

## **Asignatura: Genómica y Metagenómica (4 ECTS)**

### **Profesorado:**

Rafael Ruiz de la Haba (Coordinador – Dpto. Microbiología y Parasitología)

Ana Beatriz Fernández González (Bioinsectis S.L.)

Blanca Vera Gargallo (UNIA – Dpto. Microbiología y Parasitología)

### **Unidades:**

**Unidad 1:** Introducción a las técnicas de secuenciación masiva de altas prestaciones: (1 semana – 8 horas)

- Desarrollo histórico de las técnicas de secuenciación. Secuenciación por el método de Sanger. Secuenciación automática. Next Generation Sequencing (NGS). Secuenciación de molécula única de ADN. Bases de datos de genomas.
- Datos crudos de secuenciación masiva: formato, descarga, inspección. Calidad Phred. Determinación del tamaño de inserto.
- Preprocesamiento de los datos crudos: formateo de las lecturas, control de calidad, filtrado, eliminación de vectores y adaptadores, eliminación de secuencias procedentes de contaminación.

**Unidad 2:** Ensamblaje y anotación de genomas. Filogenómica: (1 semana – 8 horas)

- Ensamblaje de novo de genomas procariotas completos mediante PacBio. Ensamblaje de novo de genomas procariotas completos mediante Nanopore. Ensamblaje de novo híbrido de genomas procariotas completos. Ensamblaje consenso mediante integración de diferentes ensamblajes. Estadísticas del ensamblaje. Selección del mejor ensamblaje. Circularización del genoma. Cobertura del genoma.
- Predicción de ORFs y genes ribosomales. Anotación automática de genomas (anotación estructural y funcional mediante BLAST y HMMs): prokka y NCBI PGAP. Anotación específica mediante HMMER frente a la base de datos KEGG Orthology. Mapeo de las rutas metabólicas del genoma frente a la base de datos KEGG.
- Filogenia y filogenómica. Determinación del core/pan-genoma. Cálculo de los índices de relación genómica. Extracción de marcadores filogenómicos, alineamientos y construcción de árboles. Estudios de sintenia.

**Unidad 3:** Introducción a la metagenómica. Metagenómica procariota de secuencias "shotgun".

Reconstrucción de genomas microbianos: (1 semana – 8 horas)

- Metagenómica shotgun como alternativa al estudio de la microbiota no cultivada. Utilidad, ventajas e inconvenientes.
- Preprocesamiento de los datos crudos: control de calidad, filtrado de secuencias de baja calidad y trimming. Ensamblaje de novo de lecturas procedentes de secuenciación Illumina.
- Evaluación de la diversidad taxonómica: genes marcadores, agrupamiento de secuencias en grupos taxonómicos y ensamblaje de lecturas en distintos genomas (Binning). Identificación de bins.
- Estudio de la abundancia de genomas y bins en bases de datos metagenómicos (reclutamientos).
- Predicción genética y anotación funcional. Caracterización de funciones biológicas e identificación de nuevos genes.

**Unidad 4:** Secuenciación y análisis de amplicones (procariotas): (1 semana – 8 horas)

- Secuenciación de amplicones. Utilidad, ventajas e inconvenientes frente a metagenómica shotgun. Diseño experimental: combinación con metagenómica shotgun y otras técnicas. Regiones a secuenciar, tamaño de inserto, cebadores, barcodes, multiplexado, paired/single-ends.
- Control de calidad de amplicones. Métodos de clustering, de identificación de quimeras y anotación. Bases de datos de amplicones. Construcción de árboles filogenéticos.

- Normalización de datos. Análisis de abundancia y diversidad (alfa/beta).
- Representaciones gráficas e integración de metadatos.

**Evaluación:**

80% Tareas a realizar durante el desarrollo de la asignatura.

20% Examen final (será requisito indispensable obtener la mitad de la calificación máxima del examen final para superar la asignatura)