

Curso práctico Iniciación a la Metagenómica

 UNIVERSIDAD
DE LA RIOJA

 CNB
CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGÍA



 UNCUYO
UNIVERSIDAD
NACIONAL DE CUYO
Laboratorio de
Biotecnología (FCAI)

Fechas: 1 al 15 de septiembre de 2021

Modalidad: Online,

Horario: lunes a viernes

15:30-18:00h (GMT+2)

10:30-13:00 (GMT-3)

Coordinación: Fernanda Ruíz-Larrea (U. Rioja)
Profesores: y Vilma I. Morata (UNCuyo)

Rocío Fernández Pérez (U. Rioja)

Jose R. Valverde (CNB-CSIC)

Inscripción y contacto:

Dra. Fernanda Ruíz-Larrea

<fernanda.ruiz@unirioja.es>

Curso Práctico de Iniciación a la Metagenómica

Este curso proporcionará la formación práctica necesaria para el procesamiento y análisis de datos procedentes de técnicas de secuenciación masiva (Next Generation Sequencing; NGS) centrada particularmente en su aplicación al análisis metagenómico de muestras de diversos ambientes.

Objetivos

El curso está especialmente diseñado para dar una formación práctica a investigadores de ámbitos de la Biología Molecular, la Microbiología y la Biotecnología. El aprendizaje estará basado en la realización de ejercicios prácticos de análisis de secuencias de DNA y el empleo de programas de software de libre acceso para la identificación taxonómica de aislados, la anotación de genomas bacterianos y el análisis metagenómico de poblaciones bacterianas y fúngicas de ambientes diversos.

Información del curso

Destinatarios: Investigadores y estudiantes predoctorales de la Universidad de La Rioja, de la Universidad Nacional de Cuyo y del CNB.

Número de plazas: 17

Fecha: del 1 al 15 de septiembre 2021

Duración: 22 horas

Horario: Lunes a Viernes de 15:30 a 18:00 h (horario de España); de 10:30 a 13:00 h (horario Argentina)

Modalidad: On line

Idioma: Español

Coordinación: Dra. Fernanda Ruíz-Larrea, Profesora de la Universidad de La Rioja y Dra. Vilma I. Morata, Profesora del Laboratorio de Biotecnología (FCAI) de la Universidad Nacional de Cuyo.

Inscripción: enviar [solicitud](mailto:fernanda.ruiz@unirioja.es) a: fernanda.ruiz@unirioja.es

El plazo de solicitud de inscripción finalizará el día 25 de agosto 2021. Una vez recibida la aceptación de su solicitud, el estudiante dispondrá de un plazo de 7 días para formalizar la matrícula realizando el ingreso de la cuota del curso, en caso contrario la reserva será anulada.

Importe de la matrícula: 8000 ARS

Profesorado

Dr. José Ramón Valverde

Investigador de Informática Científica del Centro Nacional de Biotecnología, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (C.S.I.C., Madrid).

Dra. Rocío Fernández Pérez

Profesora de Biología Molecular del Departamento de Agricultura y Alimentación, Universidad de La Rioja (Logroño).

Temario

1. INICIACIÓN AL ANÁLISIS TAXONÓMICO (Prof. RFP)

1.1. Identificación taxonómica de aislados bacterianos y fúngicos

En las primeras dos sesiones aprenderemos el método para la identificación taxonómica de aislados de bacterias o levaduras empleando el análisis de PCR de secuencias de DNA consenso (DNA barcoding) para la identificación de especies. A partir de la secuenciación de los amplicones obtenidos y el análisis bioinformático mediante comparación de las secuencias con datos de bancos de genes, obtendremos la identificación taxonómica de nuestro aislado.

1.2. Análisis clonal por MLST de aislados bacterianos

Una vez conocida la especie, el siguiente paso suele ser identificar el clon para diferenciarlo de otros clones de la misma especie. En la tercera sesión aprenderemos a realizar el análisis



vWISE- nº 872394

MSCA
RISE

clonal por el método denominado MLST (Multilocus Sequence Typing) de aislados bacterianos.

2. ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO (Prof. JRV)

2.1. Introducción a la línea de comandos

En esta introducción al análisis bioinformático aprenderemos a utilizar el lenguaje BASH (Bourne Again Shell) que nos permitirá trabajar con comandos escritos y emplear softwares que no funcionan en Windows pero que son imprescindibles para el análisis genómico y metagenómico.

2.2. Programación con la línea de comandos

Empeñando el lenguaje informático BASH aprenderemos a automatizar tareas complejas y repetitivas, lo que se denomina crear "pipelines" o "scripts".

3. ANOTACIÓN DE GENOMAS (Prof. JRV)

Aprenderemos a realizar el análisis bioinformático de datos de NGS en formato FastQ de secuencias de genomas completos de bacterias. El objetivo es conocer qué genes contiene ese genoma secuenciado. Esto es lo que se denomina "anotar" el genoma, o "reconstruir" el genoma. Emplearemos el programa RAST (Rapid Annotation using Subsystem Technology) que permite la anotación de genomas procariontes.

4. ANÁLISIS METAGENÓMICO (Prof. JRV)

4.1. Introducción a la Metagenómica

Partiremos de secuencias de NGS en formato FastQ obtenidas con la tecnología Illumina del análisis mediante metabarcoding de poblaciones bacterianas (16S Metagenomics) y de poblaciones de hongos (ITS Metagenomics). Aprenderemos a realizar el análisis bioinformático de los datos empleando el programa QUIIME2.

4.2. Análisis de la Biodiversidad

Aprenderemos a obtener curvas de rarefacción e índices de diversidad alfa y beta a partir de los datos de secuencias obtenidas en el análisis metagenómico de una población microbiana.

4.3. Análisis Taxonómico

Este análisis permite la identificación taxonómica de los microorganismos presentes en la muestra que hemos tomado de un determinado ecosistema que estamos estudiando.

4.4. Análisis Filogenético

El análisis filogenético muestra la relación genética entre los microorganismos que hemos encontrado en nuestras muestras. Aprenderemos a crear árboles filogenéticos, o dendrogramas que nos permitirán distinguir esas relaciones genéticas.

Programación del curso

Horario (España)	Horario (Argentina)		Profesor
1 de Septiembre de 2021			
15:30 - 17:00	10:30 - 12:00	Recepción en el aula virtual	FRL
		Presentación y documentación del curso. Introducción a Blackboard	
		Introducción al análisis taxonómico	FRL
17:00 - 18:00	12:00 - 13:00	Metodología y Práctica de Análisis taxonómico de aislados bacterianos.	RFP
		Tarea para trabajo autónomo	
2 de Septiembre			
15:30 - 17:30	10:30 - 12:30	Metodología y Práctica de Análisis taxonómico de aislados fúngicos	RFP
		Prácticas de análisis taxonómicos	
3 de Septiembre			
15:30 - 17:30	10:30 - 12:30	Análisis clonal por MLST de aislados bacterianos	RFP
		Metodología y Prácticas del análisis por MLST (multilocus sequence typing)	
6 de Septiembre			
15:30 - 17:30	10:30 - 12:30	Bioinformática. Introducción a la línea de comandos	JRV
		Los sistemas derivados de UNIX (como Linux o MacOS) pueden usarse tanto con ventanas como con comandos escritos. En estas dos horas aprenderemos a trabajar con comandos escritos (abrir y cerrar carpetas, dar órdenes, combinar comandos...) usando BASH.	

Horario (España)	Horario (Argentina)		Profesor
7 de Septiembre			
15:30 - 17:30	10:30 - 12:30	Anotación Genómica	JRV
		Una vez que tenemos la secuencia completa de un genoma, el siguiente paso suele ser averiguar qué contiene. En estas dos horas reconstruiremos un genoma con referencia y usaremos RAST (Rapid Annotation using Subsystem Technology) para anotar genomas procariontes de forma sencilla.	
8 de Septiembre			
15:30 - 17:30	10:30 - 12:30	Bioinformática. Programación con la línea de comandos	JRV
		La gran ventaja de la línea de comandos consiste en la capacidad de automatizar el trabajo evitando tareas repetitivas o memorizar tareas complejas. En estas dos horas aprenderemos a escribir "scripts" (guiones) para automatizar tareas usando BASH.	
9 de Septiembre			
15:30 - 17:30	10:30 - 12:30	Introducción a la metagenómica	JRV
		La metagenómica moderna aprovecha NGS para analizar grandes cantidades de datos y aprenderemos a utilizar el programa QUIIME2. En estas dos horas aprenderemos a filtrar los datos de baja calidad, clasificar datos por código de barras y limpiarlos de secuencias no interesantes (primers, barcodes, quimeras, contaminantes...).	
10 de Septiembre			
15:30 - 17:30	10:30 - 12:30	Biodiversity analysis (alfa y beta)	JRV
		Al nivel más sencillo podemos preguntarnos cuánta biodiversidad hay en las muestras. Para ello clasificamos las secuencias de acuerdo a su similitud en OTUs (Operational Taxonomic Units) o biodiversidad alfa, para comparar las muestras o biodiversidad beta. En estas dos horas aprenderemos a hacerlo e interpretarlo.	
13 de Septiembre			
15:30 - 17:30	10:30 - 12:30	Análisis taxonómico	JRV
		Tras medir la biodiversidad, la pregunta inmediata es qué especies están presentes usando una clasificación taxonómica de las secuencias. No todas serán identificables, lo que impondrá un abordaje específico que aprenderemos a manejar en estas dos horas.	
14 de Septiembre			
15:30 - 17:30	10:30 - 12:30	Análisis filogenético	JRV
		Un análisis filogenético nos permitirá distinguir qué conjuntos de datos se parecen más entre sí haciendo una clasificación filogenética de las secuencias y comparando las distintas clasificaciones. En estas dos horas aprenderemos a realizar clasificaciones jerárquicas usando estos métodos.	
15 de Septiembre			
15:30 - 17:30	10:30 - 12:30	Perspectivas	JRV
		En esta última sesión, resolveremos dudas y echaremos una ojeada a otros métodos empleados en metagenómica para analizar datos de genomas comunitarios obtenidos mediante secuenciación en shotgun.	



UNCUYO
UNIVERSIDAD
NACIONAL DE CUYO
Laboratorio de
Biotecnología (FCAI)

UNIVERSIDAD DE LA RIOJA

CNB
CENTRO NACIONAL DE BIOTECNOLOGÍA
CSIC