

Course overview

Microbial Genome and Microbiome Analysis

19/05/2024

Phuc Loi Luu, PhD
Luu.p.loi@gmail.com

MICROBIAL GENOME & MICROBIOME ANALYSIS

From Microbiology, Programing to Computation

8:00 | Thursday
- 9:30 PM | & Sunday

19.05.2024 - 22.08.2024

With EXAM

And

PROJECTS

Online & Free Course

Contact us:

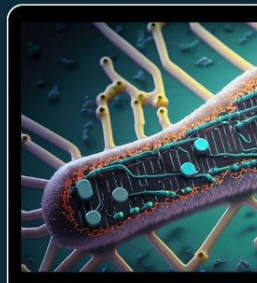
Advanced VnPathoinformatics
bioinformatics.mgma@gmail.com

Khóa học Tin Sinh Học - 2024

MICROBIAL GENOME & MICROBIOME ANALYSIS

Chào mừng anh/chị và các bạn đến với khóa học phân tích dữ liệu bộ gen của một vi sinh vật (MICROBIAL GENOME) hay cả hệ vi sinh vật (MICROBIOTA) trong mẫu bệnh phẩm do TS. Lưu Phúc Lợi và các đồng nghiệp tổ chức, giảng dạy. Khóa học này nhằm đem đến các kiến thức về mảng tin sinh học (BIOINFORMATICS) từ cơ bản đến chuyên sâu cho các bạn đang muốn tìm hiểu về tin sinh học và phân tích hệ gen vi sinh.

Nếu bạn đã từng nghe đến và có hứng thú với vi sinh học, hệ gen và lập trình tính toán (Ubuntu, bash script, AWK and R) hoặc bạn có niềm đam mê trải nghiệm tiếp thu kiến thức mới về phân tích dữ liệu bộ gen của hệ vi sinh gây bệnh hoặc hệ vi sinh có lợi-ứng dụng trong công nông nghiệp, nuôi trồng thủy hải sản thì đây là cơ hội để các bạn tham gia học hỏi và trau dồi kiến thức cho bản thân mình.



Đừng ngần ngại, hãy đăng kí tham gia đến với khóa học nhé



Thông tin khóa học

- Ngôn ngữ: Tiếng Việt, slide và sách tiếng Anh
- Hình thức học: Online
- Thời gian : 8.00 PM – 9.30 PM vào Thứ 5 và Chủ nhật hàng tuần
- Thời gian dự kiến diễn ra: 19/05/2024 – 22/08/2024
- Học phí: Hoàn toàn miễn phí



Yêu cầu

- Có laptop để làm bài tập
- Kiên trì tham gia đầy đủ các buổi học
- Chăm chỉ xem lại bài sau giờ trên lớp, làm bài tập về nhà đầy đủ và đọc thêm sách/bài báo khoa học có liên quan



Lưu ý

- Sau đăng kí BTC sẽ sắp xếp danh sách và liên hệ gửi link học đến các bạn qua email đã đăng kí trước mỗi buổi học

TS. Lưu Phúc Lợi

Email cá nhân: luu.p.loi@googlemail.com

Email khóa học: bioinformatics.mgma@gmail.com

Content

- The Teams help US!
- Some terms and concepts of Microbial Genome and Microbiome
- What we will learn from the course?
- What you can do after the course?
- Github and youtube

TEACHING ASSISTANT TEAM (TRỢ GIẢNG)



Nguyễn Quang Khải
nguyenkhai12330@gmail.com



Hà Gia Huy
hagiahuy311@gmail.com



Hồ Phú Quý
hophuquy0944@gmail.com



Hoàng Sơn
hoangsonltt710@gmail.com



Minh Nguyễn
ducminhnguyenle30091996@gmail.com



Nguyễn Quỳnh Như
Lucianhu@gmail.com



Mỹ Quý
ttmqui1912@gmail.com



Duy Đào
khuongduying@gmail.com



Ngô Đại Phú
phudaingobio@gmail.com



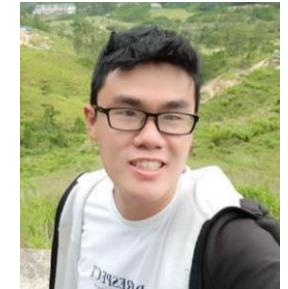
Duy Thanh Nguyễn
duythanh200620@gmail.com



Lan Nguyễn
nguyenlethuylan02@gmail.com



Phạm Văn Quan
quanpham0512@gmail.com



Trịnh Duy Khang
duykhong.trinh1308@gmail.com



Trần Bùi Minh Trí
minhtritrان21062001@gmail.com



Nguyễn Thị Mỹ Ái
nguyenthimyai04122016@gmail.com

LOGISTIC TEAM (HẬU CẦN)



Hoàng Kim
vanhohoangkim@gmail.com



Nguyễn Lê Quang
quanglequang2003@gmail.com



Lê Giàu
lgiau6366@gmail.com

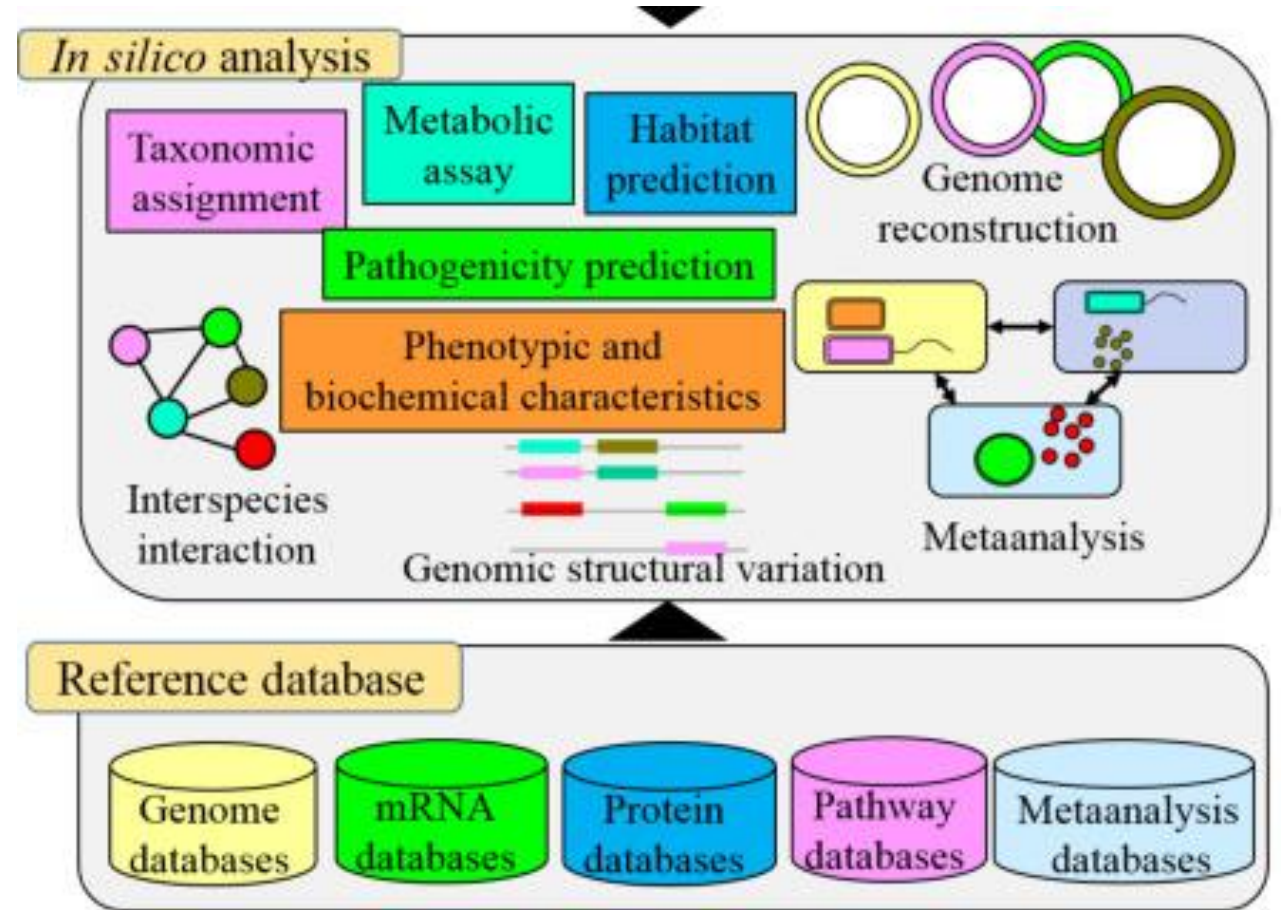
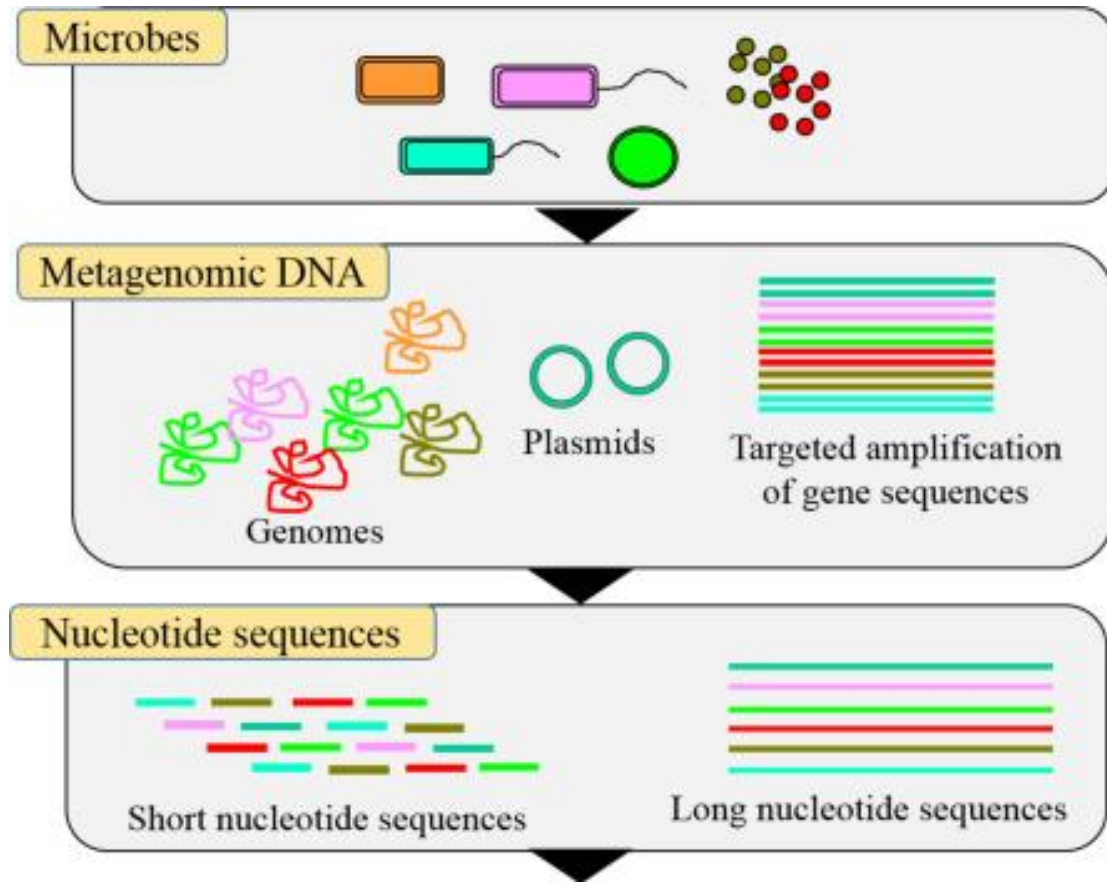


Huỳnh Khôi Minh Uyên
uyenhuynhkhoinh.1.1@gmail.com

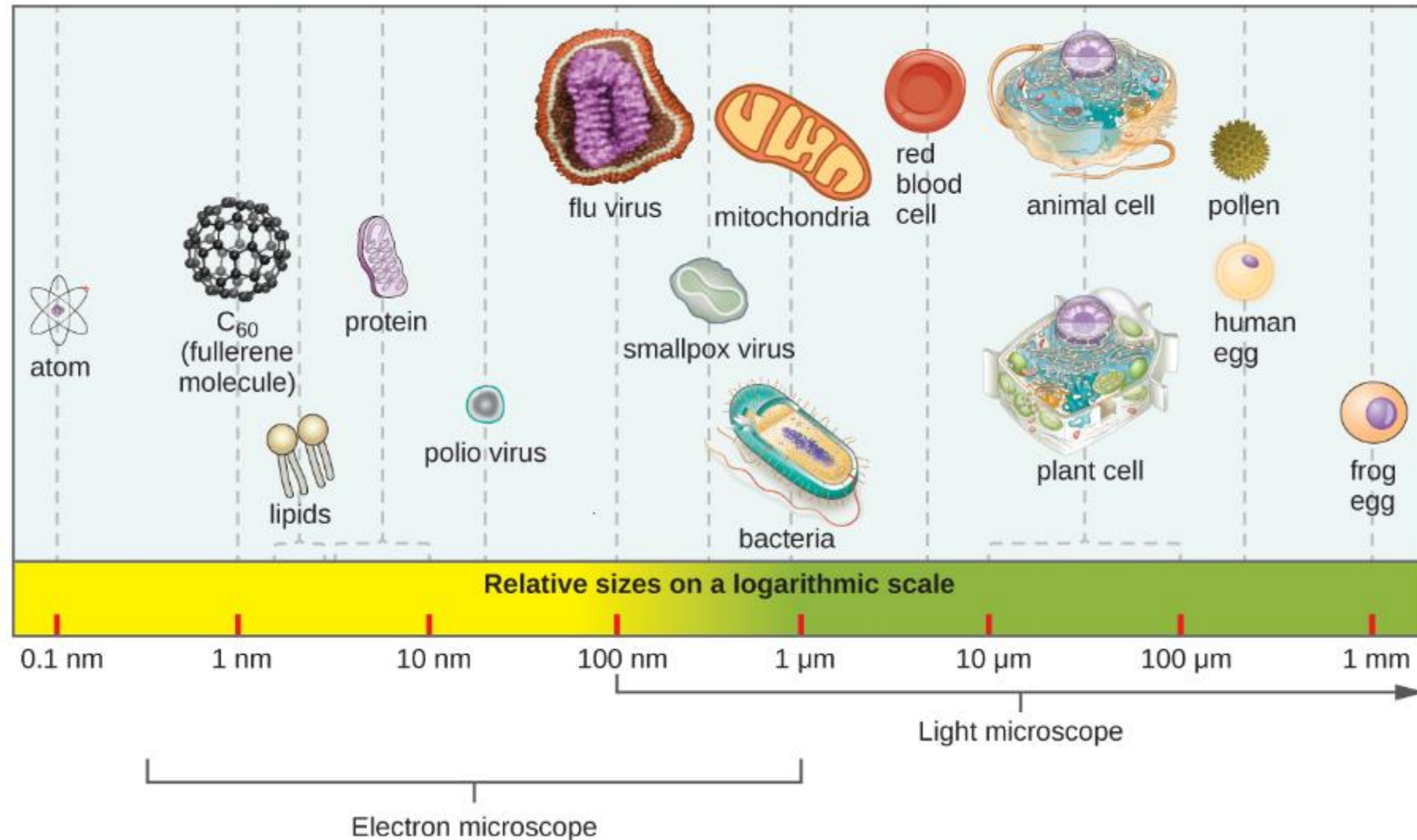


Lê Văn Hiếu
levanhieu2307@gmail.com

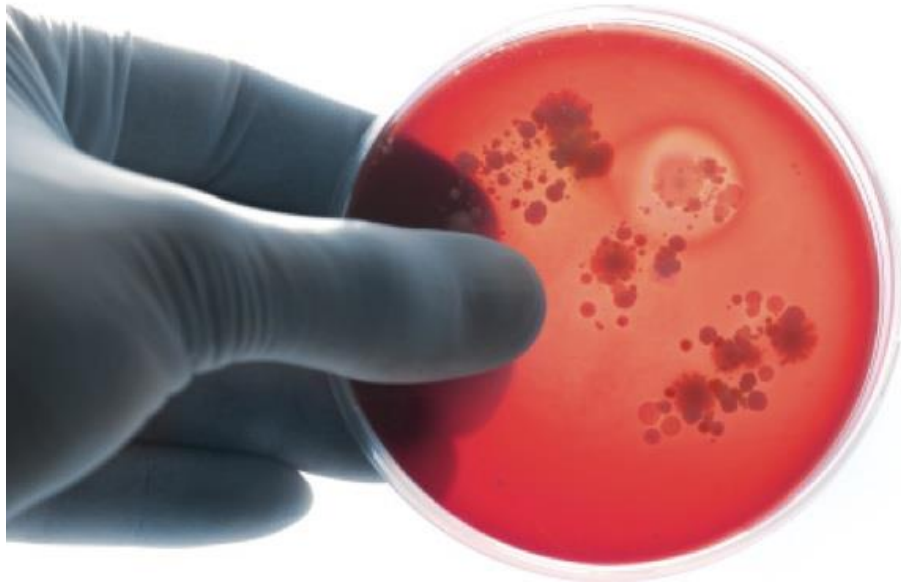
Some terms and concepts of Microbial Genome and Microbiome



The relative sizes of various microscopic and nonmicroscopic objects

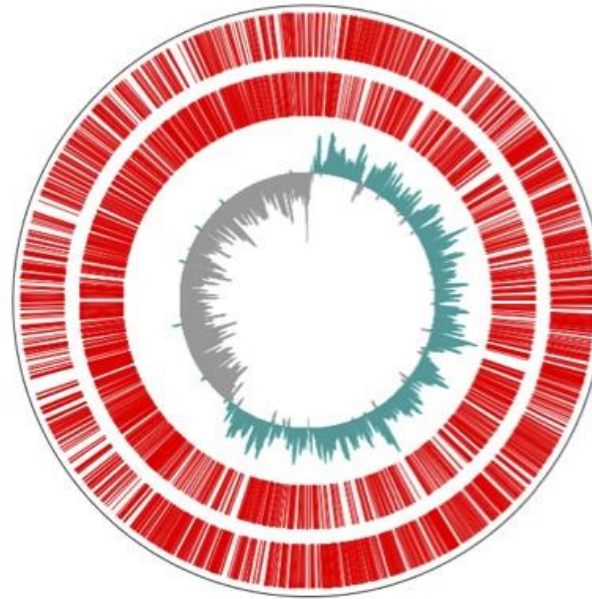


Microbial Genome Analysis: study one isolate at once



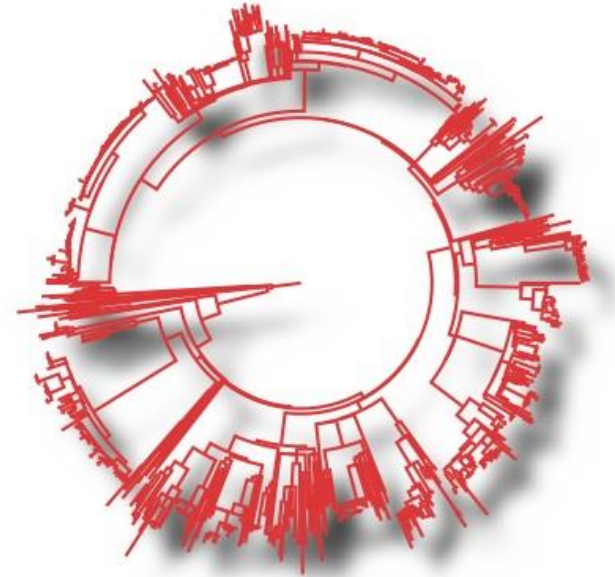
Culture microbe

Microbe = Microorganism



Genome Sequencing

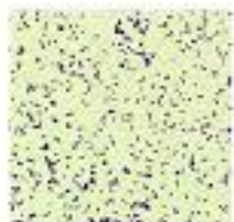
Prokaryotes = Bacteria & Archaea



Serotyping/genotyping

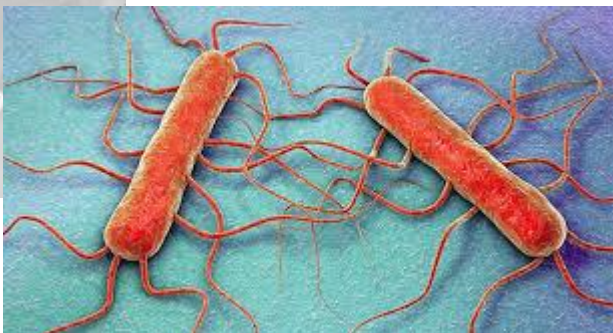
Listeria monocytogenes

microbeonline



Gram positive coccobacilli

Beta-hemolytic colonies



Listeria monocytogenes EGD-e, complete genome

GenBank: AL591824.1

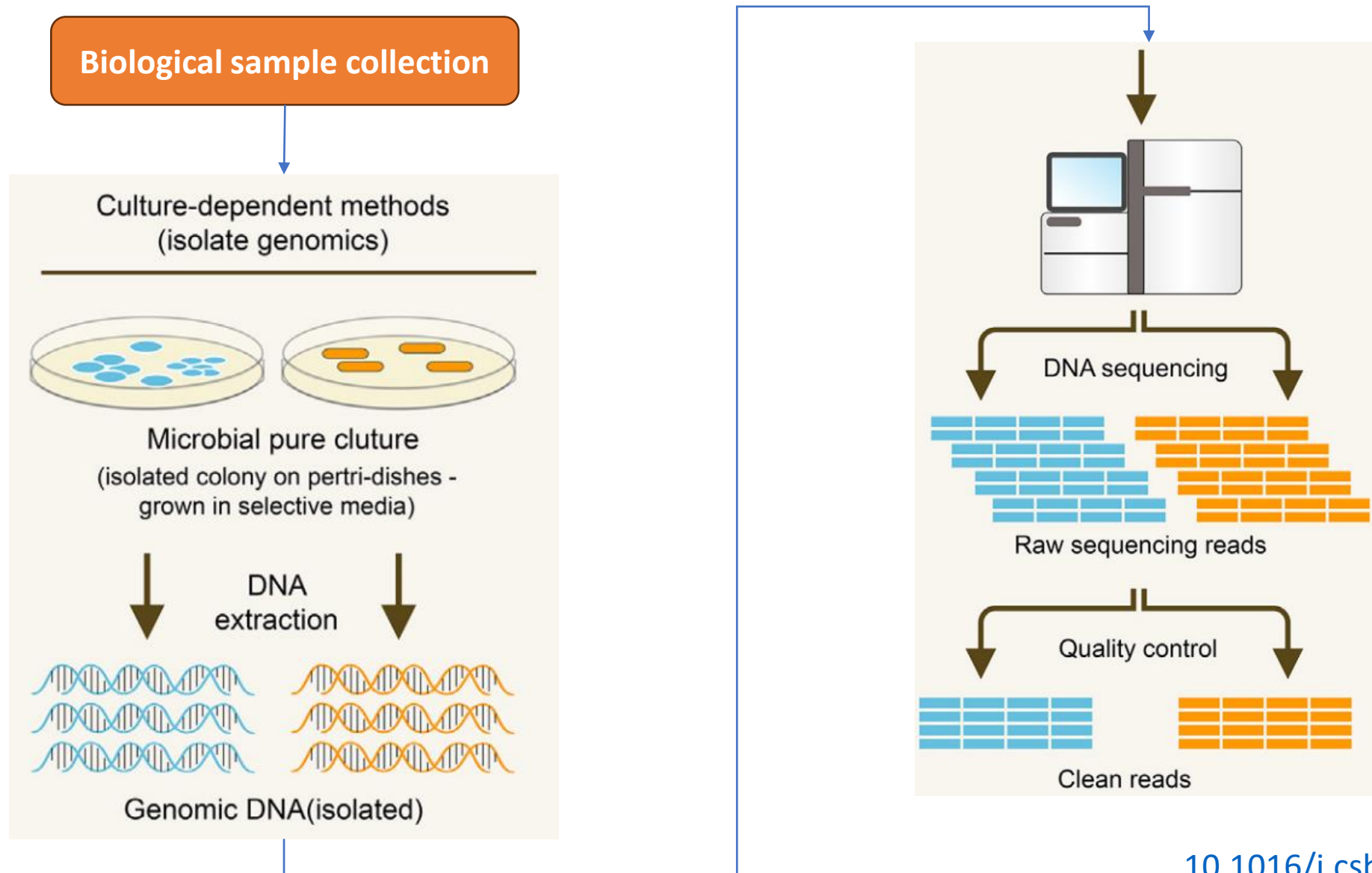
[GenBank](#) [Graphics](#)

>AL591824.1 Listeria monocytogenes EGD-e, complete genome

```
TAATTAAATCTAACAATTTCTGTTACAGATTTCTTTACACACAAGTTATACACAAGTTAACTGGCTGTGGA
CAACCGTTTTTCACATCTGGACAGTTTTGTGGATAGATTTGGTAAGTCCTTGCTATCAGAGTGATTTTCT
GATATTATAATTCCTGTCGAATAGAAAATATAGCTGGGGAAAACATAAGTTATCCACAATACATTTTTACT
TTGTGGGATAATTTTTTAACAGTGTTTGGATAACCTTATCCATAGCTTTTTCTATCTGTGGATAACTTTAT
AGCATCCATTTACATTACATAAAAAAGGGGGGGTACTAGTGCAATCAATTGAAGACATCTGGCAGGAAACA
CTGCAAAATTGTTAAAAAAATATAGAGTAAACCTAGTTACGATACATGGATGAAATCAACAACCGCTCATT
CACTTGAAGGTAACACGTTTTATTATTTTCTAGCGCCCAATAATTTTGTTCGCGATTGGTTAGAGAAAAGCTA
CACTCAATTTATCGCTAACATTTTGCAAGAAATAACTGGTCGCTTATTTGATGTCCGCTTTATTGATGGC
GAGCAGGAAGAAAACCTTTGAATACACTGTGATTAAACCAATCCAGCATTAGATGAAGATGGCATTGAAA
TTGGAAAACATATGCTTAATCCACGTTATGTTTTTGATACCTTTGTCATTGGTTGAGGGAACAGATTTGC
CCACGCAGCATCACTTGCAAGTAGCCGAGCAGCAGCAAGCATATAATCCACTCTTCATTTATGGAGGA
GTTGGCCTCGGTAAAAACATTTAATGCACGCAGTTGGCCACTATGTTCAACAACATAAAGATAATGCGA
AAGTAATGTACCTTTCCAGCGAAAAATTACCAATGAGTTTATTAGCTCTATTCGTGATAATAAACCGA
AGAATTTTCGACAAAAATATCGGAATGTTGATGTCTTACTTATTGATGATATTCAATTTTTAGCCGGTAAA
GAAGGAACACAAGAGGAATTTTTCCATACATTTAACACACTTTATGATGAACAAAAGCAAATTATTATTT
CCAGTGACCGACCACCAAAAGAAATTCCTACACTGGAAGATCGACTGAGATCCCCTTTGAATGGGGCTT
AATTACTGATATTACGCCACCAGACTTAGAAACCCGGATCGCCATTTTACGTAAAAAGCAAAAGCAGAC
GGATTAGATATTCCAAATGAAGTTATGCTTTATATCGCAAACCAATGATTGCAATATTCGCGAGCTAG
AAGGCGCTCTCATCCGAGTAGTTGCTTATTCTCCCTCGTTAATAAGATATAACAGCTGGTCTTGACAGC
AGAAGCACTAAAAGATATTATCCCTCTTCTAAATCACAAGTTATTACTATTAGTGGTATTCAAGAAGCA
GTCGGTGAATATTTCCACGTTCTGTTTGAAGATTTTAAAGCAAAAAACGGACGAAAAGTATAGCATTCC
CGCGCCAAATCGCCATGTATCTCTCAAGAGAGCTTACAGATGCCTCATTACCAAAAAATCGGTGATGAATT
TGGTGGTTCGAGATCATACAACAGTTATTATGCACATGAAAAATATCGCAACTACTAAAAACCGATCAA
GTGTTGAAAAATGACCTTGCCGAAATTGAAAAAATTTAAGAAAAGCAGAAAAATATGTTTTAATAGACCT
GTGTACAATGTGGATAACTGAAACATACTTACCACAAGTTATCAACATGTGGAAAACCTTTATGCAGCAT
GGCTTGTAACCTACTTATCCACAAATCCACAGCGCCTATTACTATTACTACGATTTTTTATTAATTAATT
```

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/AL591824.1?report=fasta>

Microbial Genome Analysis: study one isolate at once



Opinion | Published: 26 November 2013

Bacterial genome sequencing in the clinic: bioinformatic challenges and solutions

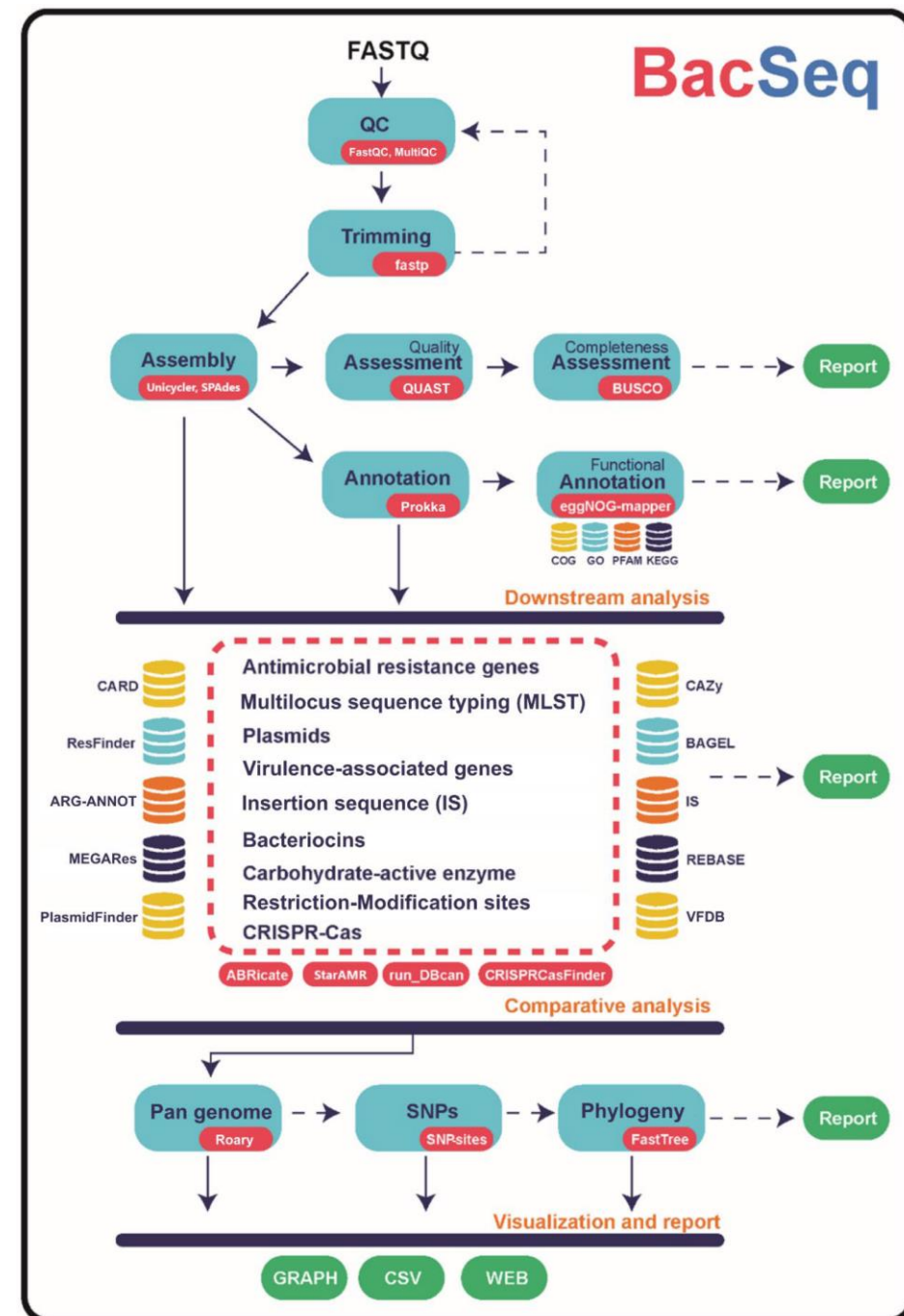
W. Florian Fricke  & David A. Rasko

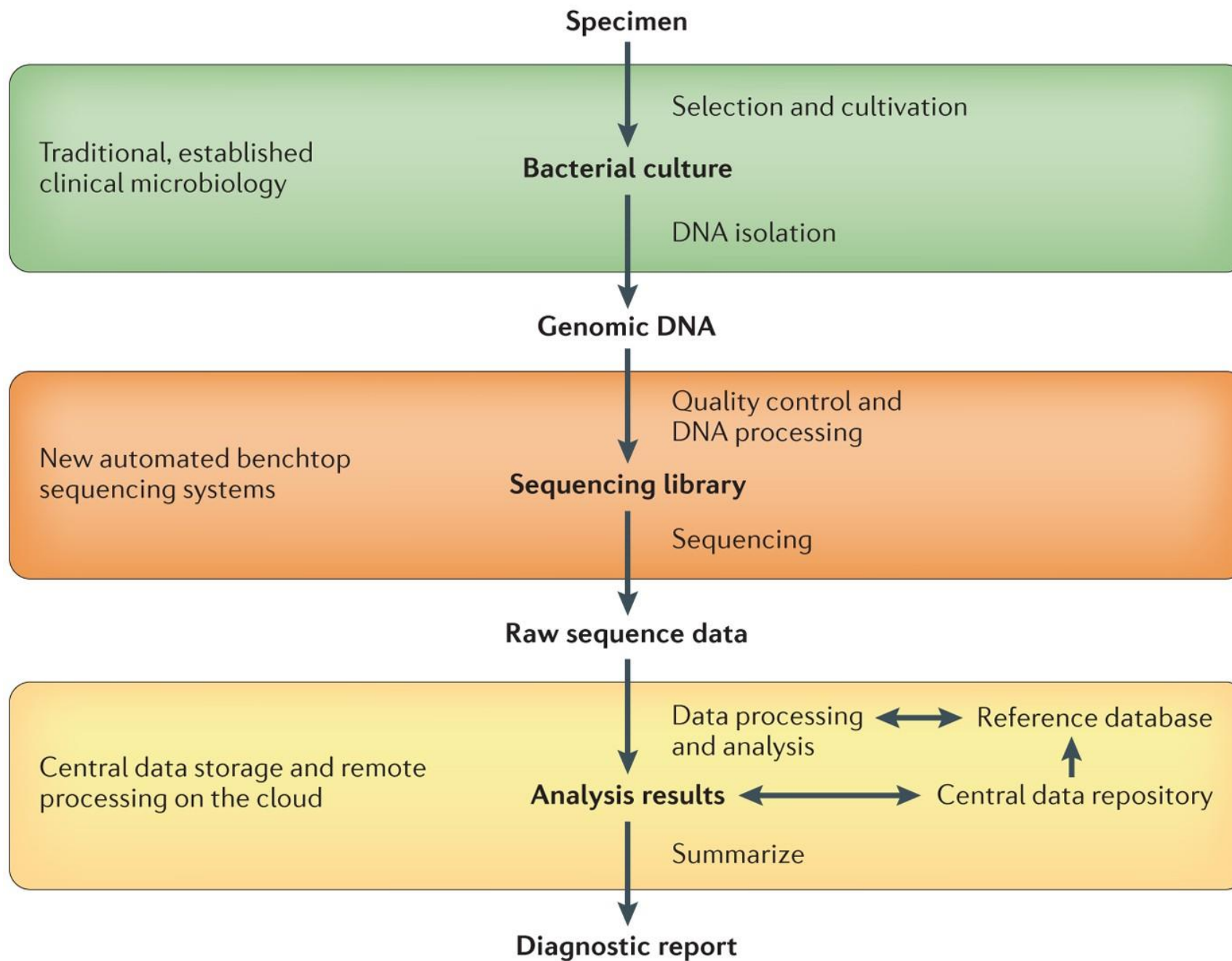
Nature Reviews Genetics **15**, 49–55 (2014) | [Cite this article](#)

18k Accesses | 110 Citations | 27 Altmetric | [Metrics](#)

Abstract

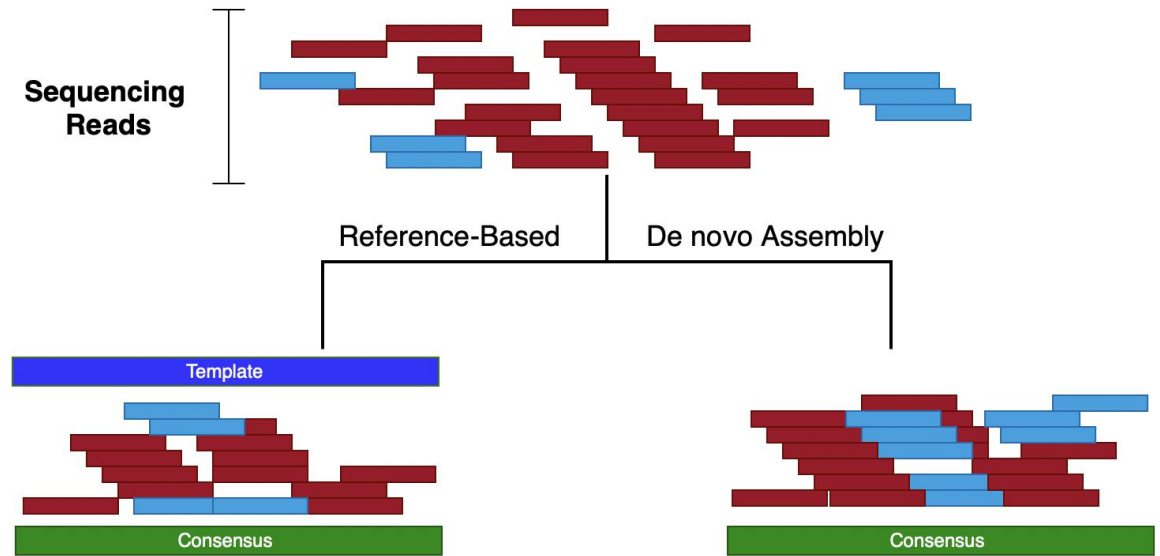
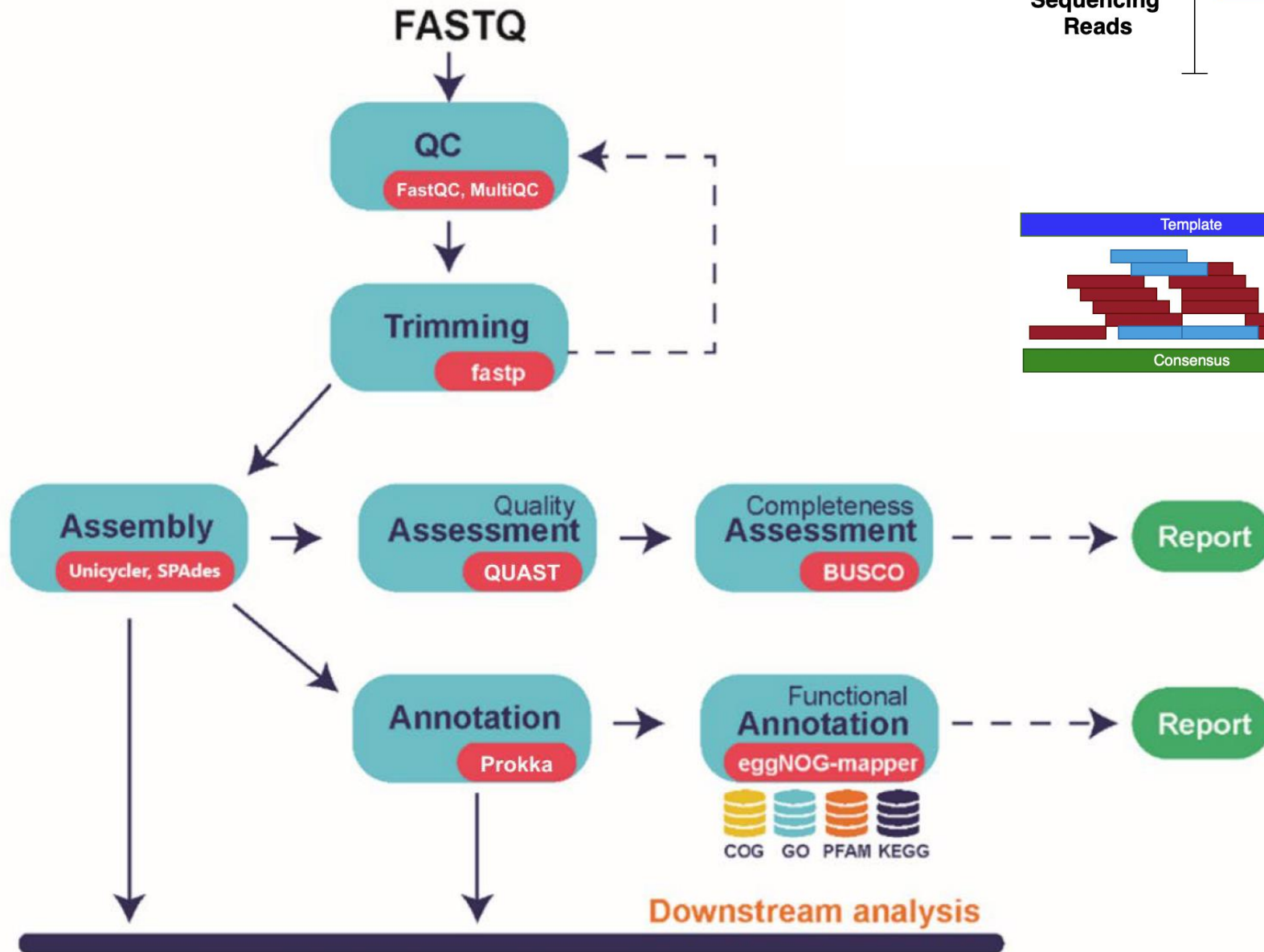
The potential of bacterial whole-genome sequencing (WGS) to complement existing diagnostic infrastructures in clinical microbiology has been shown in proof-of-principle examples and extensively discussed. However, less attention has been drawn to bioinformatic challenges that are associated with the clinical adoption of WGS-based molecular diagnostics. This Perspective article discusses questions that are related to standard operating procedures, computational resource management, and data storage and integration in the context of recent developments in the sequencing and bioinformatics service markets.



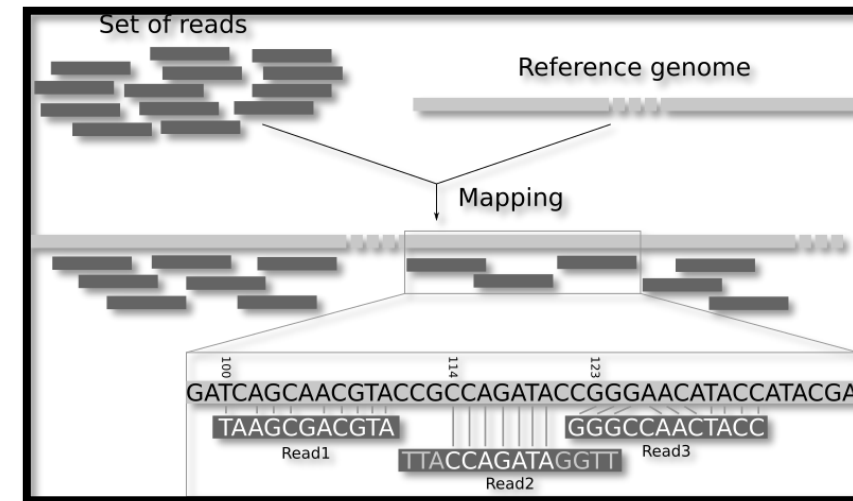


A summary of the proposed workflow is shown for bacterial whole-genome sequencing (WGS)-based molecular diagnostics (MDx), which uses benchtop sequencing for decentralized sequence generation, as well as the cloud for both central data storage and remote data processing. Double-headed arrows indicate that the central data repository and reference database are constantly updated on the basis of new analysis results.

Bioinformatic Upstream analysis

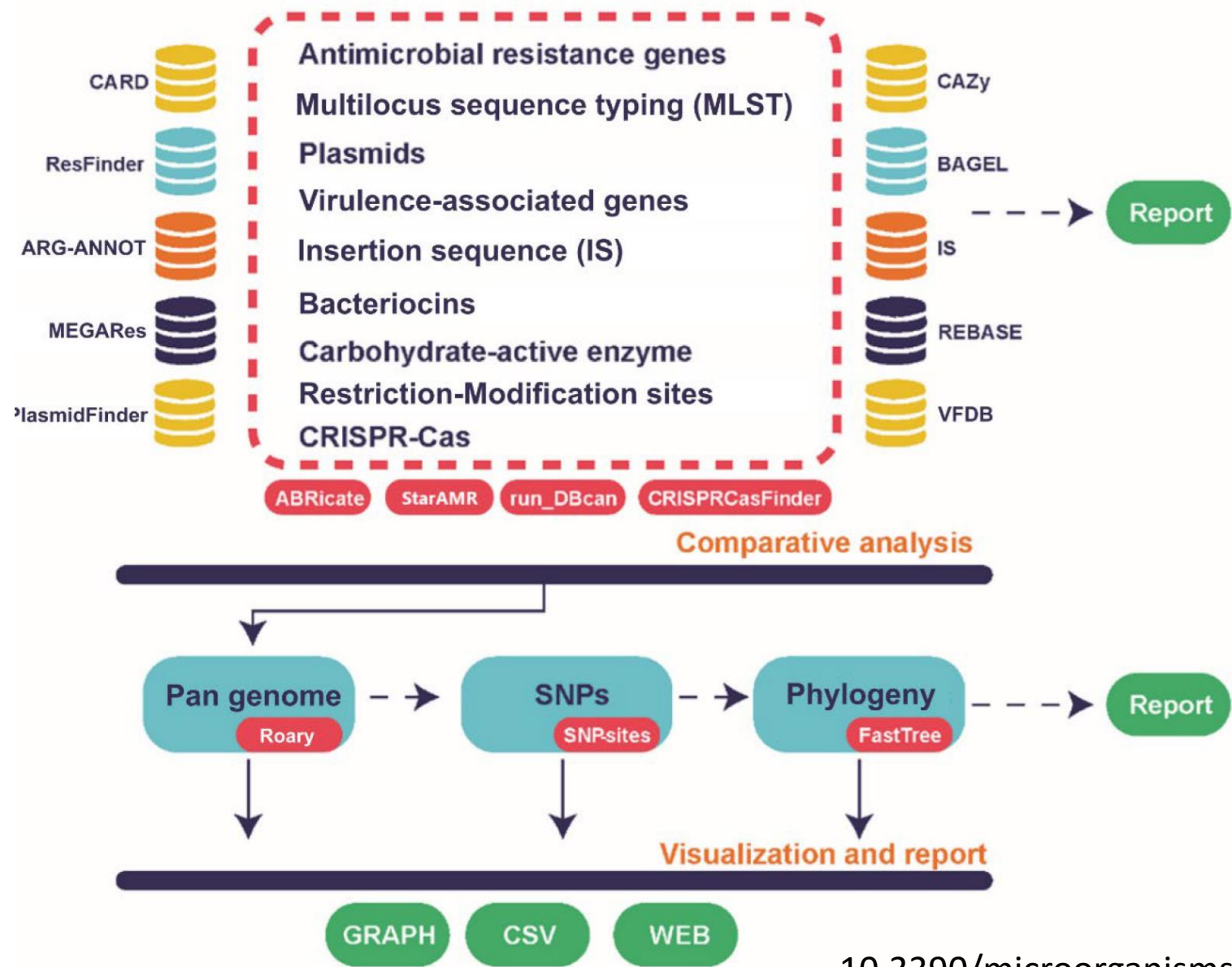


Mapping to reference



10.3390/microorganisms11071769

Bioinformatic Downstream analysis



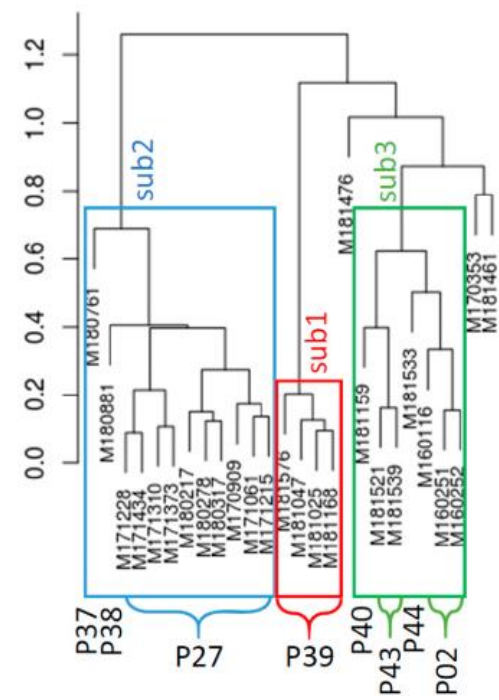
SNP calling

Individual sequences

GAT	A	TTCGTAC	GGA	TT
GAT	G	TTCGTAC	TGA	AA
GAT	A	TTCGTAC	GGA	TT
GAT	A	TTCGTAC	GGA	AA
GAT	G	TTCGTAC	TGA	AA
GAT	G	TTCGTAC	TGA	AA

SNPs A/G G/T A/T

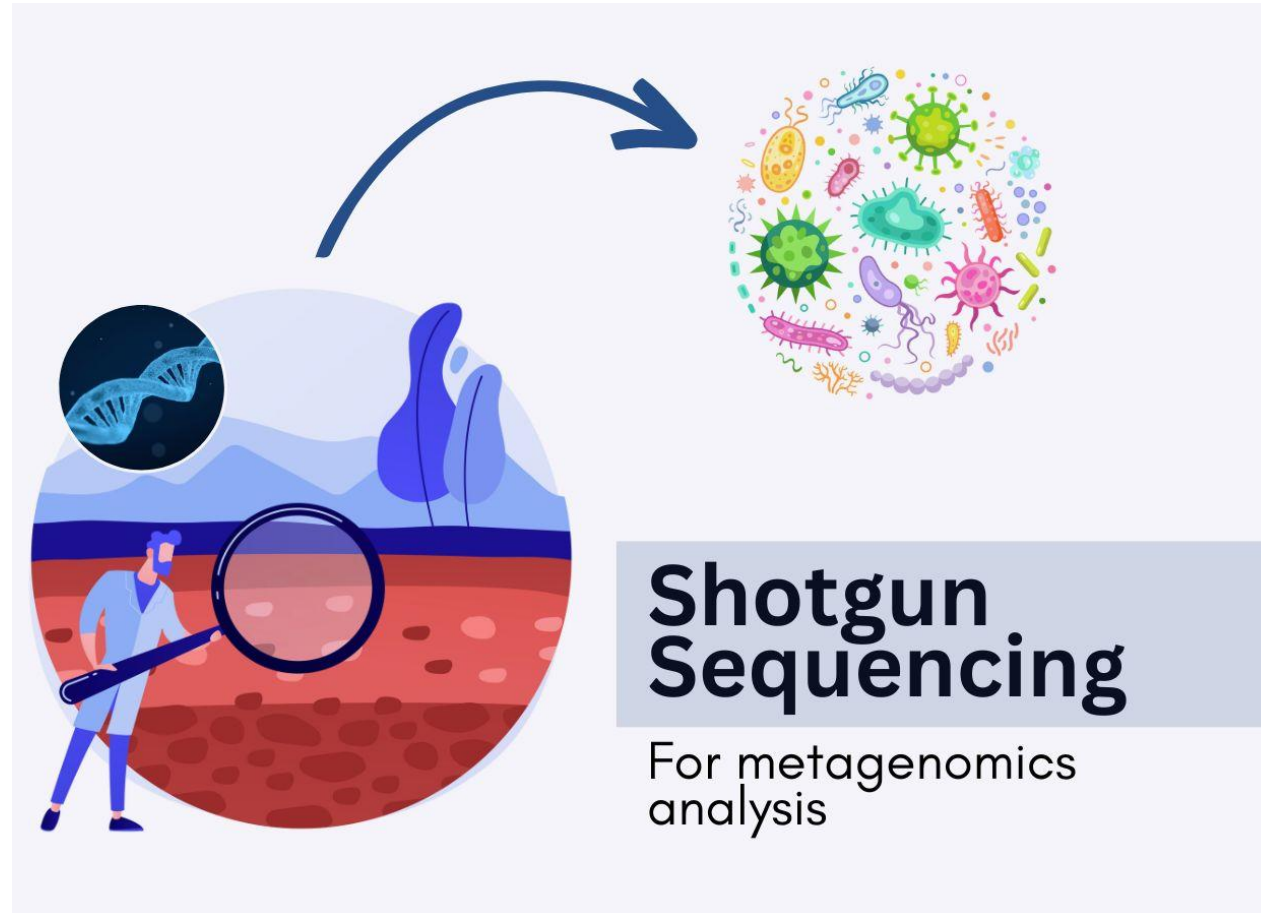
Phylogeny tree predicting



Methods

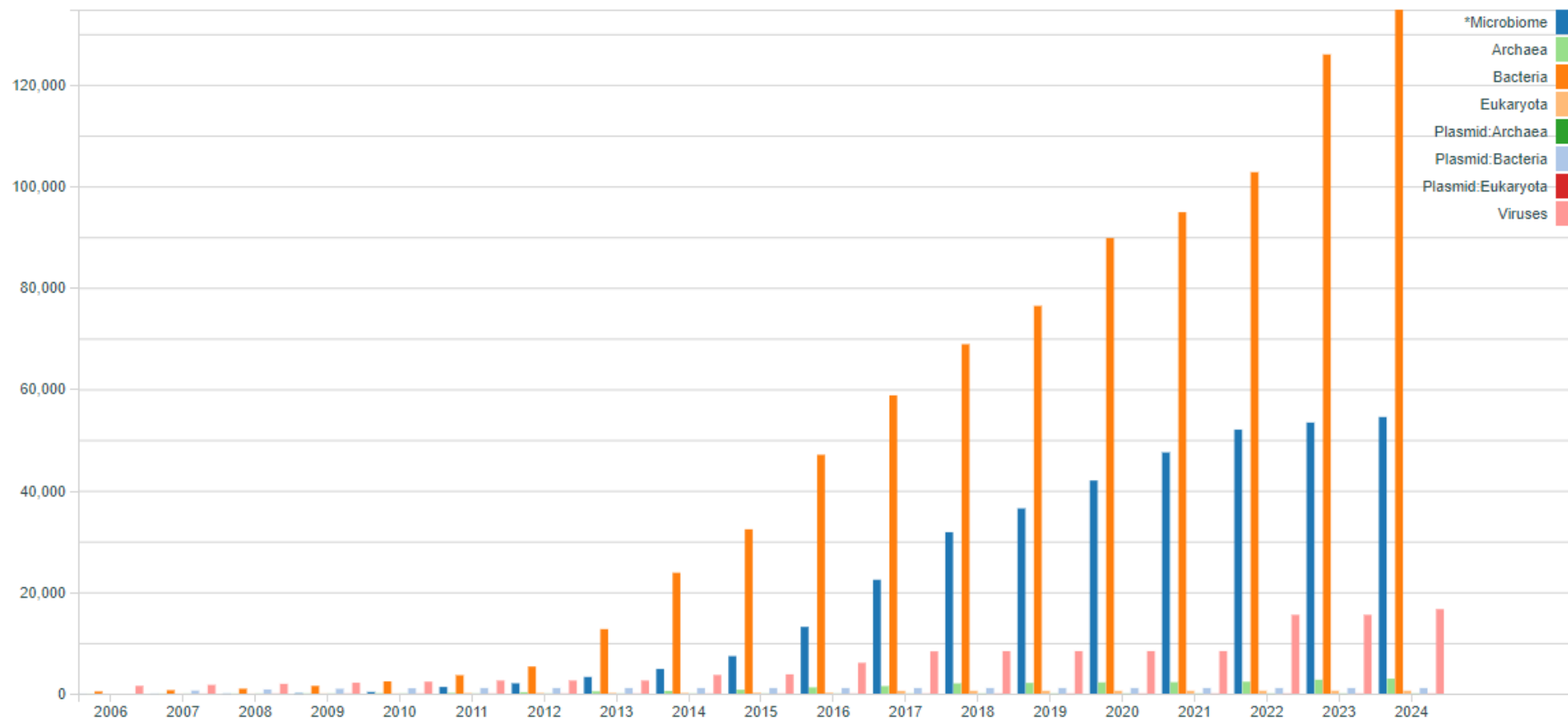
No	Sequencing Platforms	Read mapping	Variant calling	<i>De novo</i> assembly	Annotation	phylogenetic tree
1	Illumina GAIIx and HiSeq	BWA	SAMtools			SplitsTree4, PhyML and BEAST
2	454 GS FLX, Illumina HiSeq, Ion Torrent PGM and Pacific Biosciences RS II		Mummer	AMOS assembly, assembler ALLORA, minimus2 and BLASTR	Glimmer, GeneMarkS, BLASTp, InterProScan, SignalP and VFDB virulence factor database	Mugsy, MUMmer, SeqAn, Gblocks and RAxML
3	454 GS FLX and Illumina GAIIx	Bowtie	SAMtools	Velvet and Newbler		
4	454 GS FLX		Mauve	Newbler	NCBI PGAAP	
5	Illumina MiSeq	SMALT	SSAHA			RAxML
6	Illumina MiSeq and HiSeq	BWA		Ray Meta		Bowtie and Metaphlan

Metagenome/ Microbiome

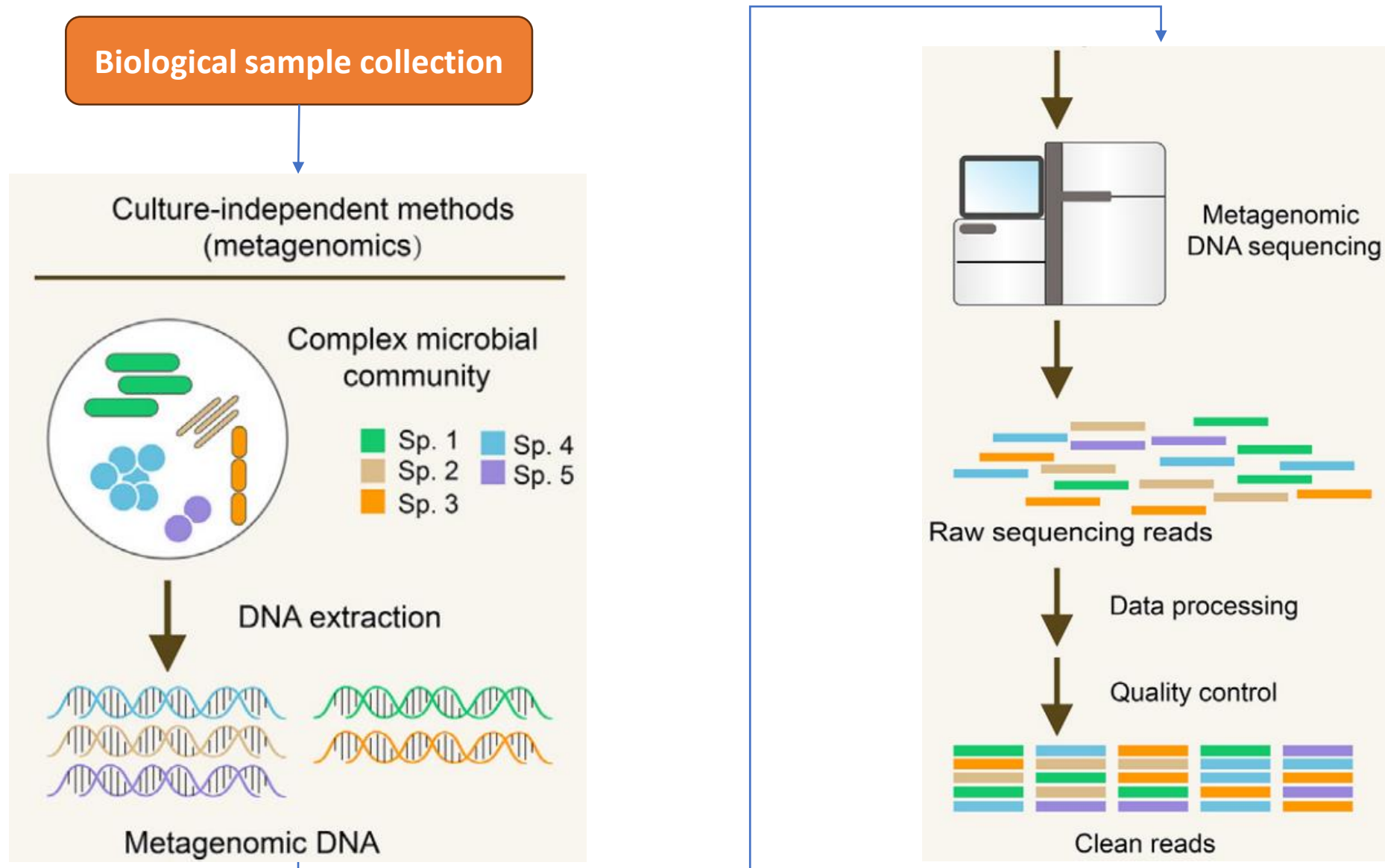


From Microbial Genome to Microbiome

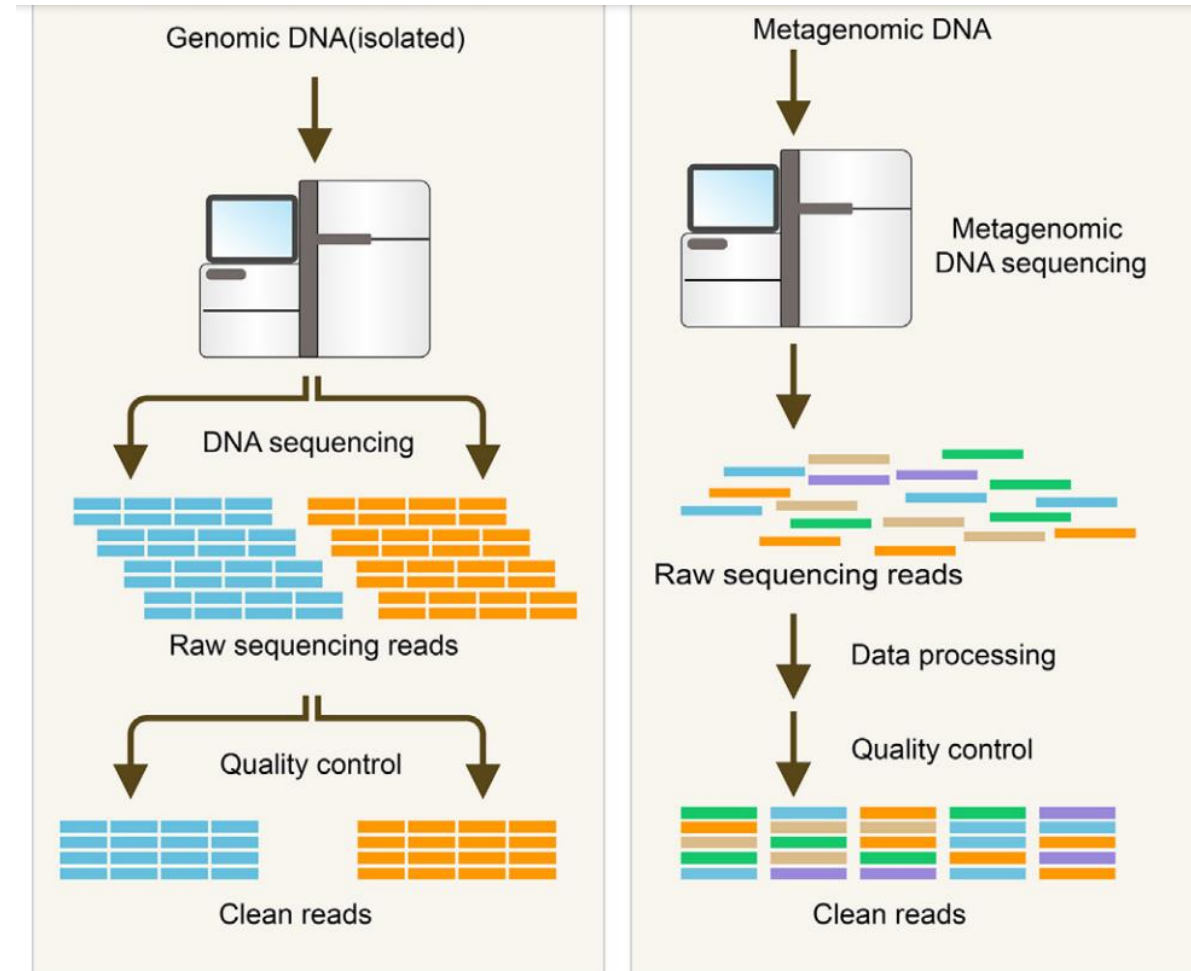
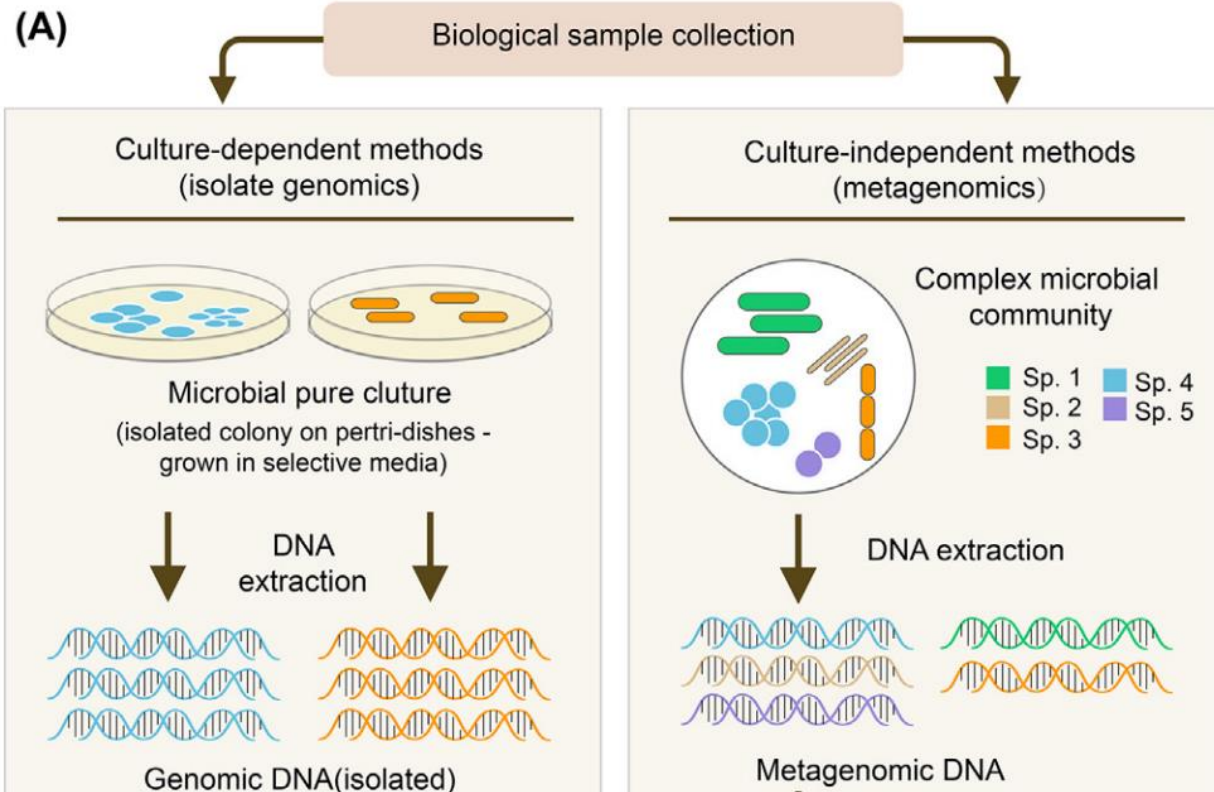
The
number
of
genomes
in IMG



Microbiome Analysis: study of microbiota

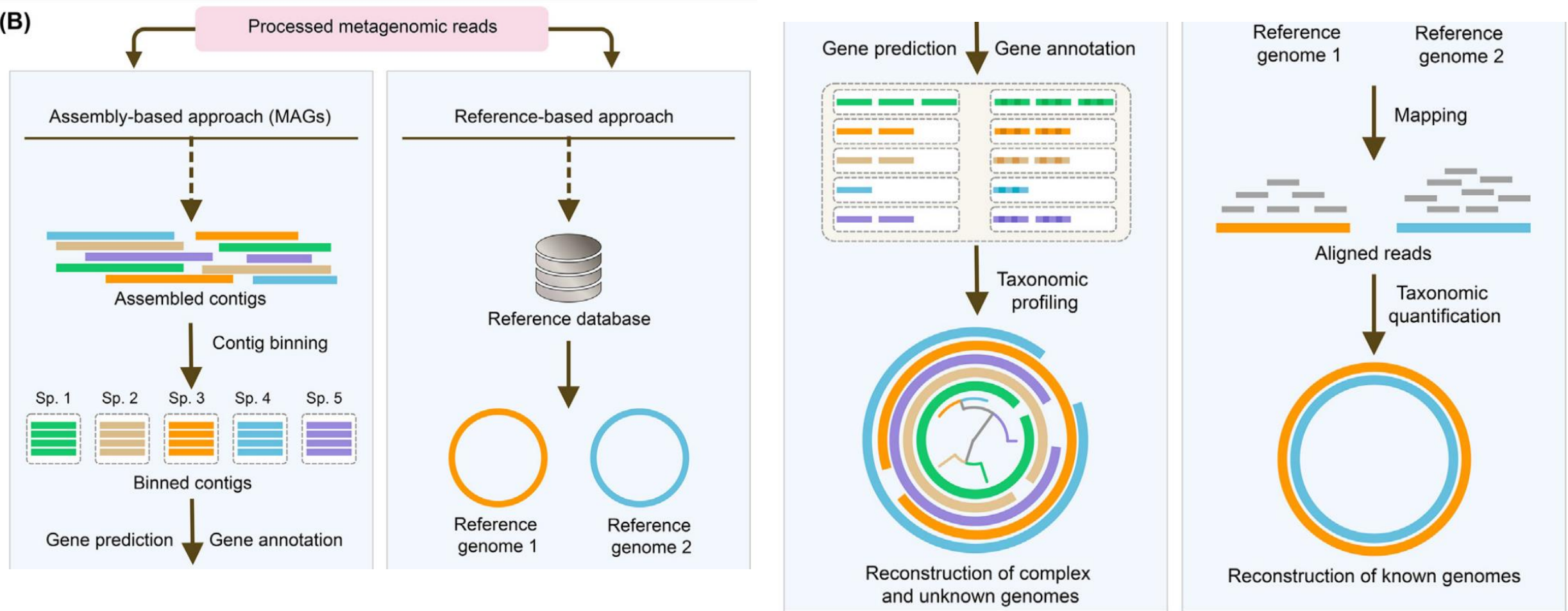


Microbial Genome vs Microbiome Analysis

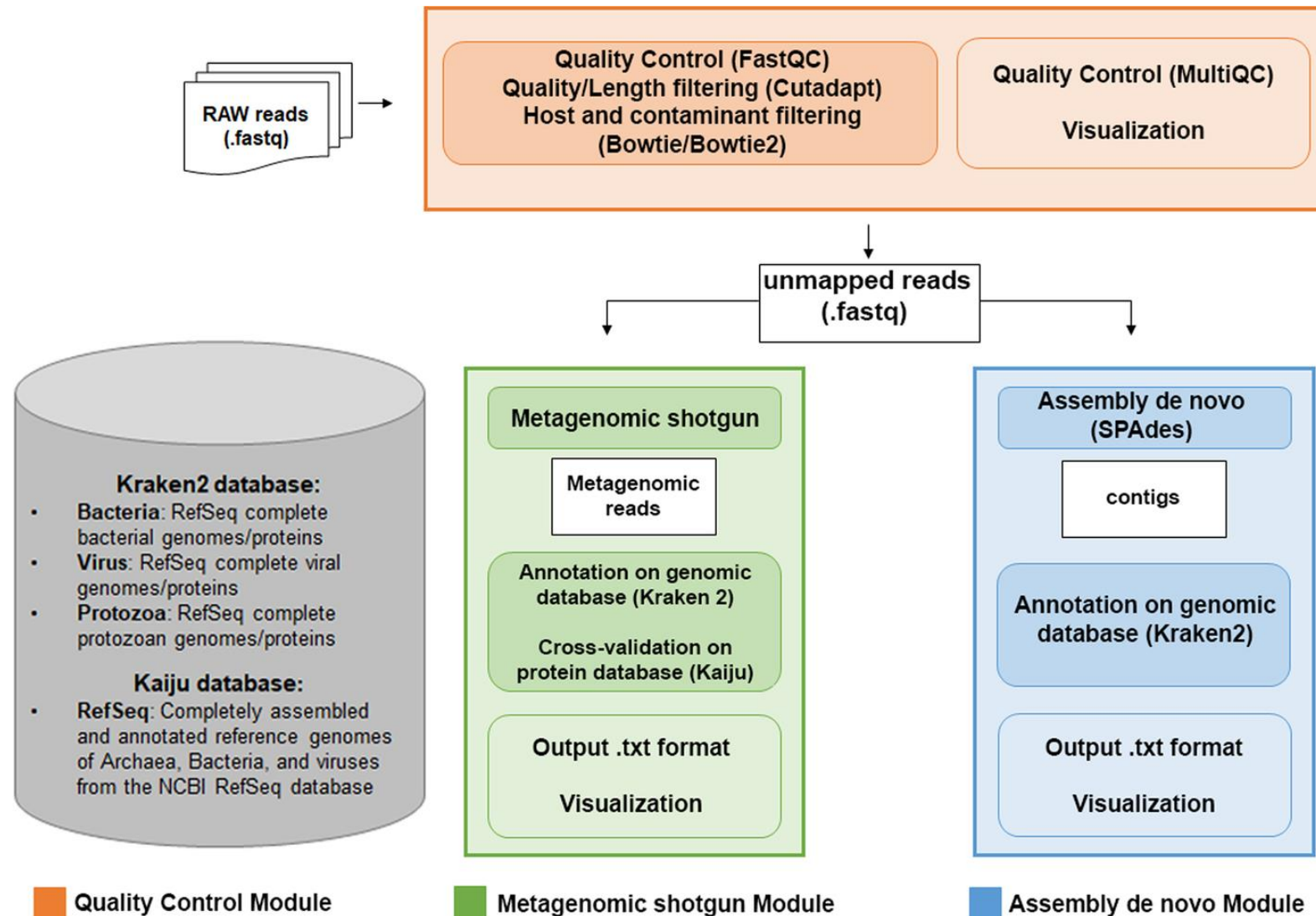


Shotgun Microbiome Analysis

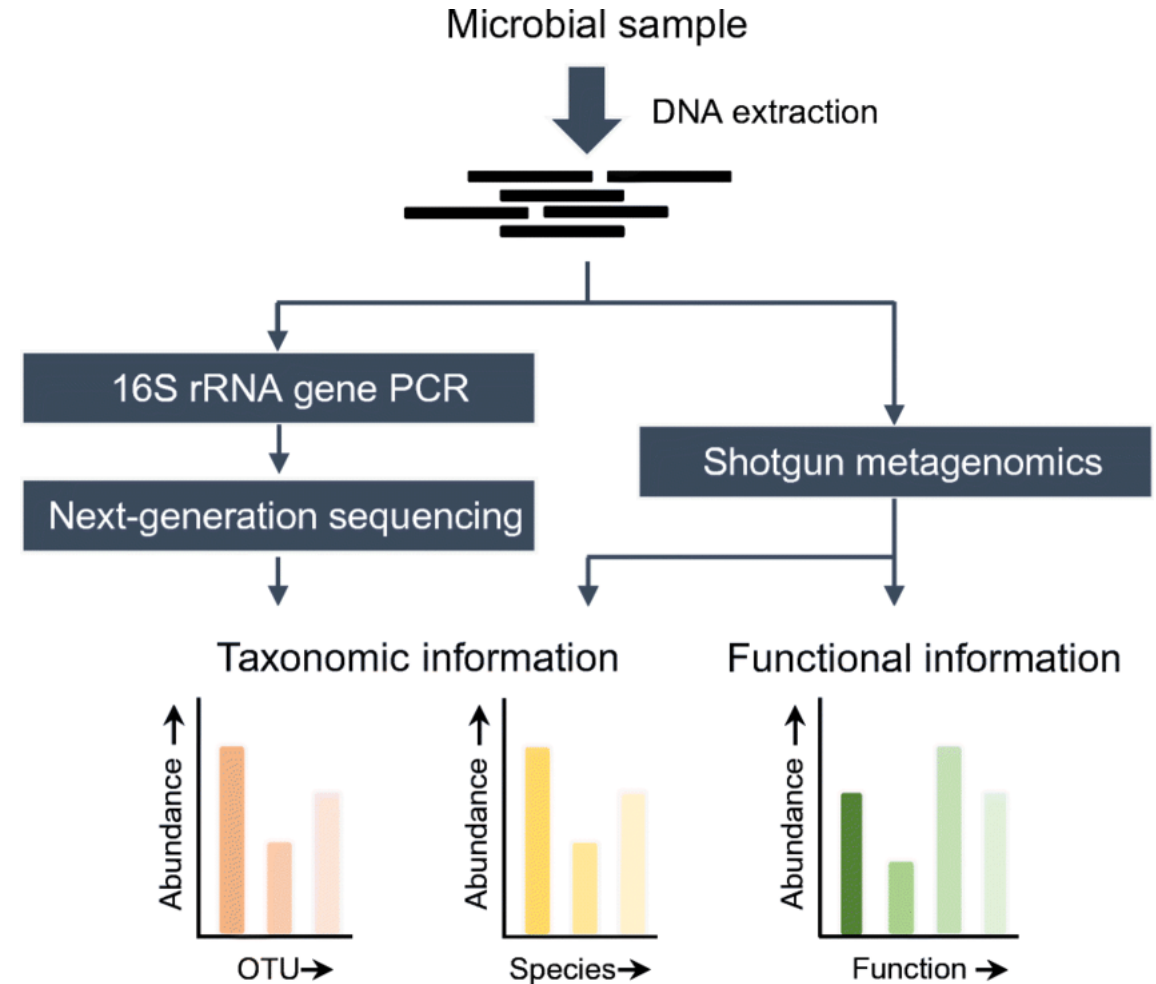
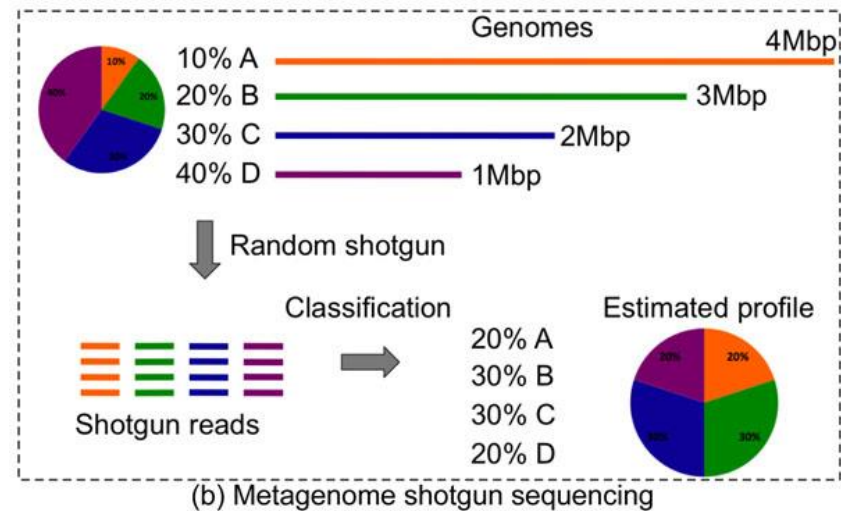
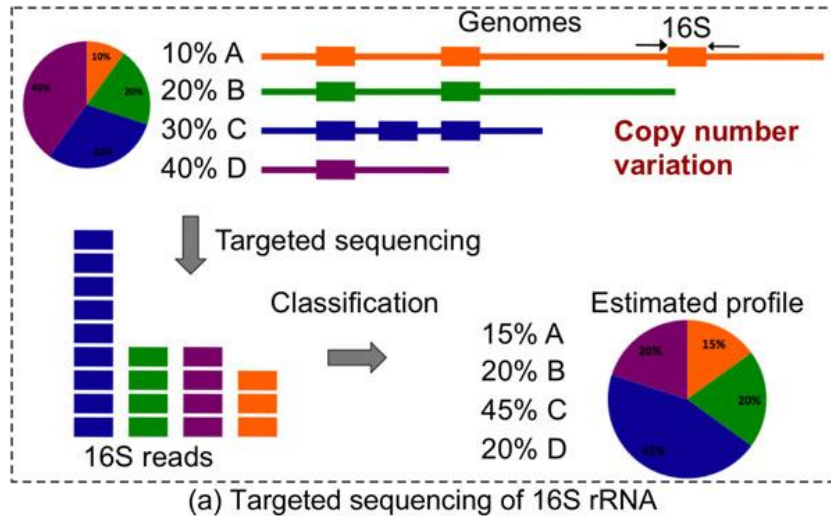
(B)



Shotgun Microbiome Analysis: HOME-BIO workflow



Target vs Shotgun Microbiome Analysis



What we will learn from the course?

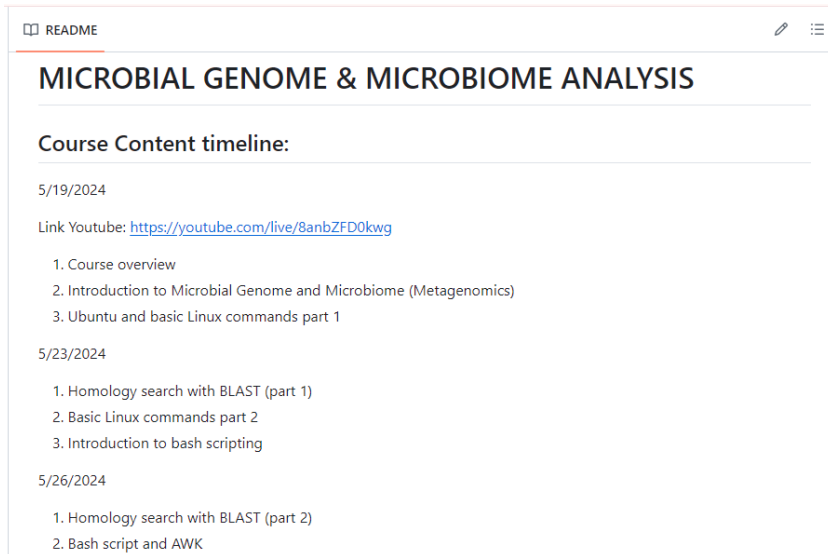
1. Install and use Ubuntu OS
2. Master programming language (Bash and R), Linux command line, and some bioinformatic tools
3. Manipulate Next Generation Sequencing data of WGS and Metagenomics
4. Plot a read-for-publication figures and statistically analyzing for a manuscript
5. Downstream analysis of WGS and Metagenomic data
6. Read a publication of WGS and Metagenomics

Github and youtube

1. Github:

Lecture Slides, Exercises, Books and Q&A

https://github.com/UeenHuynh/MGMA_2024



□ README

MICROBIAL GENOME & MICROBIOME ANALYSIS

Course Content timeline:

5/19/2024

Link Youtube: <https://youtube.com/live/8anbZFD0kwg>

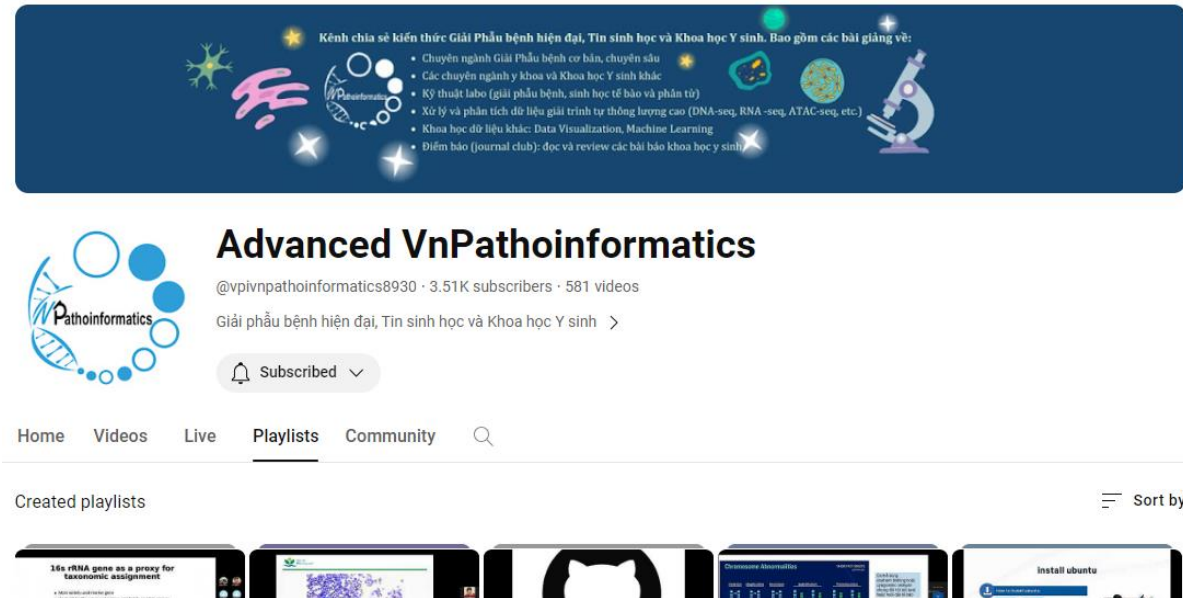
1. Course overview
2. Introduction to Microbial Genome and Microbiome (Metagenomics)
3. Ubuntu and basic Linux commands part 1

5/23/2024

1. Homology search with BLAST (part 1)
2. Basic Linux commands part 2
3. Introduction to bash scripting

5/26/2024

1. Homology search with BLAST (part 2)
2. Bash script and AWK



Kênh chia sẻ kiến thức Giải Phẫu bệnh hiện đại, Tin sinh học và Khoa học Y sinh. Bao gồm các bài giảng về:

- Chuyên ngành Giải Phẫu bệnh cơ bản, chuyên sâu
- Các chuyên ngành y khoa và Khoa học Y sinh khác
- Kỹ thuật labo (giải phẫu bệnh, sinh học tế bào và phân tử)
- Xử lý và phân tích dữ liệu giải trình tự thông lượng cao (DNA-seq, RNA-seq, ATAC-seq, etc.)
- Khoa học dữ liệu khác: Data Visualization, Machine Learning
- Điểm báo (journal club): đọc và review các bài báo khoa học y sinh

Advanced VnPathoinformatics

@vpivnpathoinformatics8930 · 3.51K subscribers · 581 videos

Giải phẫu bệnh hiện đại, Tin sinh học và Khoa học Y sinh >

Subscribed

Home Videos Live Playlists Community

Created playlists

Sort by

16s rRNA gene as a proxy for taxonomic assignment

install ubuntu

2. Youtube:

<https://www.youtube.com/@vpivnpathoinformatics8930/playlists>

Thank you for your listening!