

## 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: **20GR08**

Precio: **120€**

**¿Desea recibir información de cursos similares?:**

**Información básica sobre protección de sus datos personales aportados:**

**Responsable:** Universidad de Granada

**Legitimación:** La Universidad de Granada se encuentra legitimada para el tratamiento de sus datos en base a lo estipulado en:

Art. 6.1.e) RGPD: el tratamiento es necesario para el cumplimiento de una misión realizada en interés público o en el ejercicio de los poderes públicos conferidos al responsable del mismo (la difusión del conocimiento y la cultura a través de la extensión universitaria y la formación a lo largo de toda la vida) Ley Orgánica 6/2001, de 21 de diciembre, de Universidades.

Ley 38/2003, de 17 de noviembre, General de Subvenciones

**Finalidad:** La finalidad del tratamiento es gestionar las actividades culturales de la Universidad de Granada. Los usos que se dan a los datos personales son:

Organización de talleres, conferencias, y actividades culturales en general. etc.

Gestión de ayudas para el fomento de realización de actividades culturales.

**Destinatarios:** No se prevén.

**Derechos:** Tiene derecho a solicitar el acceso, oposición, rectificación, supresión o limitación del tratamiento de sus datos, tal y como se explica en la información adicional.

**Información adicional:** Puede consultar la información adicional y detallada sobre protección de datos en el siguiente enlace:

[https://secretariageneral.ugr.es/pages/proteccion\\_datos/leyendas-informativas/\\_img/informacionadicional](https://secretariageneral.ugr.es/pages/proteccion_datos/leyendas-informativas/_img/informacionadicional)



UNIVERSIDAD  
DE GRANADA



CENTRO  
MEDITERRÁNEO

CENTRO  
MEDITERRÁNEO

Del 30 de marzo al 3 de abril de 2020

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

Lugar de realización:

**Facultad de Ciencias**

30 horas  
presenciales

Dirección:

**Mohamed Larbi Merroun**

Profesor Titular de la Universidad de Granada  
Departamento de Microbiología

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

Profesor:

**Ramiro Vílchez Vargas**

Investigador Contratado Doctor  
Hospital Universitario de Magdeburgo  
Universidad de Magdeburg (Alemania)

*\*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*

**Centro Mediterráneo  
Vicerrectorado de Extensión Universitaria**

Avda. de Madrid, 11, 18012, Granada

Tfno. 958 24 29 20 / Fax 958 24 28 86 / Correo-e: [cemed@ugr.es](mailto:cemed@ugr.es)

@CemedUGR    
[centromediterraneo.ugr.es](http://centromediterraneo.ugr.es)

El reciente desarrollo de técnicas de secuenciación masiva para el estudio taxonómico, basado en el gen 16S rRNA, de muestras medioambientales conlleva que se genere una cantidad considerable cantidad de datos, los cuales han de ser informáticamente analizados.

Los estudiantes tendrán la oportunidad de analizar ellos mismos datos crudos de secuenciación masiva. Dichas muestras provienen de biopsias de diferentes regiones del tracto digestivo humano, saliva y heces de un grupo de 25 pacientes (8 muestras por paciente).

El análisis de datos se realizará usando plataformas de anotación taxonómica, programas de informática y programas de estadística, los cuales están disponibles online o instalados bien en el ordenador personal o en un servidor local, en función de la memoria requerida para el análisis.

Todas estas herramientas rara vez están reflejadas en los programas didácticos de Biología, Bioquímica, Biotecnología, Ciencias Ambientales, Farmacia, Química, etc.. o en Programas de Master o de Doctorado, incluso a nivel Europeo. Por lo tanto, los estudiantes necesitan cursos complementarios que implementen interdisciplinariamente su conocimientos en la materia.

Por ello, el objetivo principal de este curso es dotar a los estudiantes de conocimientos complementarios a sus respectivos estudios universitarios para que sean capaces de analizar los datos derivados de la secuenciación masiva.

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 (Richnness, 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 marzo de 2020

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, 31 de marzo de 2020

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

### Miércoles, 1 de abril de 2020

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

### Jueves, 2 de abril de 2020

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

### Viernes, 3 de abril de 2020

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

