

Programa del curso

“Introducción a la metagenómica aplicada a animales domésticos y animales de experimentación”

Fundamentación

El estudio del microbioma animal mediante técnicas metagenómicas se ha convertido en una herramienta fundamental para comprender procesos biológicos vinculados a la nutrición, salud, reproducción y eficiencia productiva. En el ámbito de las ciencias veterinarias, la metagenómica ofrece nuevas oportunidades para el desarrollo de estrategias de manejo y mejoramiento animal basadas en evidencia molecular.

Este curso de posgrado tiene como finalidad introducir a los estudiantes en los fundamentos conceptuales, metodológicos y analíticos de la metagenómica aplicada a animales domésticos y animales de experimentación, combinando actividades teóricas, prácticas de laboratorio húmedo y análisis bioinformático de datos reales.

Objetivo general: Brindar al estudiante fundamentos teóricos y prácticos sobre metagenómica y herramientas básicas de laboratorio y bioinformáticas para el análisis e interpretación de datos de secuenciación metagenómica.

Objetivos específicos

- Introducir los conceptos básicos de metagenómica y microbioma y su relevancia en animales domésticos y de experimentación.
- Comprender los principios de las tecnologías de secuenciación aplicadas al estudio del microbioma.
- Familiarizar al estudiante con el manejo y análisis de datos de secuenciación utilizando el lenguaje R y paquetes especializados.
- Introducir técnicas básicas de laboratorio húmedo para la extracción de ADN a partir de diferentes tipos de muestras biológicas.
- Desarrollar habilidades para interpretar críticamente resultados metagenómicos y literatura científica especializada.

Contenidos:

- Introducción a la metagenómica
 - Conceptos básicos de microbioma y metagenómica.
 - Importancia en producción animal, salud, nutrición y experimentación.
- Tecnologías de secuenciación y diseño experimental
 - Secuenciación 16S rRNA y shotgun metagenomics.
 - Estrategias de muestreo y diseño experimental en estudios metagenómicos.

- Introducción a R para análisis metagenómicos
 - Conceptos básicos del lenguaje R y RStudio.
 - Buenas prácticas en manejo y organización de datos biológicos.
- Análisis bioinformático de datos metagenómicos
 - Control de calidad y filtrado de reads.
 - Pipeline DADA2 para identificación de Amplicon Sequence Variants (ASVs).
 - Asignación taxonómica y construcción de tablas de abundancia.
- Análisis ecológico del microbioma
 - Conceptos de diversidad alfa y beta.
 - Visualización y análisis con los paquetes phyloseq y vegan.
 - Interpretación biológica de resultados metagenómicos.

Organización del curso

Metodología de enseñanza

El curso se desarrollará en 5 teóricos sincrónicos virtuales y dos actividades prácticas presenciales. En las actividades prácticas, los estudiantes trabajarán con conjuntos de datos reales proporcionados por los docentes, aplicando los conceptos bioinformáticos a problemas biológicos concretos.

Los encuentros sincrónicos teóricos-prácticos tendrán una duración de 2 horas y se pretende que los participantes dediquen al menos 15 horas de trabajo domiciliario.

Carga horaria

Clases virtuales sincrónicas: 13.

Actividades prácticas presenciales: 8 horas.

Carga horaria total estimada: 40 horas

Seminarios y/o talleres científicos: 19

Créditos 3.

Cronograma:

Teóricos

1) Actividad sincrónica:

Concepto sobre metagenómicas, que se puede inferir de su estudio y su implicancia biológicas en animales domésticos y experimentación.

2) Actividad sincrónica:

Introducción a las tecnologías de secuenciación.

3) Actividad sincrónica:

Introducción a los comandos básicos de R, para la familiarización del estudiante a este lenguaje informático.

4) Actividad sincrónica:

Introducción al análisis de datos de secuenciación con los paquetes Dada2.

5) Actividad sincrónica:

Conceptos de diversidad alfa y beta y diferencia de abundancia. Identificación de amplicon sequence variants (ASVs) y su cuantificación. Estimación y análisis de la diversidad alfa y beta con los paquetes phyloseq, vegan

Prácticos

- 1) Extracción de ADN
- 2) Análisis de datos de secuenciación 16S para microbioma

Evaluación

Presentación y discusión de artículo de científicos.

Docentes participantes

Profesora Titular Dra. Silvia Llambí, PhD. Unidad de Mejora Animal, Departamento de Producción Animal y Salud de Sistemas Productivos-FVET-Udelar.
silvia.llambi@gmail.com

DMTV., Msc. Rody Artigas, Profesor adjunto, Gr.3. Unidad de Mejora Animal, Departamento de Producción Animal y Salud de Sistemas Productivos-FVET- Udelar.
rodyartigas@gmail.com

Lic., Msc. PhD. Eugenio Jara, Profesor adjunto, Gr.3. Unidad de Mejora Animal, Departamento de Producción Animal y Salud de Sistemas Productivos-FVET-Udelar.
eugeniojara19@gmail.com

Lic., Msc. PhD. Florencia Beracochea, Profesora adjunta, Gr.3. Laboratorio de Experimentación Animal (LEA) – Udelar. floberacochea@gmail.com

DMTV., Msc. PhD. Andrea Fernández, Asistente, Gr.2. Laboratorio de Análisis Clínicos y Endocrinología y Metabolismo Animal. FVET-Udelar. andisff@gmail.com

Docente colaborador

DMTV., Carolina Menchaca, ayudante, Gr.1. Unidad de Mejora Animal, Departamento de Producción Animal y Salud de Sistemas Productivos-FVET- Udelar.
cmenchaca21@gmail.com