

Taller de Genómica Funcional de Hongos: Programa preliminar V3.3

Sección	Tema	Responsable	Horario	Contenidos/descripción	Horas teóricas	Horas prácticas	Total de horas
Día 1 Martes 14 de junio	Genómica de hongos, secuenciación y bioinformática						
1	Presentación del curso	Rodolfo Ángeles	9:00-9:30	Objetivos, participantes, dinámica y cronograma	0.5	-	
2	Instalación y materiales	Andrés Argüelles	9:30-10:00	Comprobación de programas instalados, acceso al servidor y recepción de material didáctico	-	0.5	
3	Genómica de hongos	Rodolfo Ángeles	10:00-11:00	Conceptos generales sobre las principales características y dinámicas genómicas de los hongos; historia de la investigación	1	-	
-	Descanso de 15 mins	-	11:00-11:15		0.25	-	
4	NGSs	Christian Quintero	11:15-12:15	Conceptos básicos de biología molecular, historia y desarrollo de las secuenciación de DNA, fundamentos de las tecnologías de secuenciación masiva contemporáneas	1	-	
5	Genómica y pangenómica	Elena Flores	12:15-13:15	Conceptos generales de las ómicas, tipo de datos, g. estructural, g. funcional y pangenómica	1	-	
-	Descanso de 15 mins	-	13:15-13:30		-	0.25	
6	Linux y BD	Diana Oaxaca	13:30-15:30	Navegación entre directorios, manipulación de archivos y filtrado de datos / Obtención de genomas, genes y aff.	-	2.5	
Total de horas Día 1					3.8	3.3	7.0
Día 2 Miércoles 15 de junio	Ensamble, anotación y homología genética						
7	G. de h. fitopatógenos	Rodolfo Ángeles	9:00-10:00	Arquitectura genómica y genómica funcional	1	-	
-	Descanso de 15 mins	-	10:00-10:15		0.25	-	
8	Ensamblados genómicos	Rodolfo Ángeles	10:15-10:45		0.5	0.5	
9	Predicción de genes	Elena Flores	10:45-11:45	Características de los genes eucariontes y otros elementos génicos / Uso de Augustus	0.5	0.5	
-	Descanso de 15 mins	-	11:45-12:00		-	0.25	
10	Anotación funcional	Rodolfo Ángeles	12:00-14:30	Teoría de mapeo y dominios / Uso de FunAnnotate e interpretación de sus salidas	0.5	2	
	Clusters biosintéticos	Christian Quintero	14:30-15:30		1		
Total de horas Día 3					3.8	3.3	7.0
Día 3 Jueves 16 de junio	Ecología						
11	Genómica de h. micorrízicos	Roberto Garibay	9:00-10:00	Ecología y evolución de arbusculares, ecto y ericoides	1		
-	Descanso de 10 mins	-	10:00-10:10		0.17	-	
12	Metabarcode	Andrés Argüelles	10:10-11:40	Marcadores moleculares y ecología de poblaciones / asignación taxonómica y uso de FunGild	-	2	
-	Descanso de 10 mins	-	11:40-11:50		-	0.17	
13	Metagenómica	Diana Oaxaca	11:50-13:50	Secuenciación shotgun, ensamblados y bino	0.5	1.5	
-	Descanso de 10 mins		13:50-14:00		-	0.17	
14	Metatranscriptómica	Valeria Flores	14:00-15:30	Ensamble metatranscriptómico y asignación taxonómica y funcional	0.5	1	
Total de horas Día 3					2.2	4.8	7.0
Día 4 Viernes 17 de junio	Evolución						
15	G. de h. simbióticos de plantas	Valeria Flores	9:00-10:00	El continuo simbiótico	1	-	
-	Descanso de 15 mins	-	10:00-10:15		-	0.25	
16	Filogenómica y genómica de poblaciones	Christian Quintero	10:15-12:30	Evolución, homología y filogenia / uso de	1	1.5	
-	Descanso de 15 mins	-	12:30-12:45		-	0.25	
17	Cierre del taller y retroalimentaciones	Rodolfo Ángeles	12:45-13:15	Consideraciones finales, retroalimentación y despedida	1	-	
Total de horas Día 4					3	2	5
Horas totales del curso					12.7	13.3	26.0
%					48.7	51.3	100

Programas para el taller

Programa	Liga	
FastQC	https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/	
Trimmomatic	http://www.usadellab.org/cms/?page=trimmomatic	
BWA	http://bio-bwa.sourceforge.net	
Samtools	http://www.htslib.org	
KrakenUniq	https://github.com/fbreitwieser/krakenuniq	
SPAdes	https://cab.spbu.ru/software/spades/	
Metaquast	https://github.com/ablab/quast	
Transdecoder	https://github.com/TransDecoder/TransDecoder/wiki	
dammit!	https://dammit.readthedocs.io/en/refactor-1.0/	
Salmon	https://salmon.readthedocs.io/en/latest/	
HMMER	http://hmmer.org	
TrimGalore	https://github.com/FelixKrueger/TrimGalore	
Megahit	https://github.com/voutcn/megahit	
Bbmap	https://jgi.doe.gov/data-and-tools/bbtools/	
Kraken2	https://github.com/DerrickWood/kraken2/blob/master/docs/MANUAL.markdown	Para Kraken2 formatear la base de datos a --protein https://github.com/DerrickWood/kraken2/wiki/Manual#kraken-2-databases
CCMetagen	https://github.com/vrmarcelino/CCMetagen	
Kraken-biom	https://github.com/smdabdoub/kraken-biom	
seqtk	https://github.com/lh3/seqtk	
Mothur	https://mothur.org/wiki/installation/	
PandaSeq	https://github.com/neufeld/pandaseq	
USEARCH	https://www.drive5.com/usearch/download.html	
ITSx	https://microbiology.se/software/itsx/	
CD-HIT	http://weizhong-lab.ucsd.edu/cd-hit/	
BLAST	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK569861/	
pipecraft2	https://pipecraft2-manual.readthedocs.io/en/stable/installation.html	
docker	https://www.docker.com	
conda	https://docs.conda.io/projects/conda/en/latest/user-guide/install/index.html	
Augustus	https://anaconda.org/bioconda/augustus	
funannotate	https://anaconda.org/bioconda/funannotate	
Interproscan	https://anaconda.org/bioconda/interproscan	
quast	https://anaconda.org/bioconda/quast	
busco	https://anaconda.org/bioconda/busco	
orthofinder	https://anaconda.org/bioconda/orthofinder	