuenta:

CAJA RURAL: ES27 3023 0140 64 6511585603

indicando en el concepto el código del curso, así como su nombre y apellidos.

Código del curso: **19GR41**

Precio: **120€**

Todos los datos personales serán incorporados y tratados en el fichero "Alumnos", cuya finalidad es la Gestión de los cursos impartidos por el Centro Mediterráneo, inscrito en el Registro General de Protección de Datos, con las cesiones previstas en la Ley. El órgano responsable del fichero es el Centro Mediterráneo de la UGR y la dirección donde la persona interesada podrá ejercer los derechos de acceso, rectificación, cancelación y oposición es Complejo Administrativo Triunfo, Cuesta del Hospicio s/n 18071, Granada, de todo lo cual se informa en cumplimiento del artículo 5 de la Ley Orgánica 15/1999, de 13 de diciembre, de Protección de Datos de Carácter Personal.



UNIVERSIDAD
DE GRANADA



CENTRO
MEDITERRÁNEO

 CENTRO
MEDITERRÁNEO

Del 30 de septiembre al 4 de octubre de 2019

Bioinformática de muestras biológicas: BioEstadística univariable y multivariable aplicada a resultados con muestras de secuenciación masiva

30 horas
presenciales

Lugar de realización:

**Facultad de Ciencias.
Universidad de Granada.**

Dirección:

Mohamed Larbi Merroun

Profesor Titular, Departamento de Microbiología
Universidad de Granada.

***3 créditos
ECTS**
(Actividades
formativas
de Extensión
Universitaria)

**Centro Mediterráneo
Vicerrectorado de Extensión Universitaria**

Complejo Administrativo Triunfo, Cuesta del Hospicio s/n, Granada
Tfno. 958 24 29 22 / Fax 958 24 28 86 / Email: cemed@ugr.es

@CemedUGR  
centromediterraneo.ugr.es

**Posibilidad de reconocimiento de créditos ECTS OPTATIVOS en los Grados (consultar web para ver convalidaciones)
**Se recomienda revisar la web del Cemed para obtener información adicional y estar al tanto de posibles actualizaciones*

El curso consta de un total de 30 horas, distribuidas en seis horas durante cinco días consecutivos. No se requieren conocimientos previos ni de estadística ni de bioinformática y los conocimientos sobre Excel se explicarán sobre la marcha, aunque se aconseja estar familiarizado con Excel.

Sin embargo, se recomienda fuertemente que cada estudiante tenga su propio ordenador portátil personal con programas estándar instalados (**no se acepta plataforma OpenAccess para el Excel**).

Los estudiantes tienen que estar altamente motivados e involucrados en entablar "brain storming" durante la duración del curso. Nivel básico de inglés es recomendable aunque las clases se impartirán en español (English also possible).

Resumidamente, el **primer día** se hará una introducción del curso incluyendo la importancia del diseño experimental en el resultado final, se revisaran todos los programas que se utilizarán en los siguientes cuatro días, y se empezará a analizar los datos brutos que se enviarán a los estudiantes con antelación.

El **segundo día** se hará la anotación taxonómica de las secuencias y se agruparán por fila, clase, orden, familia, genero y filotipo. Se harán las rectas de rarefacción, se normalizará la profundidad de secuenciación al mínimo de secuencias y se elaborarán los "heapmaps" de las muestras. Se obtendrán los índices medio ambientales (Richness, Evenness, Shannon y Pielou índices) y se elaborarán las gráficas correspondientes.

El **tercer día** se hará el agrupamiento (clustering) de muestras y se calcularán los coeficientes de correlación. En paralelo, se realizarán grupos de trabajo (cuatro estudiantes máximo por grupo).

Cada grupo analizará un sub-grupo de secuencias y los resultados se expondrán a la clase durante la duración del curso.

El **cuarto día**, se realizarán los cálculos requeridos para el estudio de co-ocurrencias de filotipos y se harán los gráficos correspondientes.

El **quinto día**, se dedicará a las exposiciones de los grupos, dudas, preguntas y sugerencias.

En resumen, en el curso se enseñarán a anotar taxonómicamente, hacer la rectas de rarefacción, elaborar dendogramas usando diferentes algoritmos, realizar PCoA, NMDS, PCA y CA, ANOSIM, PERMANOVA, calcular los índices medioambientales, Heatmaps, SIMPER, test de Wilcoxon y Pearson, así como a realizar "Communities Network".

Programa

Lunes, 30 de septiembre de 2019

15:00 - 21:00 **Instalación de todos los programas que se usarán durante el curso.**
Cómo saber lo que hay que hacer para escribir un artículo científico?: diseño experimental. Visualización de los datos crudos obtenidos después de la secuenciación de muestras medioambientales.
Ramiro Vilchez Vargas, Investigador Contratado Doctor.
Universitätsklinikum Magdeburg, Alemania

Martes, 1 de octubre de 2019

15:00 - 21:00 **Análisis de resultados I: Anotación taxonómica, Rarefaction curves, normalization and heatmaps.**
Ramiro Vilchez Vargas.

Miércoles, 2 de octubre de 2019

15:00 - 21:00 **Análisis de resultados II: Bray-Curtis clustering, PCA, PCoA, nMDS.**
Ramiro Vilchez Vargas.

Miércoles, 2 de octubre de 2019

15:00 - 21:00 **Análisis de resultados II: Bray-Curtis clustering, PCA, PCoA, nMDS.**
Ramiro Vilchez Vargas.

Jueves, 3 de octubre de 2019

15:00 - 21:00 **Análisis de resultados III: Co-occurrence analysis.**
Ramiro Vilchez Vargas.

Viernes, 4 de octubre de 2019

15:00 - 21:00 **Examen: Cada grupo expondrá (20 min max) los resultados obtenidos que han ido analizando durante el curso.**

Dudas y sugerencias. Mesa redonda.
Ramiro Vilchez Vargas.

