

Taller de análisis de microbiotas
Posgrados en Ciencias Ambientales – Facultad de Ciencias – UDELAR
Docentes a cargo: Patricia Vaz, Silvia Garaycochea, Stephanie Jurburg
Docentes invitados: Gastón Azziz, Matías Giménez

Carga horaria: 35 hs

Créditos: 3

Unidad Análisis e integración

Días y horarios sugeridos: lunes a viernes (mayo) desde las 10hs hasta las 17 hs.

Modalidad: El curso se dictará en la Facultad de Ciencias con modalidad mixta.

Programa

INTRODUCCIÓN:

Si bien el estudio de las microbiotas se ha acelerado en Uruguay en los últimos años, el análisis bioinformático y estadístico que requiere este tipo de trabajo no se ha popularizado en el ámbito de la microbiología. Sin embargo, estas tecnologías se utilizan hoy en día en muchos ámbitos más allá de la ecología microbiana. Aunque existe un gran número de herramientas, el software R se utiliza ampliamente, ya que tiene la ventaja de ser abierto y gratuito, y que se ha adoptado tanto para la estadística ecológica como para la bioinformática. Estas características hacen que su uso brinde importantes posibilidades para el desarrollo de la investigación en nuestro medio.

En este curso, se introducirá al estudio del microbioma con herramientas de secuenciación masiva. En particular se centrará en la secuenciación del gen 16S rRNA, con el cual es posible explorar la diversidad, composición y posibles funciones de los microbiomas.

Este taller está diseñado para proporcionar una formación en todas las etapas del análisis de los microbiomas, desde el procesamiento de las secuencias hasta el análisis estadístico de los datos y la interpretación biológica de los resultados. A lo largo del curso, combinaremos teoría y práctica, utilizando herramientas bioinformáticas y enfoques de vanguardia que les permitirán extraer información significativa de los datos de secuencias. Esto les permitirá más autonomía y libertad en la interpretación de secuencias de microbiotas de distintos orígenes y los ayudará con el diseño experimental de futuras investigaciones.

OBJETIVOS:

Este taller tiene como objetivo capacitar a las personas participantes en el análisis integral de secuencias del gen 16S rRNA, desde el procesamiento inicial hasta el análisis estadístico y la interpretación de los resultados.

Buscamos no solo que las personas participantes adquieran nuevos conocimientos, sino también que desarrollen la habilidad para abordar diversos aspectos de las comunidades microbianas y generar nuevas preguntas en sus propios proyectos. Al finalizar el curso, las personas participantes tendrán el conocimiento técnico necesario para aplicar la metodología enseñada en sus investigaciones. Además, se fomentará un ambiente de colaboración y aprendizaje mutuo, alentando la formación de redes académicas que perduren más allá del curso.

CONTENIDO:

Teórico: Introducción a la secuenciación masiva, con énfasis en las técnicas más usadas para el gen 16S rRNA. Esta clase será realizada el primer día del curso con una duración de 2 horas. (12/05/2025) a cargo de la Dra. Stephanie Jurgburg y con las colaboraciones de las Dras. Patricia Vaz Jauri y Silvia Garaycochea.

Teórico - Práctico: Introducción al uso del paquete *DADA2* (parte 1) : Estructura de archivos y cómo filtrar secuencias. Esta clase será realizada el primer día del curso con una duración de 3 horas. (12/05/2025) a cargo de la Dra. Stephanie Jurgburg y con las colaboraciones de las Dras. Patricia Vaz Jauri y Silvia Garaycochea.

Teórico - Práctico: Introducción al uso del paquete *DADA2* (parte 2) : Modelado de errores, delineado de ASV, combinación de secuencias, eliminación de quimeras y asignación taxonómica. Esta clase será realizada el segundo día del curso con una duración de 4 horas. (13/05/2025) a cargo de la Dra. Stephanie Jurgburg y con las colaboraciones de las Dras. Patricia Vaz Jauri y Silvia Garaycochea.

Teórico: Introducción al paquete *Phyloseq* (parte 1) . Esta clase será realizada el segundo día del curso con una duración de 2 horas. (13/05/2025) a cargo de la Dra. Stephanie Jurgburg y con las colaboraciones de las Dras. Patricia Vaz Jauri y Silvia Garaycochea.

Teórico – Práctico: Introducción al paquete *Phyloseq* (parte 2): Creación de objetos *phyloseq*, rarefacción. Esta clase será realizada el tercer día del curso con una duración de 2 horas. (14/05/2025) a cargo de la Dra. Stephanie Jurgburg y con las colaboraciones de las Dras. Patricia Vaz Jauri y Silvia Garaycochea.

Teórico – Práctico: Análisis de alfa y beta diversidad con el paquete Vegan: Índices de diversidad alfa, Métodos de estudio de la diversidad beta y visualización de los resultados. Abundancias diferenciales (Deseq2, ANCOM). Esta clase será realizada el tercer día del curso con una duración de 4 horas. (14/05/2025) a cargo de la Dra. Stepanie Jurburg y con las colaboraciones de las Dras. Patricia Vaz Jauri y Silvia Garaycochea. Ejemplo de usos de secuenciación de amplicones por el MSc. Matías Giménez.

Teórico – Práctico: Métodos estadísticos multivariados utilizados para el análisis de comunidades. Esta clase será realizada el cuarto día del curso con una duración de 7 horas. (15/05/2025) a cargo de la Dra. Stepanie Jurburg y con las colaboraciones de las Dras. Patricia Vaz Jauri y Silvia Garaycochea. Ejemplo de usos de secuenciación de amplicones por el Dr. Gastón Azziz.

Taller: Interpretación de resultados. El taller se realizará el quinto día del curso con una duración de 4 horas. (16/05/2025) guiado por Dra. Stepanie Jurburg, Dra. Patricia Vaz Jauri y Dra. Silvia Garaycochea.

APROBACIÓN DEL CURSO

Examen final: consta de 10 preguntas teóricas sobre el contenido brindado en el correr de la semana. Se realizará el quinto día del taller con una duración de 1 hs.

BIBLIOGRAFÍA:

- Callahan, Benjamin J., et al. "DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data." *Nature methods* 13.7 (2016): 581-583.
- Callahan, Ben J., et al. "Bioconductor workflow for microbiome data analysis: from raw reads to community analyses." *F1000Research* 5 (2016).
- McMurdie, Paul J., and Susan Holmes. "phyloseq: an R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data." *PloS one* 8.4 (2013): e61217.
- Nearing, Jacob T., et al. "Microbiome differential abundance methods produce different results across 38 datasets." *Nature Communications* 13.1 (2022): 1-16.
- Jurburg SD, Alvarez-Blanco, and the Datathon 2022 Consortium. *Datathons: fostering equitability in data reuse in ecology.* *Trends in Microbiology* (DOI: 10.32942/X2389Q)
- Oksanen, F.J., et al. (2017) *Vegan: Community Ecology Package.* R package Version 2.4-3. <https://CRAN.R-project.org/package=vegan>