

Cronograma de Actividades

Nombre del Curso: **Metagenómica funcional**

FECHA	HORA	TEMA	EXPOSITOR
Lunes 27 de octubre	09:00 – 13:00 horas	• 1. Introducción a Linux • 2. Introducción al curso 2.1 Tecnologías de secuenciación de ADN - Caso estudio: Plataformas de Oxford Nanopore	Miguel A. Martínez Mercado
	13:00 – 15:00 horas		Elizabeth E. Godoy Lozano
	15:00 – 17:00 horas		Jesús N. Gutiérrez Rivera
Martes 28 de octubre	09:00 – 17:00 horas	Introducción al curso 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	Elizabeth E. Godoy Lozano
Miércoles 29 de octubre	09:00 – 17:00 horas	Análisis de perfil taxonómico 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	Elizabeth E. Godoy Lozano

Cronograma de Actividades

		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 30 de octubre	09:00 – 17:00 horas	Reconstrucción de genomas <i>de novo</i> y pangenomas (8 horas). Subtemas 4.1 Ensamble metagenómico (Megahit) 4.2 Reconstrucción de genomas <i>de novo</i> (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)	Miguel A. Martínez Mercado
----------------------	---------------------	--	----------------------------

Cronograma de Actividades

Viernes 31 de octubre	09:00 – 16:00 horas	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)	Miguel A. Martínez Mercado
	16: 00 –17:00 horas	Análisis, discusión y retroalimentación	Elizabeth E. Godoy Lozano