DOCTORADO en CIENCIAS BIOMÉDICAS

RESUMEN DEL CURSO O TÓPICO

Aspectos generales

Título:	Curso práctico de Genómica, Metagenómica y Transcriptómica
Programas de posgrado o planes de estudio en donde se ofertará adicionalmente:	
Ninguno	
Área del conocimiento:	Genética, genómica y bioinformática
Semestre:	2024-2
Modalidad:	Curso fundamental
Horario:	Del 19 de Febrero al 01 Marzo, 2024, 9 am a 1 pm
No. sesiones:	10
Horas por sesión:	4.0
Total alumnos PDCB:	12
Total alumnos:	12
Videoconferencia:	No
Lugar donde se imparte:	Aula de la licenciatura en Ciencias Genómicas, Centro de Ciencias Genómicas, UNAM Campus Morelos, Cuernavaca
Informes:	NA

Métodos de evaluación

MÉTODO	PORCENTAJE	NOTAS
Examen	60%	
Presentación	40%	

Contribución de este curso/tópico en la formación del alumnado del PDCB:

El curso dotará a los alumnos con el acervo no solo con el fin de que entiendan análisis genómicos sino que también los puedan implementar.

Profesor (a) responsable

Nombre:	Castillo Ramírez Santiago
Teléfono:	(55) 56 22 78 16
Email:	iago@ccg.unam.mx

Profesores (as) participantes

PARTICIPANTE	ENTIDAD O ADSCRIPCIÓN	SESIONES
CASTILLO RAMÍREZ SANTIAGO Responsable	Centro de Ciencias Genómicas	Evaluación Presentación del curso y plática introductoria
GUERREO RUIZ GABRIELA Integrante	Centro de Ciencias Genómicas	Homología y Pangenómica Unix y servidores
HERNÁNDEZ ALVAREZ ALFREDO Integrante	CCG	Unix y servidores
LOZANO AGUIRRE LUIS Integrante	CCG	Ensamble y Anotación Funcional de genomas Homología y Pangenómica Metagenómica shotgun
SÁNCHEZ PÉREZ MISHAEL Integrante	CCG	Análisis Transcriptómico Genoma de referencia Trinity Ensamble Transcriptómico de novo Trinity

Introducción

La genómica es fundamental para la investigación biológica y biomédica contemporánea. Sin embargo, la formación en dicha área no está suficientemente disponible en el posgrado. En ese sentido, la idea de este curso es proveer las bases teórico-prácticas en cuestiones de genómica comparativa, metagenómica y transcriptómica.

Temario

1. Presentación del curso y plática introductoria (Santiago, CCG)
2. Unix y servidores (Gabriela/Alfredo, CCG)
Comandos básicos
Tuberías y redireccionamientos
Transferencia de Archivos
3. Ensamble y Anotación Funcional de genomas (Luis, CCG)
Análisis de Calidad y limpieza
Ensambladores
Estadísticas de calidad de ensambles
Anotación funcional
4. Metagenómica Shotgun (Luis, CCG)
Análisis de calidad y limpieza
Ensamble metagenómico
Clasificación taxonómica
Visualización
5. Ensamble Transcriptómico de novo Trinity (Mishael, CCG)
Análisis de calidad y limpieza
Ensamble de novo
Expresión diferencial
Anotación funcional
6. Análisis Transcriptómico Genoma de referencia Trinity (Mishael, CCG)
Análisis de calidad y limpieza
Alineamiento
Expresión diferencial
Anotación funcional
7. Homología y Pangenómica (Gabriela/Luis, CCG)
Alineamiento local
Alineamiento global
Filogenómica

7. Evaluación (Santiago, CCG)
Examen y presentación de proyectos

Bibliografía

Sara Goodwin1, John D. McPherson2 and W. Richard McCombie. Coming of age: ten years of next generation sequencing technologies. 2016. Nature Reviews, doi:10.1038/nrg.2016.49
Eugene V. Koonin , Kira S. Makarova, and Yuri I. Wolf. Evolution of Microbial Genomics: Conceptual Shifts over a Quarter Century. . Trends in Microbiology, July 2021, Vol. 29, No. 7 https://doi.org/10.1016/j.tim.2021.01.005
fastQC: https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/index.html
trim_galore: https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/trim_galore/
Prjibelski, A., Antipov, D., Meleshko, D., Lapidus, A., & Korobeynikov, A. (2020). Using SPAdes de novo assembler. Current Protocols in Bioinformatics, 70, e102. doi: 10.1002/cpbi.102
Koren S, Walenz BP, Berlin K, Miller JR, Phillippy AM. Canu: scalable and accurate long-read assembly via adaptive k-mer weighting and repeat separation. Genome Research. (2017). doi:10.1101/gr.215087.116
Alexey Gurevich, Vladislav Saveliev, Nikolay Vyahhi and Glenn Tesler, QUAST: quality assessment tool for genome assemblies, Bioinformatics (2013) 29 (8): 1072-1075.
doi: 10.1093/bioinformatics/btt086
Seemann T. Prokka: rapid prokaryotic genome annotation. Bioinformatics 2014 Jul 15;30(14):2068-9. PMID:24642063
Felicia N. New and Ilana L. Brito. What Is Metagenomics Teaching Us, and What Is Missed? Annu. Rev. Microbiol. 2020. 74:117–35
Wood DE, Salzberg SL: Kraken: ultrafast metagenomic sequence classification using exact alignments. Genome Biology 2014, 15:R46.
Grabherr MG, Haas BJ, Yassour M, Levin JZ, Thompson DA, Amit I, Adiconis X, Fan L, Raychowdhury R, Zeng Q, Chen Z, Mauceli E, Hacohen N, Gnirke A, Rhind N, di Palma F, Birren BW, Nusbaum C, Lindblad-Toh K, Friedman N, Regev A. Full-length transcriptome assembly from RNA-seq data without a reference genome. Nat Biotechnol. 2011 May 15;29(7):644-52. doi: 10.1038/nbt.1883. PubMed PMID: 21572440.
Love MI, Huber W, Anders S (2014). “Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2.” Genome Biology, 15, 550. doi:10.1186/s13059-014-0550-8.
Tettelin H, Riley D, Cattuto C, Medini D. Comparative genomics: the bacterial pan-genome. Curr Opin Microbiol. 2008 Oct;11(5):472-7. doi: 10.1016/j.mib.2008.09.006. PMID: 19086349.
Andrew J. Page, Carla A. Cummins, Martin Hunt, Vanessa K. Wong, Sandra Reuter, Matthew T. G. Holden, Maria Fookes, Daniel Falush, Jacqueline A. Keane,

Julian Parkhill, "Roary: Rapid large-scale prokaryote pan genome analysis", Bioinformatics, 2015;31(22):3691-3693
doi:10.1093/bioinformatics/btv421