

1.IDENTIFICACIÓN DE LA ASIGNATURA

Nombre de la asignatura: Métodos Bioinformáticos en Ecología Microbiana.

Carácter de la asignatura: Optativa.

Cátedra/Departamento: Cátedra de Microbiología Agrícola – Departamento de Biología Aplicada y Alimentos.

Carrera: Licenciatura en Ciencias Ambientales.

Período lectivo: 2026-2030.

2. CARACTERÍSTICAS DE LA ASIGNATURA

Duración: bimestral .

Profesor responsable de la asignatura: Marcelo Soria .

Carga horaria para el estudiante: TREINTA y DOS (32) horas – DOS (2) créditos (70% presencial, 30% virtual)

Correlatividades requeridas:

Aprobadas: Microbiología Ambiental, Bioindicadores y Modelos Estadísticos

Modalidad: Curso.

3. FUNDAMENTACIÓN

La irrupción de métodos de secuenciación masiva de alto rendimiento junto con los avances en los métodos de extracción de ADN, ARN y proteínas revolucionaron el conocimiento sobre la constitución, dinámica y alteraciones de las comunidades microbianas. En estas metodologías, en lugar de analizar una muestra pura obtenida de un único órgano o tejido, se secuencia una muestra, por ejemplo, ADN extraído de suelo, que contiene ácidos nucleicos o proteínas de muchos organismos diferentes, idealmente de todos los que están presentes en esa muestra. Por primera vez fue posible tener una visión más realista de la diversidad microbiana presente en ambientes naturales, así como sus cambios estacionales y adaptaciones a situaciones de estrés, tales como sequía o temperaturas extremas; o intervenciones antrópicas, por ejemplo, contaminación, cambios en el uso de la tierra, etc.

Las primeras metodologías de secuenciación masiva de DNA aplicadas a ecología microbiana, y que se siguen utilizando, fueron aquellas basadas en la secuenciación de “amplicones”; esto es, fragmentos de genes marcadores, como el gen que codifica para el ARN 16S bacteriano o los ITS de eucariotas. Luego siguieron las metodologías de secuenciación de ADN total, que eliminaron algunos sesgos presentes en las técnicas basadas en amplicones y además permitieron realizar una caracterización más cabal de la potencialidad funcional de las comunidades. A este conjunto de metodologías basadas en la secuenciación del ADN presente en muestras complejas derivadas de comunidades microbianas se lo denominó metagenómica. Más tarde, se adaptaron las metodologías de cuantificación de la expresión del ARN aplicarlas también a muestras ambientales,

y recibieron el nombre de metodologías metatranscriptómicas. Las dos metodologías ómicas mencionadas son las de uso más extendido, y las que recibirán mayor atención en esta materia, sobre todo en las clases prácticas. Aunque también se discutirán los fundamentos y aplicaciones de otras ómicas, como metaproteómica, metabolómica y lipidómica

La gran cantidad de información que generan las metodologías ómicas constituye un desafío con respecto a su manejo, explotación e interpretación. Estos aspectos son los desafíos más grandes que encuentran quienes se inician en esta disciplina y serán, por tanto, el foco de esta materia. Se realizará el recorrido por flujo de trabajo típico en el área: análisis de la calidad de los datos de secuenciación, filtrado por calidad, obtención de variantes de secuencia en amplicones, análisis de diversidad alfa y beta de la comunidad, análisis taxonómico, análisis funcional, búsqueda de variantes de secuencia indicadoras.

4. OBJETIVOS

Que los estudiantes logren:

1. Comprender la utilidad y campo de aplicación de las tecnologías ómicas en ecología microbiana y análisis ambientales.
2. Comprender los factores a tener en cuenta al diseñar estudios de ecología microbiana con metodologías ómicas.
3. Adquirir las habilidades básicas para trabajar con datos metagenómicos y metatranscriptómicos.

5. CONTENIDOS

Unidad 1. Repaso de conceptos de genética molecular microbiana. Fundamentos de las técnicas de secuenciación de alto rendimiento. Estrategias generales y enfoques específicos de los estudios ómicos en microbiología.

Unidad 2. Metagenómica basada en amplicones. Diseño de los relevamientos o experimentos y de la estrategia de procesamiento del ADN. Caracterización de los amplicones: marcador genético usado, origen (procariota, eucariota), longitud, volumen y calidad de las secuencias. Filtrado de secuencias. Construcción de unidades taxonómicas operativas y de variantes de secuencias. Estudios de diversidad alfa y beta basadas en amplicones. Estudios taxonómicos e inferencias funcionales.

Unidad 3. Metagenómica basada en ADN total. Diseño del relevamiento o del experimento, impacto de la metodología de secuenciación. Calidad y limpieza de los datos. Caracterización taxonómica y funcional de las secuencias individuales. Construcción y ensamblado de ensamblados (contigs). Obtención de genomas ensamblados de metagenomas.

Unidad 4. Metatranscriptómica. Los desafíos metodológicos al trabajar con ARN.

Utilidad y aplicaciones de los métodos metatranscriptómicos. Calidad y procesamiento de los datos. Ensamblado de contigs. Cuantificación de la expresión. Cruzamiento de la información de expresión génica con la información metagenómica.

Unidad 5. Ejemplos de aplicación en estudios ambientales. Análisis del impacto de los contaminantes en las comunidades microbianas. Análisis de los cambios en suelos bajo uso agrícola. Monitoreo de bacterias resistentes a antibióticos en efluentes. Búsqueda de especies indicadoras. Introducción al uso de otras metodologías ómicas en estudios ambientales.

6. METODOLOGÍA DIDÁCTICA

- El curso contará con 11 clases teórico-prácticas de dos horas cada una y 10 horas de clases virtuales asincrónicas. Estas últimas se aprovecharán sobre todo para transmitir los conceptos teóricos.
 - La mayor parte de las clases prácticas se realizará en la sala de computación, donde las y los estudiantes tendrán la oportunidad de trabajar con datos reales a fin de aprender su manipulación, análisis e interpretación.
- El resto de las clases teórico-práctica se utilizarán para analizar y discutir trabajos científicos donde se aplican metodologías ómicas

7. FORMAS DE EVALUACIÓN

Las tres actividades prácticas que se realizarán a lo largo del curso consistirán en diferentes tipos de análisis metagenómicos (captura y limpieza de datos, análisis de calidad, asignación taxonómica, análisis de diversidad). Estas actividades se realizarán en equipo. Se podrán recuperar dos de estas actividades.

El trabajo práctico final individual consistirá en la revisión de un trabajo completo de análisis metagenómico donde la/el alumna/o deberá determinar si los objetivos del trabajo se corresponden con las técnicas utilizadas, si los muestreos fueron correctamente realizados y proponer estrategias y protocolos de análisis alternativos que se correspondan con los vistos en el curso. En caso de que este TP no sea satisfactorio, se podrá realizar una instancia de modificación.

Para aprobar la asignatura los estudiantes deberán:

- a) Acreditar al menos el 75% de las clases presenciales.
- b) Aprobar el 50% de las actividades prácticas con una calificación igual o mayor a cuatro (4) puntos.
- c) Aprobar el trabajo práctico final con nota mayor o igual que cuatro (4) puntos lo que implica un 60% de logro de las competencias planteadas como objetivos.

La nota final de la asignatura se calculará: 60% del trabajo práctico final + 40% del promedio de los tres trabajos prácticos aprobados.

El estudiante que no cumpla con los requisitos establecidos quedará en condición “libre” como única condición alternativa.

8. BIBLIOGRAFÍA

Principal:

- Beiko, R. G., Hsiao, W., & Parkinson, J. (Eds.). (2018). Microbiome analysis: methods and protocols. New York, NY: Humana Press. 319 p.
- Bolyen, E., Rideout, J. R., Dillon, M. R., Bokulich, N. A., Abnet, C. C., Al-Ghalith, G. A., ... & Caporaso, J. G. (2019). Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2. *Nature biotechnology*, 37(8), 852-857.
- Buttigieg PL, Ramette A. Guide to Statistical Analysis in Microbial Ecology
- Mitra S (ed.). Metagenomic Data Analysis. *Methods in Molecular Biology* 2649. New York, NY. Humana Press <https://doi.org/10.1007/978-1-0716-3072-3>
- Xia, Y., Sun, J., & Chen, D. G. (2018). Statistical analysis of microbiome data with R. Singapore: Springer.

Auxiliar, optativa:

- Beghini, F., McIver, L. J., Blanco-Míguez, A., Dubois, L., Asnicar, F., Maharjan, S., ... & Segata, N. (2021). Integrating taxonomic, functional, and strain-level profiling of diverse microbial communities with bioBakery 3. *Elife*, 10, e65088.
- Cao, Y., Zhang, B., Greer, C. W., Lee, K., Cai, Q., Song, X., ... & Chen, B. (2022). Metagenomic and Metatranscriptomic Responses of Chemical Dispersant Application during a Marine Oil Spill. *Applied and environmental microbiology*, aem-02151.
- Guo, X., Tang, N., Lei, H., Fang, Q., Liu, L., Zhou, Q., & Song, C. (2021). Metagenomic Analysis of Antibiotic Resistance Genes in Untreated Wastewater From Three Different Hospitals. *Frontiers in microbiology*, 2457.
- Srour, A. Y., Ammar, H. A., Subedi, A., Pimentel, M., Cook, R. L., Bond, J., & Fakhoury, A. M. (2020). Microbial communities associated with long-term tillage and fertility treatments in a corn-soybean cropping system. *Frontiers in microbiology*, 1363.



1821 Universidad de Buenos Aires

Anexo Resolución Consejo Directivo

Hoja Adicional de Firmas

Número:

Referencia: Anexo del programa de la nueva asignatura optativa "Métodos Bioinformáticos en Ecología Microbiana" carrera de Licenciatura en Ciencias Ambientales - EX-2022-02243980- -UBA-DMESA#SSA_FAGRO

El documento fue importado por el sistema GEDO con un total de 4 pagina/s.