

# Herramientas bioinformáticas para el análisis de datos ómicos

Francisco García García  
Bioinformatics & Biostatistics Unit. CIPF



Unidad de  
Bioinformática y  
Bioestadística



PRINCIPE FELIPE  
CENTRO DE INVESTIGACION



# WODA

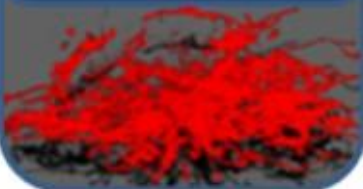
WEB-BASED OMICS DATA ANALYSIS

The UBB-CIPF is a technical and scientific unit that aims to **promote biomedical research** from the interaction with the groups and services of our center.

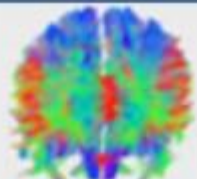


PRINCIPE FELIPE  
CENTRO DE INVESTIGACION

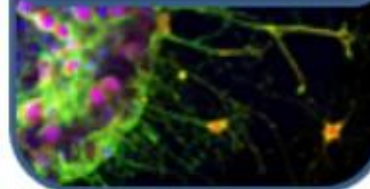
Molecular Basis  
of Human  
Diseases



Neuroinflammation  
and neurological  
impairment



Advanced  
Therapies



New Technologies  
For Biomedical  
Research





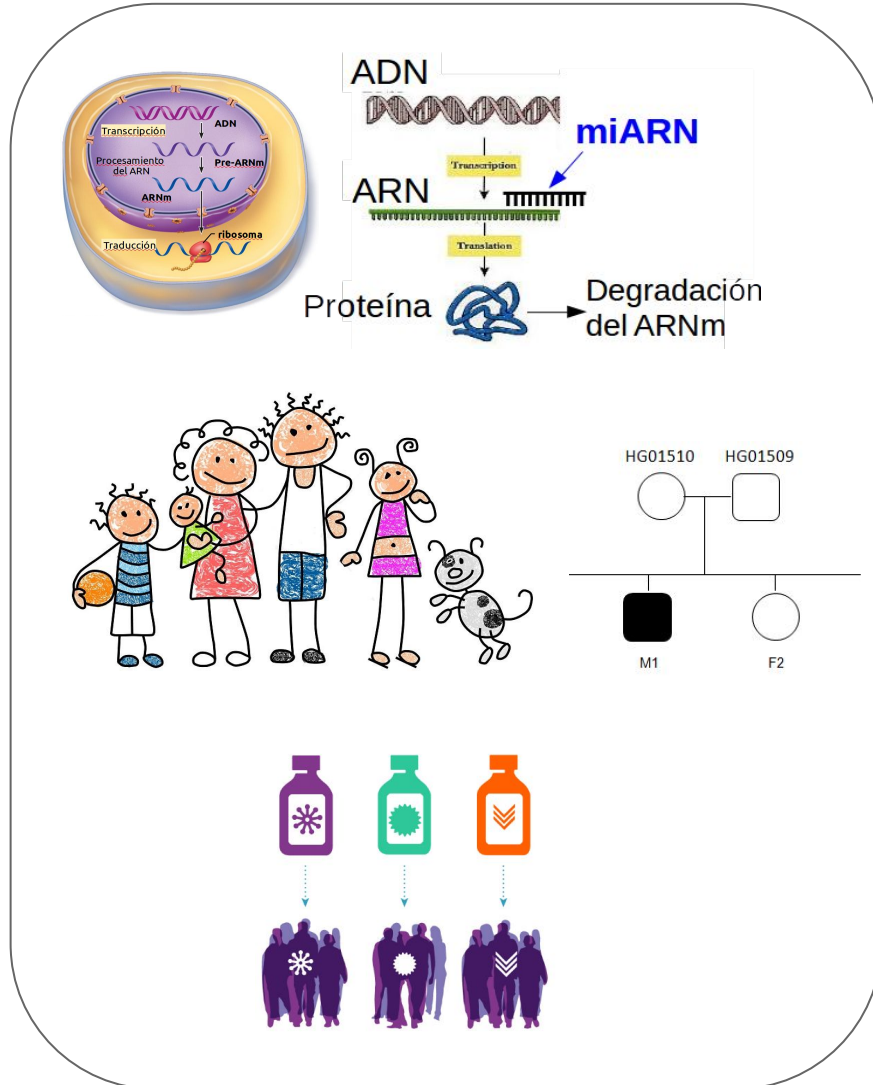
# UBB team



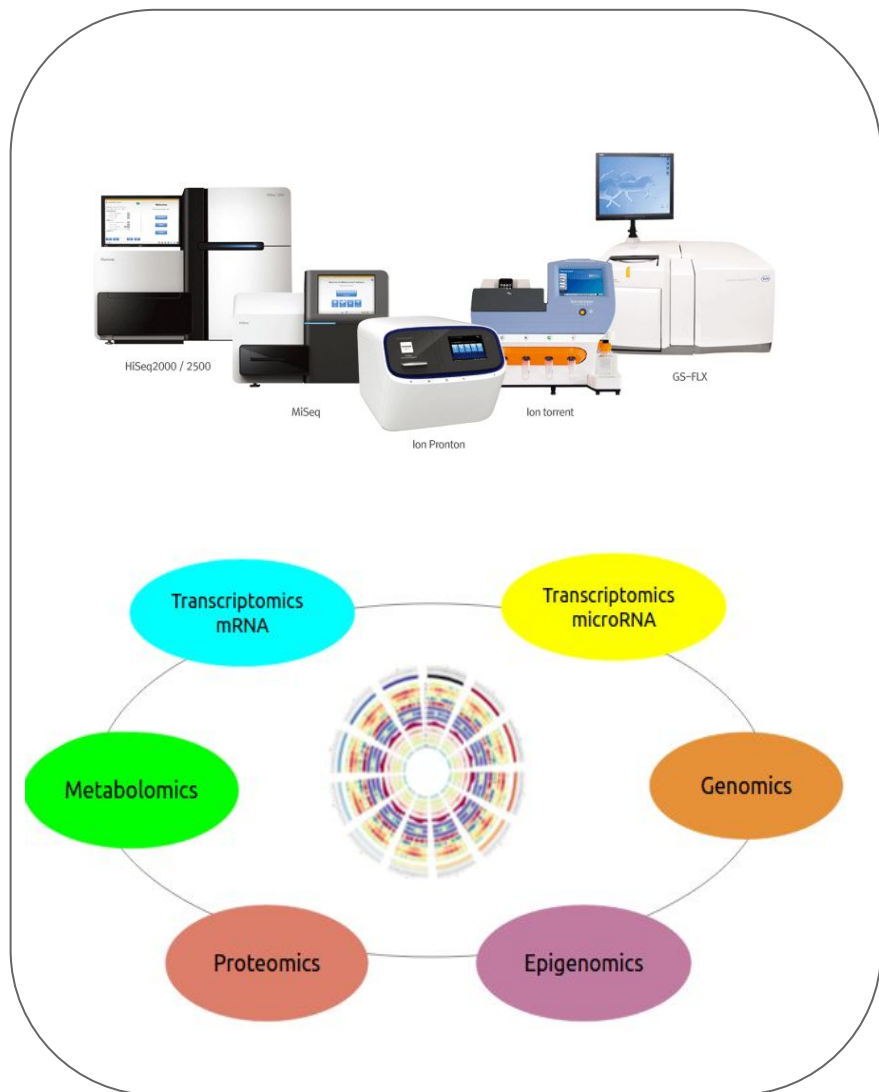
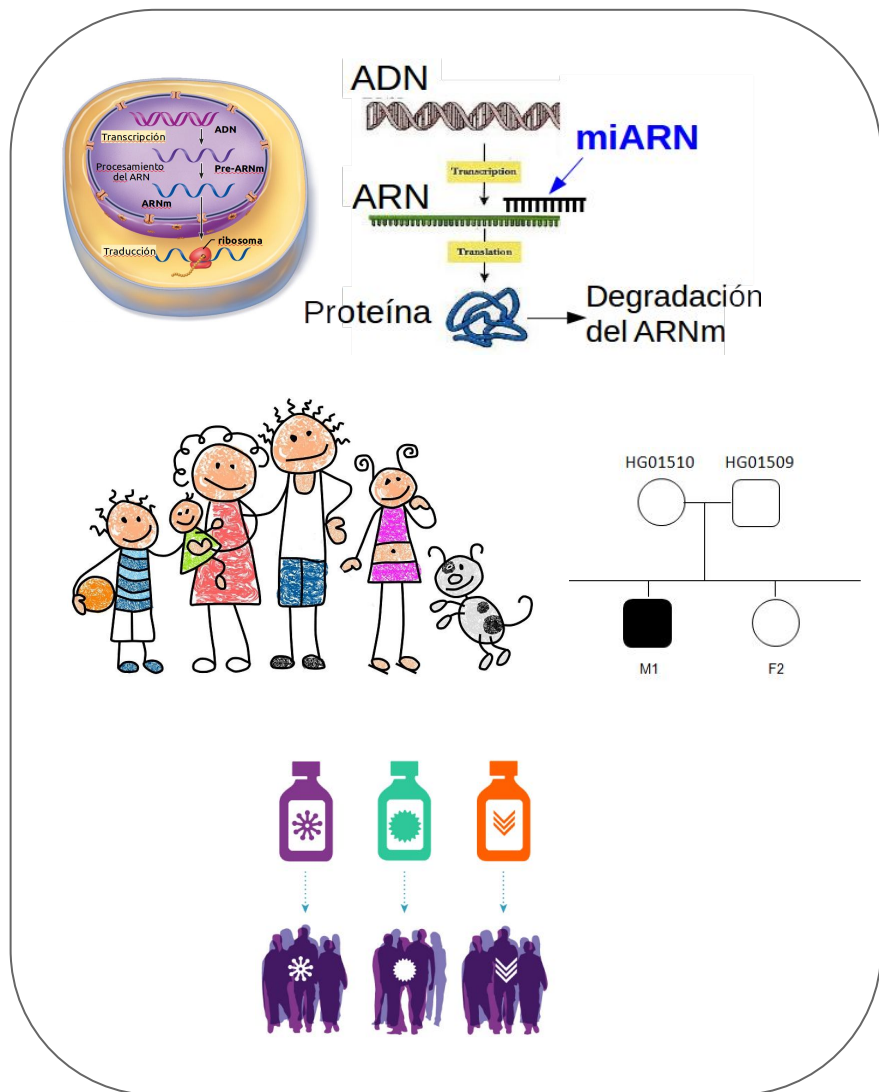
<http://bioinfo.cipf.es/ubb/>



# Why this Unit at CIPF?



# Why this Unit at CIPF?



# What activities do we do?



Bioinformatics &  
Biostatistics Unit



# UBB activities

1. Consulting

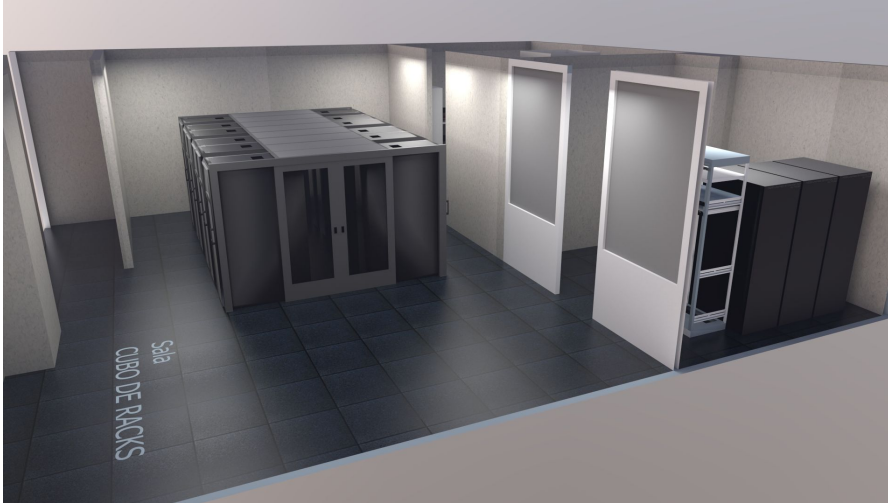
2. Teaching

3. Cluster  
coordination

4. Research



# UBB activities



## 3. Cluster coordination

- Computing cluster 44 nodes
- 600 CPU's
- RAM 11 TB
- 1 PB (130.000 DVDs)

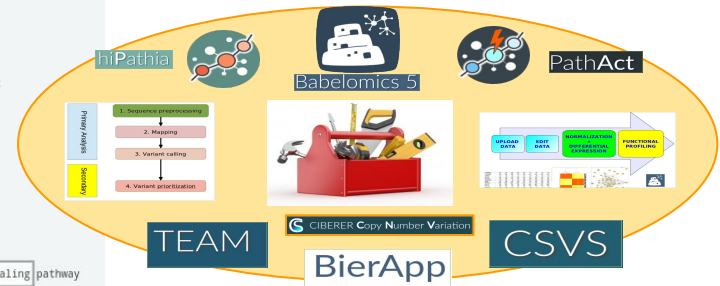
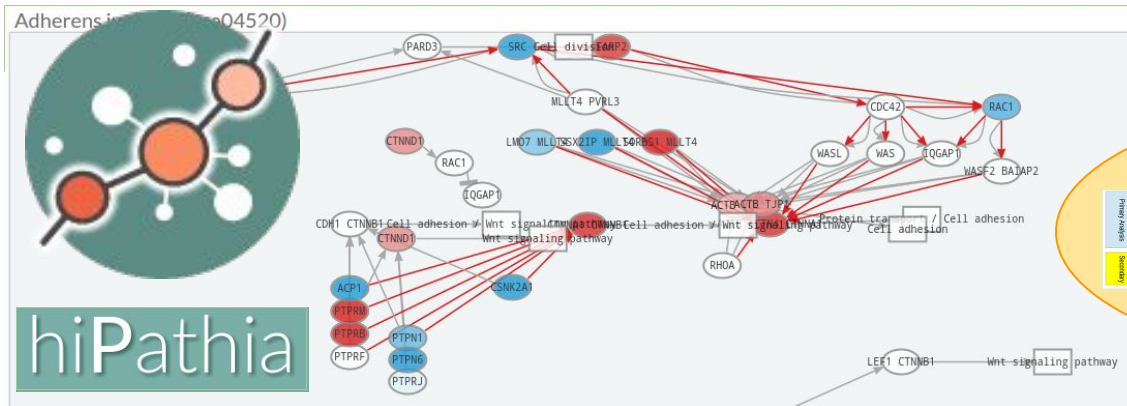
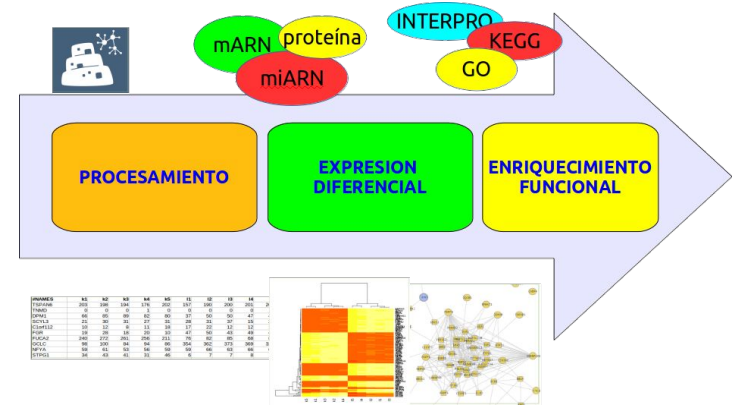




# UBB activities

## 4. Research activities

- **Methods** for omics data analysis
- Research **projects**





# WEB-BASED OMICS DATA ANALYSIS

# WODA

17 - 21 June 2019

## MAIN TOPICS:

- Basic statistical backgrounds
- Main biological/clinical databases
- Differential expression
- Functional analysis
- Pathway analysis tools
- Phylogeny

**A course specifically designed to learn how to perform a NGS analysis pipeline in the simplest way**



Unidad de  
Bioinformática y  
Bioestadística



# What is WODA?

---



A Practical course

Web-based resources

Free tools

Start point: processed or normalized data

Any laptop or pc



Programming skills

Raw data processing

Powerful computational infrastructure

# Toolbox

---



# Omic tools toolbox

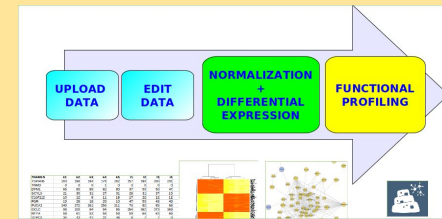
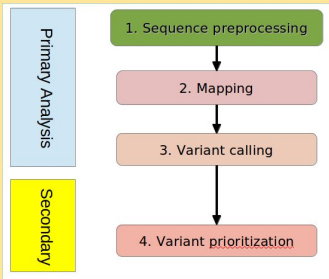
hiPathia



Babelomics 5



PathAct



TEAM

CIBERER Copy Number Variation

BierApp

CSVS

# Program. Day 1

---

## Lunes 17 Junio

### Introducción a GNU/Linux

- 09:00 – 09:30 Bienvenida y descripción general del curso. Francisco García
- 09:30 – 10:45 Introducción al software libre. GNU/Linux. Javier Sepúlveda
- *10:45 – 11:00 Break*
- 11:00 – 12:15 Introducción al software libre. GNU/Linux. Javier Sepúlveda
- 12:15 – 13:00 La utilidad del terminal de comandos. Jordi Durban
- *13:00 – 14:30 Comida*
- 14:30 – 17:00 La utilidad del terminal de comandos. Ejercicios. Jordi Durban

# Program. Day 2

---

Martes 18 Junio

Introducción a las tecnologías de alto rendimiento y análisis de datos ómicos

- 09:00 – 10:45 Introducción a las tecnologías de alto rendimiento, ómicas, herramientas y recursos web. pipelines de análisis de datos ómicos. Irene Pérez
- 10:45 – 11:00 *Break*
- 11:00 – 13:00 Métodos estadísticos. Marta Hidalgo
- 13:00 – 14:30 *Comida*
- 14:30 – 17:00 Detección de biomarcadores en estudios con datos ómicos. Francisco García
  -  Presentación
  - Herramientas: Babelomics, <http://babelomics.bioinfo.cipf.es/> utilizando Firefox browser
  - Ejercicios
    1. Metabolomics, Proteomics, Transcriptomics from arrays,...
    2. RNA-Seq, microRNA-Seq,...

# Program. Day 3

---

Miércoles 19 Junio

Análisis de datos ómicos

- 09:00 – 10:45 Priorización de genes. Sandra Alandes
  - Herramientas web: [ENDEAVOUR: Gene prioritization](#), [BEEGLE: Search genes from diseases](#)
  - Ejercicios: [📄 endeavour.zip](#)
- 10:45 – 11:00 Break
- 11:00 – 13:00 Caracterización funcional de resultados ómicos: análisis de enriquecimiento y análisis de interacción proteína-proteína. Ejercicios. Francisco García
  - [📄 Presentación](#)
  - Herramientas web: [PANTHER: Classification System](#), [STRING: functional protein association networks](#)
  - Ejercicios:
    - [A\) Caracterización funcional con PANTHER](#)
    - [B\) Redes de interacción proteína-proteína con STRING](#)
- 13:00 – 14:30 Comida
- 14:30 – 17:00 Análisis de rutas de señalización (<http://hipathia.babelomics.org/>). Marta Hidalgo



# Program. Day 4

---

## Jueves 20 Junio

### Análisis filogenético

- 09:00 – 10:45 Introducción a la filogenia: alineamientos y modelos evolutivos (I). [Mariana López](#)
- 10:45 – 11:00 *Break*
- 11:00 – 13:00 Introducción a la filogenia: alineamientos y modelos evolutivos (II). [Mariana López](#)
- 13:00 – 14:30 *Comida*
- 14:30 – 17:00 Prácticas con [Phylemon2](#). [Jordi Durban](#)

# Program. Day 5

---

## Viernes 21 Junio

Casos prácticos con datos reales y conclusiones

- 09:00 – 10:45. Jordi Durban
- *10:45 – 11:00 Break*
- 11:00 – 12:30 Sergio Romera
- 12:30 – 13:00 Cierre del curso. Francisco García

# Logistics

---

- wiki:  
<http://bioinfo.cipf.es/WODA.CSIC/doku.php/program>
- lunch menu: 13h
- certificates

# Any question?

---

