|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Curso ***“Genómica Ambiental: Aspectos estadísticos y bioinformáticos del procesamiento y análisis de datos de secuenciación masiva”*** | | | | | | |
|  | **Mañana** | | | **Tarde** | | |
| Dia | Horario | Docentes | Tema | Horario | Docentes | Tema |
| Lunes 12/3 | 9:15 a 9:30 | Dra. Lucía Ferrando- Dra. Ana Fernández | Presentación del curso |  |  |  |
| Lunes 12/3 | 9:30 a 10:00  10:00 a 12:45 | Dra. Lucía Ferrando | Estructura y dinámica de comunidades microbianas y su relación con el ambiente ¿Qué aporta el análisis multivariado a la interpretación de resultados? | 14:00 a 17:00 | Dr. Gastón Ares- Ing. Alim. Leticia Vidal | Introducción al uso del software R (Teórico- práctico) |
| Dr. Gastón Ares- Ing. Alim. Leticia Vidal | Introducción al uso del software R (Teórico- práctico) |
| Martes 13/3 | 9:30 a 12:30 | Dr. Gastón Ares- Ing. Alim. Leticia Vidal | Técnicas para detección de diferencias significativas entre grupos: Análisis de varianza (ANOVA y MANOVA) | 14:00 a 16:00 | Dr. Gastón Ares- Ing. Alim. Leticia Vidal | Técnicas de clasificación: Análisis de cluster jerárquico y no jerárquico |
| Miércoles 14/3 | 9:30 a 12:30 | Dr. Gastón Ares- Ing. Alim. Leticia Vidal | Técnicas de reducción dimensional: Análisis de componentes principales (PCA), Análisis de correspondencia (CA) y Escalado Multidimensional (MDS) (Teórico- Práctico) | 14:00 a 15:00  15:00 a 16:00 | Dr. Gastón Ares- Ing. Alim. Leticia Vidal | Trabajo con datos propios |
| Lucía Ferrando- Ana Fernandez | Entrega de trabajos científicos a presentar al final del curso |
| Jueves 15/3 | 9:30 a 10:30  11:00 a 12:00 | Dra. Lucia Ferrando  Dr. Erick Cárdenas | Abordajes para estudiar comunidades microbianas  Introducción al análisis de diversidad. Componentes de la diversidad, alfa diversidad, beta diversidad, formas de medir diversidad, formas de graficar diversidad (teórico) | 14:00 a 15:00  15:00 a 16:00 | Dr. Erick Cárdenas  Dr. Erick Cárdenas | Uso del gen 16S rRNA como marcador en estudios de diversidad microbiana. Estructura de la molécula, regiones variables, bases de datos, y herramientas de análisis disponibles (teórico)  Procesamiento de amplicones de del gen 16S rRNA con Mothur. Descripcion de procesos, parámetros, y alternativas. (Teórico) |
| Viernes 16/3 | 9:30 a 12:30 | Dr. Erick Cárdenas | Tutorial de procesamiento de 16S rRNA utilizando Mothur y datos de Illumina- Miseq. Como obtener tablas de datos a partir de secuencias. (Práctico) | 14:00 a 16:00 | Dr. Erick Cárdenas | Análisis multivariado aplicado al análisis de comunidades. Diferentes formas de analizar los datos (ordenaciones, permanova, etc) (teórico) |
|  |  |  |  |  |  |  |
| Lunes 19/3 | 9:30 a 12:30 | Dr. Erick Cárdenas | Paquete Phyloseq. Integración de abundancias, taxonomía, y metadatos. Filtración, separación, y transformación de datos. Gráficas, y aplicación de análisis estadísticos. (práctico) | 14:00 a 17:00 | Dr. Erick Cárdenas | Continuación Paquete Phyloseq. (práctico) |
| Martes 20/3 | 9:30 a  12:00 | Presentadores a definir | Aplicaciones de la genómica ambiental:   1. (título a definir) 2. (título a definir) 3. (título a definir) | 14:00 a 15:00  15:30 a 16:30 | Dr. Erick Cárdenas | Análisis de diversidad de genes funcionales. Herramientas para el alineamiento, uso de Modelos de Markov, creación de bases de datos especializadas. (teórico)  Herramientas para identificar qué grupos microbianos se ven afectados bajo diferentes condiciones (indicator values, random forests, etc) (teórico) |
| Miércoles 21/3 | 9:30 a 12:00  12:00 a 13:00 | Dr. Erick Cárdenas  Estudiantes | Manejo y representación gráfica de datos. Uso de paquetes dyplr, reshape, ggplot. (práctico)  Presentación de trabajos | 14:00 a 16:00 | Estudiantes | Presentación de trabajos |
|  |  |  |  | 16:30 |  | Cierre del curso |