

TALLER DE ANÁLISIS DE DATOS DE METABARCODING | *METABARCODING DATA ANALYSIS WORKSHOP*

Docentes: Pablo Fresia, Tamara Fernández-Calero, Hugo Naya; Cecilia Salazar

Carga horaria: 20 hs

Fecha: Del Lunes 1/9 al Viernes 5/9 del 2025 de 8:30 a 12:30

Resumen

Este es un taller hands-on que introduce al estudiante al análisis de comunidades microbianas mediante metabarcoding. Los métodos de metabarcoding se han convertido en una herramienta de análisis de rutina en la investigación de la biodiversidad. Con el paso de los años se están convirtiendo en una de las principales herramientas para el monitoreo de comunidades microbianas para aplicaciones ambientales, industriales, así como en salud animal y humana. Durante el curso se analizarán conjuntos de datos reales previamente publicados en revistas científicas que sean de interés del estudiante. Los microbiomas a analizar pueden ser de diversos orígenes según el perfil del estudiante, incluyendo microbiomas animales o humanos (orales, intestinales, etc), ambientales (cursos de agua, suelos, océanos) y de aplicaciones industriales (tratamiento de efluentes, determinación de contaminantes, plantaciones). Todos los análisis se realizarán en el lenguaje de programación R, por lo que se recomienda tener nociones básicas de programación.

Course description:

This is a hands-on workshop that introduces the student into the analysis of microbial communities using metabarcoding. Metabarcoding methods have become a routine analysis tool in biodiversity research. Over the years they are becoming one of the main tools for monitoring microbial communities for environmental, industrial, as well animal and human health applications. During the course, real data sets which were previously published in scientific journals and that are of interest to the student will be analyzed. The microbiomes to be analyzed may come from different sources including animal or human microbiomes (oral, intestinal, etc.), environmental microbiomes (watercourses, soils, oceans) and industrial applications (effluent treatment, determination of pollutants, plantations). The analysis will be carried out in the R programming language; hence it is recommended to have basic notions of programming.

Contenidos

- Fundamentos subyacentes a la técnica de metabarcoding
- Metabarcoding como herramienta aplicada
- Generalidades sobre tecnologías de Secuenciación
- R como herramienta de programación en Bioinformática
- Pasos básicos para el análisis de datos de metabarcoding
- Representación gráfica de datos

Modalidad: El taller podrá seguirse tanto en modalidad presencial como virtual. El curso se dictará en el Insitut Pasteur de Montevideo con modalidad mixta.

Programa

Día 1

1. **Teórico:** Fundamentos subyacentes a la técnica de metabarcoding. Genes marcadores. Metabarcoding como herramienta aplicada. Introducción a la secuenciación masiva. 2hs.
2. **Teórico:** Pasos básicos para el análisis de datos de metabarcoding. 2hs

Día 2

3. **Teórico - Práctico:** Introducción al uso del paquete *DADA2*: Estructura de archivos y cómo filtrar secuencias. Modelado de errores, delineado de ASV, combinación de secuencias, eliminación de quimeras y asignación taxonómica. 2 hs
4. **Teórico - Práctico:** Introducción al paquete *Phyloseq*. Creación de objetos *phyloseq*, rarefacción. 2 horas.

Día 3

5. **Teórico - Práctico:** Introducción al paquete *mia*: Creación de objetos *treeSummarizedExperiment* y *propiedades*. 2hs
6. **Teórico – Práctico:** Análisis de calidad. Dominancia, Prevalencia y Filtrado. 2hs

Día 4

7. **Teórico - Práctico:** Análisis de alfa y beta diversidad: Índices de diversidad alfa, Métodos de estudio de la diversidad beta y visualización de los resultados. 4hs

Día 5

8. **Teórico - Práctico:** Abundancias diferenciales (Deseq2, ANCOM). 2 hs.
9. **Taller:** Interpretación de resultados y discusión.