

Temario

Nombre del Curso

Metagenómica Funcional

Fecha: 18 al 22 de noviembre 2024

Lugar/Sede: Aula de computo del área de Posgrado. CIBNOR

Horario: 9 am a 5 pm

Visión

Aumentar la competitividad de los estudiantes que demandan herramientas para de análisis intensivo de datos biológicos a través de una formación y aprendizaje, ofertando una capacitación sobre las mas nuevas herramientas bioinformáticas con una filosofía de actualización continua.

Misión

Los Cursos del Laboratorio de Genómica y Bioinformática del CIBNOR aspiran a ser Cursos de referencia en el panorama de análisis intensivo de datos biológicos, por la innovación constante de su programa acorde a como evolucionan las plataformas de análisis, por su proyección Nacional e internacional al incorporar a Profesores lideres en bioinformática de reconocidas Instituciones, y por la calidad de su organización

Objetivo

Adquirir conocimientos y competencias en el uso de herramientas bioinformáticas y flujos de trabajo para el procesamiento, edición y análisis de datos de secuenciación WMS (Whole Metagenome Shotgun) que incluye anotación taxonómica y funcional, así como la reconstrucción de genomas *de novo*.

Coordinación general: Dr. Ricardo Vázquez Juárez

Coordinación UANL: Dr. Benito Pereyra Alférez

Instructores participantes/Institución:

Dr. Miguel A. Martínez Mercado

Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S.C.

Email: marmigues@gmail.com

Dra. Elizabeth Ernestina Godoy Lozano

Departamento de Bioinformática en Enfermedades Infecciosas

Instituto Nacional de Salud Pública

Email: elizabeth.godoy@insp.mx

Temario

Temario

Lunes 18 noviembre

Expositor: Miguel A. Martínez Mercado

Tema 1 : Introducción a Linux (8 horas)

Martes 19 noviembre

Expositor: Ernestina Godoy Lozano

Tema 2: Introducción al curso (8 horas)

Subtemas

- 2.1. Tecnologías de secuenciación de ADN
- 2.2. Antecedentes y generalidades de metagenómica
- 2.3. Generalidades de herramientas usadas en análisis taxonómicos y funcionales

Miercoles 20 noviembre

Expositor: Ernestina Godoy Lozano

Tema 3. Análisis de perfil taxonómico (8 horas)

Subtemas

- 3.1. Estrategias de anotación taxonómica en WMS: genes marcadores y espectros de k-meros (Kraken2)
- 3.2. Normalización de matrices de abundancia
 - 3.2.1. Abundancia relativa
 - 3.2.2. Rarefacción
 - 3.2.3. MetagenomeSeq
- 3.3. Representación gráfica de perfil taxonómico (Kronas y grafica de barras apiladas)
- 3.4. Índices de diversidad alfa y beta (esfuerzo de muestreo, calculo de métricas de diversidad, agrupamiento de muestras y cálculo de dispersión)

Jueves 21 noviembre

Expositor: Miguel Martínez Mercado / Ernestina Godoy

Tema 4. Reconstrucción de genomas *de novo* y pangenomas (8 horas).

Subtemas

- 4.1. Ensamble metagenómico (Megahit)
- 4.2. Reconstrucción de genomas *de novo* (MetaWrap)
- 4.3. Anotación taxonómica de MAGs y obtención de árboles filogenéticos (GTDBtk)
- 4.4. Visualización de árboles filogenéticos (iTOL)
- 4.5. Cálculo de ANI (pyani)
- 4.6. Análisis pangenómico (ProteinOrtho)
- 4.7. Alineamiento de genomas múltiple (demostración con BRIG)

Temario

Viernes 22 noviembre

Expositor: Miguel Martínez Mercado

Tema 5. Anotación funcional (8 horas)

Subtemas

- 5.1. Bases de datos y programas para anotación funcional
- 5.2. Herramientas en línea para anotación funcional
- 5.3. Inferencia de función en genomas
- 5.4. Inferencia de función en metagenomas (humann2)

Análisis, discusión y retroalimentación