

## CURSO Metagenómica de bacterias

Elaborado por: M. en C. Rita Karen Pacheco Cabañas Duración: 24 horas

### Objetivo.

Este curso cubrirá el flujo de trabajo de análisis de datos metagenómicos desde el punto de datos de secuencias recién generados. Los participantes explorarán el uso de recursos y herramientas disponibles públicamente para gestionar, compartir, analizar e interpretar datos metagenómicos. El contenido incluirá cuestiones relacionadas con el control de calidad de los datos. Aunque en las sesiones se detallarán los enfoques basados en marcadores genéticos y en shotgun del genoma completo (WGS), así como en los enfoques basados en el ensamblaje. También explorarán las consideraciones para tener en cuenta a la hora de ensamblar datos metagenómicos, y herramientas de análisis posteriores disponibles.

### Perfil de ingreso.

Dirigido a personas interesadas en profundizar en el estudio análisis del microbioma. Se requieren conocimientos biología molecular, así como conocimiento básico de lenguaje de programación.

### Perfil de egreso.

El egresado contará con los conocimientos y herramientas teórico-metodológicas de vanguardia que le permitan desarrollar un análisis metagenómico.

## Temario.

### 1. Introducción a la Metagenómica

- o Anotaciones de metadatos en la minería de datos a gran escala
- o Secuenciación del metagenoma - metagenómica de shotgun de genoma completo
- o Aplicación de la metabolómica y la proteómica a la metagenómica
- o Limitaciones de los algoritmos de ensamblaje

### 2. Tipos de datos del microbioma:

- o Enfoques de amplicón (ARN ribosómico)
- o Enfoques de shotgun de genoma completo (WGS)
- o Ensamblaje y genomas metagenómicos ensamblados (MAG)

### 3. Flujo de trabajo de generación de MAG:

- o Control de calidad y descontaminación
- o Ensamblaje de lecturas cortas
- o Binning de ensamblajes

### 4. Análisis de datos metagenómicos:

- o análisis taxonómico
- o análisis funcional
- o resolución de cepas
- o análisis comparativo