

Temario

Nombre del Curso **Metagenómica Funcional**

Modalidad: Presencial

Total de horas: 40 horas

Fecha: 27 al 31 de octubre 2025

Lugar/Sede: Aula de cómputo del área de Posgrado. CIBNOR

Horario: 9 am a 5 pm

Visión

Aumentar la competitividad de los estudiantes que demandan herramientas para de análisis intensivo de datos biológicos a través de una formación y aprendizaje, ofertando una capacitación sobre las más nuevas herramientas bioinformáticas con una filosofía de actualización continua.

Misión

Los cursos del Laboratorio de Genómica y Bioinformática del CIBNOR aspiran a ser cursos de referencia en el panorama de análisis intensivo de datos biológicos, por la innovación constante de su programa acorde a cómo evolucionan las plataformas de análisis, por su proyección nacional e internacional al incorporar a profesores líderes en bioinformática de reconocidas instituciones, y por la calidad de su organización

Objetivo

Adquirir conocimientos y competencias en el uso de herramientas bioinformáticas y flujos de trabajo para el procesamiento, edición y análisis de datos de secuenciación WMS (Whole Metagenome Shotgun) que incluye anotación taxonómica y funcional, así como la reconstrucción de genomas *de novo*.

Coordinación general: Dr. Ricardo Vázquez Juárez

Coordinación UABCS: Dra. Maurilia Rojas Contreras

Instructores participantes/Institución:

Dr. Miguel A. Martínez Mercado

Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S.C.

Email: marmiques@gmail.com

Dra. Elizabeth Ernestina Godoy Lozano

Departamento de Bioinformática en Enfermedades Infecciosas

Instituto Nacional de Salud Pública

Email: elizabeth.godoy@insp.mx

Dr. Jesús Neftalí Gutiérrez Rivera

Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S.C.

Email: jtali04@cibnor.mx

Temario

Temario

Lunes 27 octubre

Expositores: Miguel A. Martínez Mercado

Elizabeth E. Godoy Lozano

Jesús Neftalí Gutiérrez

Tema 1: Introducción a Linux (4 horas)

Tema 2: Introducción al curso (2 horas)

Subtemas

- 2.1. Tecnologías de secuenciación de ADN Oxford Nanopore (2 horas)

Martes 29 octubre

Expositor: Elizabeth E. Godoy Lozano

Tema 2: Continuación Introducción al curso (8 horas)

Subtemas

- 2.2. Tecnologías de secuenciación de ADN
- 2.3. Antecedentes y generalidades de metagenómica
- 2.4. Generalidades de herramientas usadas en análisis taxonómicos y funcionales

Miércoles 29 octubre

Expositor: Elizabeth E. Godoy Lozano

Tema 3. Análisis de perfil taxonómico (8 horas)

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
- 3.3. Representación gráfica de perfil taxonómico (Kronas y grafica de barras apiladas)
- 3.4. Índices de diversidad alfa y beta (esfuerzo de muestreo, cálculo de métricas de diversidad, agrupamiento de muestras y cálculo de dispersión)

Jueves 30 octubre

Expositor: Miguel A. Martínez Mercado

Tema 4. Reconstrucción de genomas *de novo* y pangenomas (8 horas).

Subtemas

- 4.1. Ensamble metagenómico (Megahit)
- 4.2. Reconstrucción de genomas *de novo* (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)

Temario

4.7. Alineamiento de genomas múltiple (demostración con BRIG)

Viernes 31 octubre

Expositores: Miguel A. Martínez Mercado/ Elizabeth E. Godoy

Tema 5. Anotación funcional (7 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 (HUMAnN T2.0)

Análisis, discusión y retroalimentación (1 hora)