



Universidad de Buenos Aires
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

QBA 2019

9

Ref. Expte. N° 7542/2019

Ciudad Autónoma de Buenos Aires,

25 NOV 2019

VISTO

La nota a foja 1 presentada por la Dirección del Departamento de Química Biológica, mediante la cual eleva la información del curso de posgrado **Introducción a la Metagenómica** para el año 2019,

CONSIDERANDO

Lo actuado por la Comisión de Doctorado,

Lo actuado por la Comisión de Posgrado,

Lo actuado por la Comisión de Presupuesto y Administración,

Lo actuado por este Cuerpo en la sesión realizada en el día de la fecha,

En uso de las atribuciones que le confiere el Artículo 113° del Estatuto Universitario,

EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES RESUELVE:

ARTÍCULO 1°: Aprobar el nuevo curso de posgrado **Introducción a la Metagenómica** de 40 horas de duración, que será dictado por el Dr. Adrián Turjanski con la colaboración de los Dres. Marcelo Martí y Leonardo Erijman.

ARTÍCULO 2°: Aprobar el programa del curso de posgrado **Introducción a la Metagenómica** obrante a fs. 3/4, para su dictado del 2 al 6 de diciembre 2019.

ARTÍCULO 3°: Aprobar un puntaje máximo de dos (2) puntos para la Carrera del Doctorado.

ARTÍCULO 4°: Aprobar un arancel de \$1500 (pesos mil quinientos) estableciendo que dicho arancel estará sujeto a los descuentos y exenciones estipulados mediante la Resolución CD N° 1072/19. Disponer que los fondos recaudados ingresen en la cuenta presupuestaria habilitada para tal fin, y sean utilizados de acuerdo a la Resolución 072/03.

ARTÍCULO 5°: Disponer que de no mediar modificaciones en el programa, la carga horaria y el arancel, el presente Curso de Posgrado tendrá una vigencia de cinco (5) años a partir de la fecha de la presente Resolución.

ARTÍCULO 6°: Comuníquese a todos los Departamentos Docentes, a la Dirección de Estudiantes y Graduados, a la Dirección de Movimiento de Fondos, a la Dirección de Presupuesto y Contabilidad, a la Biblioteca de la FCEyN y a la Secretaría de Posgrado con copia del programa incluida. Cumplido, archívese.

2875

RESOLUCIÓN CD N° _____

SP-GA- 05/11/2019


Dr. PABLO J. GROISMAN
Secretario Adjunto de Posgrado
FCEyN - UBA


DR. JUAN CARLOS REBORES
DECANO



Necesidades materiales del curso:

Aula con pizarrón y proyector para la teoría.
Aula con computadoras para la resolución de problemas (práctica).
Material impreso
Coffee break
Material descartable

1-b-

Programa analítico del curso con Bibliografía (puede adjuntarse en hojas separadas):

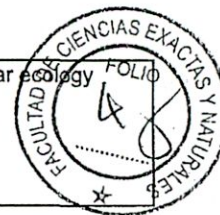
Programa Analítico

1. Introducción a las tecnologías de Secuenciación de Nueva Generación (NGS): Cómo y cuándo surgen las tecnologías NGS. Cómo funcionan las tecnologías NGS. Qué clases de lecturas se pueden obtener. Qué equipos hay en el mercado y cuáles son sus características. Cuál es el impacto de NGS en las ciencias ómicas. A dónde evolucionan las tecnologías de NGS.
2. Introducción a la metagenómica: Qué es la metagenómica? Historia. Usos, aplicaciones y alcances de la disciplina. Cómo impacta la metagenómica en el estudio de los organismos no cultivables (Materia Oscura Microbiana). Principales sesgos y problemas de la metagenómica. Repositorios y bases de datos (ENA, NCBI, MGnify y MG-RAST).
3. Diagrama de flujo de un proyecto metagenómico: Diseño experimental. Muestreo y secuenciación. Control de calidad y pre-procesamiento de las lecturas. Anotación funcional y taxonómica de las lecturas. Bases de datos para la anotación: KEGG, COG, SEED, PFAM, RFAM, etc. Ensamblado de las lecturas por solapamiento o por grafos de De Bruijn. Evaluación de la calidad del ensamblado. Predicción de promotores, ARNs codificantes y no codificantes, marcos de lectura abiertos y elementos genéticos móviles.
4. Obtención de genomas ensamblados a partir de metagenomas (MAGs). Análisis de calidad de los MAGs. Dereplicación. Anotación taxonómica y funcional de los MAGs. Genome Properties.
5. Análisis comparativos de metagenomas: Métodos exploratorios de visualización de metagenomas: gráficos de barras (bar plots), mapas de calor (heat maps), diagramas de Venn, gráficos de burbujas (Bubble plots), gráficos de la magnitud del efecto (Effect-size plots), etc. Sistemas de ordenación: PCA, PCoA, NMDS, etc. ¿Son dos grupos de metagenomas estadísticamente diferentes en su composición microbiana y/o funcional?: ANOSIM, PERMANOVA, PERMADIST, etc.
6. Análisis de biodiversidad a partir de códigos de barra genéticos (barcodes): Concepto de código de barra genético. Genes 16S rRNA e ITS. Unidades Taxonómicas Operativas (OTUs). Concepto de metabarcoding. Diagrama de flujo de un proyecto de metabarcoding. Proyecto del Microbioma Humano y proyecto del Microbioma Terrestre.

Bibliografía

1. Logares R, Haverkamp TH, Kumar S, Lanzén A, Nederbragt AJ, Quince C, Kausnerud H. (2012). Environmental microbiology through the lens of high-throughput DNA sequencing: synopsis of current platforms and bioinformatics approaches. *J Microbiol Methods*:91(1):106-13.
2. Christopher Quince, Alan W Walker, Jared T Simpson, Nicholas J Loman & Nicola Segata. (2017). Shotgun metagenomics, from sampling to analysis. *Nature Biotechnology*, volume 35, pages 833-844
3. Jason R. Miller, Sergey Koren, and Granger Sutton (2010). Assembly Algorithms for Next-Generation Sequencing Data. *Genomics*: 95(6): 315-327.
4. Roumpeka DD, Wallace RJ, Escalettes F, Fotheringham I, Watson M. (2017). A Review of Bioinformatics Tools for Bio-Prospecting from Metagenomic Sequence Data. *Frontiers in genetics* 8:23.
5. Tringe, Susannah Green, et al. Comparative metagenomics of microbial communities. *Science* 308.5721 (2005): 554-557.
6. Handelsman, Jo. Metagenomics: application of genomics to uncultured microorganisms. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* 68.4 (2004): 669-685.
7. Meyer, Folker, et al. The metagenomics RAST server—a public resource for the automatic phylogenetic and functional analysis of metagenomes. *BMC bioinformatics* 9.1 (2008): 386.
8. Lorenz, Patrick, and Jürgen Eck. Metagenomics and industrial applications. *Nature Reviews Microbiology* 3.6 (2005): 510.
9. Streit, Wolfgang R., and Ruth A. Schmitz. Metagenomics—the key to the uncultured microbes. *Current opinion in microbiology* 7.5 (2004): 492-498.
10. Kunin, Victor, et al. A bioinformatician's guide to metagenomics. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* 72.4 (2008): 557-578.

11. Taberlet, Pierre, et al. Towards next-generation biodiversity assessment using DNA metabarcoding. *Molecular ecology* 21.8 (2012): 2045-2050.
12. Huson, Daniel H., et al. Methods for comparative metagenomics. *BMC bioinformatics* 10.1 (2009): S12.
13. Streit, Wolfgang R., and Rolf Daniel. *Metagenomics*. Springer New York, 2017.



1-c-

Actividades prácticas propuestas (puede adjuntarse en hojas separadas):

Actividades prácticas propuestas

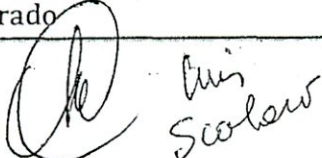
Las siguientes actividades prácticas corresponden a Trabajos Prácticos computacionales, donde se espera que los alumnos realicen principalmente actividades de manipulación y análisis de datos.

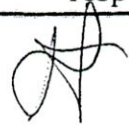
Los datos que se utilizan en los Trabajos Prácticos corresponden a datos de secuenciación reales, obtenidos de bases de datos públicas.

1. Manejo básico de Unix y RStudio.
2. Control de calidad y pre-procesamiento de lecturas nucleotídicas. Uso de las herramientas bioinformáticas Prinseq y Trimmomatic en la terminal de Unix.
3. Anotación funcional y taxonómica de las lecturas nucleotídicas. Uso de los "pipelines" de anotación MGnify y MG-RAST (servidores web).
4. Ensamblado de lecturas nucleotídicas. Uso de las herramientas bioinformáticas SPAdes y metaSPAdes en la terminal de Unix.
5. Evaluación de la calidad del ensamblado. Uso de las herramientas bioinformáticas QUAST y Bowtie2 en la terminal de Unix.
6. Binning y dereplicación de metagenomas ensamblados. Uso de las herramientas bioinformáticas METAWRAP y CheckM en la terminal de Unix.
7. Anotación funcional de genomas y metagenomas ensamblados. Uso de los "pipelines" de anotación InterProScan y Genome Properties en la terminal de Unix.
8. Análisis comparativos de metagenomas. Elaboración de gráficos de barras (bar plots), mapas de calor (heat maps), diagramas de Venn, gráficos de burbujas (Bubble plots), gráficos de la magnitud del efecto (Effect-size plots), etc en RStudio.
9. Análisis de composición microbiana a partir de amplicones de 16S rRNA e ITS (metabarcoding). Uso de las herramientas bioinformáticas DADA2 y Phyloseq en RStudio.

(*) Todos los cursos tendrán una validez de 5 años

(*)(*) Las actualizaciones de los docentes colaboradores son informados por la Dirección departamental al inicio de cada dictado del curso

Firma Subcomisión Doctorado


Firma del docente responsable


E-mail y teléfono del docente responsable

adrian@qi.fcen.uba.ar	011 2455 1001
-----------------------	---------------