

Ecología Molecular con un enfoque al microbioma y la agricultura

Breve justificación

Actualmente hay muchos trabajos enfocados a obtener metagenomas como estrategia para conocer la diversidad y función de los microorganismos en diferentes ambientes (microbiomas). En estos trabajos típicamente se obtienen muchos datos, pero al no comprender la ecología de los microorganismos, la información tiene poca utilidad. En el caso de la agricultura, entender las interacciones que ocurren entre microorganismos, la de éstos con una planta, los ciclos de nutrientes en suelo, y la regulación de vías metabólicas en relación a la disponibilidad de nutrientes, son esenciales para que tenga sentido el análisis metagenómico. La magnitud de datos que podemos obtener a partir de análisis de librerías de genes ribosomales o de DNA total será informativa sólo en la medida en que sepamos interpretar su significado en taxonomía microbiana y entendamos la plasticidad genómica de los microorganismos.

En este taller se busca abordar las estrategias de obtención y análisis de metagenomas de suelo a fin de que se obtenga una comprensión de la metodología, los resultados, su significado biológico y algunas de sus aplicaciones.

- Profesores

Dr. Gabriela Olmedo Alvarez (Cinvestav Uniad Irapuato) (golmedo@ira.cinvestav.mx)

Dr. Luis David Alcaraz (Instituto de Ecología, UNAM) (ldalcaraz@gmail.com)

Dra. Valeria Souza Saldívar (Instituto de Ecología, UNAM) (souza@unam.mx)

- Resumen curricular

Dra. Gabriela Olmedo Alvarez

I. Datos personales:

Correo electrónico: golmedo@ira.cinvestav.mx

Dirección de sitio web personal:

<http://www.ira.cinvestav.mx/Investigaci%C3%B3n/DepartamentodeIngenier%C3%ADaGen%C3%A9tica/ProfesoresInvestigadores/DraOlmedoAlvarezGabriela/tabid/114/language/es-MX/Default.aspx>

II. Datos Laborales:

Institución de adscripción: Centro de Investigación y de estudios Avanzados del IPN, Irapuato,

Nombramiento académico: Investigador Cinvestav 3D

III. *Líneas de investigación*: Diversidad de los *Bacillus* spp. en Cuatrociénegas Coahuila, plasticidad genómica y su relación con interacciones en las comunidades bacterianas del sedimento.

IV. *Actividad reciente*: Producción Científica: 15 artículos científicos de circulación internacional en revistas arbitradas (2012-2017), Tesis terminadas: 15 de licenciatura, 10 de maestría, 8 de doctorado, 4 posdoctorado y 1 estancia sabática.

Dr. Luis David Alcaraz.

I. Datos personales:

Correo electrónico: lalcaraz@ieciologia.unam.mx

Dirección de sitio web personal <http://web.ecologia.unam.mx/laboratorios/genomica/>

II. Datos Laborales:

Institución de adscripción: Instituto de Ecología, UNAM

Nombramiento académico: Investigador Asociado C tiempo completo.

III. *Líneas de investigación*: Metagenómica, genómica comparativa, bioinformática

IV. *Actividad reciente*: Producción Científica: 14 artículos científicos de circulación internacional (2012-2017), 3 artículos de divulgación en revistas nacionales. Tesis terminadas: 4 de licenciatura, 1 de maestría. En proceso: 7 de maestría, 1 doctorado.

Dra. Valeria Souza Saldivar

I. *Datos personales*:

Correo electrónico: souza@unam.mx

Dirección de sitio web personal:

http://web.ecologia.unam.mx/index.php?option=com_content&view=article&id=137

https://scholar.google.com.mx/citations?view_op=search_authors&mauthors=Souza+V.+UNAM&hl=en&oi=ao

II. *Datos Laborales*:

Institución de adscripción: Instituto de Ecología, UNAM

Nombramiento académico: Investigador Titular C tiempo completo. SNI III, Priede D.

III. *Líneas de investigación*: Ecología Evolutiva de Microorganismos

IV. *Actividad reciente*: Producción Científica: 43 artículos científicos de circulación internacional en revistas arbitradas (2012-2017), Tesis terminadas: 15 de licenciatura, 10 de maestría, 8 de doctorado, 4 posdoctorado y 2 estancia sabática.

Prácticas de laboratorio a cargo de:

Laboratorio: Africa Islas, Román Zapién, Jaime Ortega, Diana Fabiola Díaz (laboratorio de Gabriela Olmedo), Rodrigo Zorrilla (laboratorio de Valeria Souza), Jazmín Blaz (laboratorio de Luis David Alcaraz)

Bioinformática aplicada análisis metagenómico: Hugo Barajas y Miguel Romero

- Objetivo

Curso teórico-práctico intensivo de metagenomas, en el que se enseñarán métodos para obtener DNA ambiental (específicamente de suelo) y su limpieza; procedimientos que se aplican para hacer librerías de 16S o bien metagenomas completos. Plataformas de secuenciación a usar en cada caso. Introducción al análisis bioinformático de metagenomas. De gran importancia es explicar las bases de ecología microbiana para que se comprenda la utilidad de estas metodologías, en particular para entender las dinámicas micobianas en suelo con aplicación a la agricultura.

- Temario/temas generales

DNA ambiental y metagenomas

1. Microbiología básica: Aislamiento de microorganismos
2. Genomas y regulación genética

3. Introducción a ciclos de nutrientes en suelo
4. Ecología microbiana: Comunidades
5. Metagenómica
6. Introducción al análisis bioinformático de metagenomas
7. Ejemplos de aplicaciones, especialmente a la agricultura

- Actividades:

Laboratorio experimental:

1. Aislamiento de DNA de suelo
2. Limpieza y preparación de DNA ambiental para utilizarlo en la amplificación de 16S ribosomal/metagenomas completos
3. Detección molecular dirigida a microorganismos específicos (específicamente *Bacillus* de mesocosmos)
4. Interacciones microbiana: antagonismo y facilitación

Laboratorio Bioinformático

Simulaciones de análisis de metagenomas de suelo y plantas (datos diversidad de suelos de México, Luis David Alcaraz).

1. Comprender los principios de la metagenómica y sus análisis.
2. Analizar secuencias tanto de amplicones 16S ribosomales como datos de secuenciación de genoma completo.
3. Usar herramientas bioinformáticas para analizar datos metagenómicos para pre-procesamiento, ensamblado de secuencias, perfiles taxonómicos, diversidad de comunidades, predicción de genes, anotación funcional, análisis estadístico.
4. Uso de línea de comandos básicos en sistemas operativos Linux/Unix para ejecutar herramientas bioinformáticas.

Seminarios:

1. Microorganismos endófitos, Laila Partida
2. Clavibácter, ejemplo de plasticidad genómica en un patógeno, Paco Barona

- Quien puede participar Alumnos o investigadores interesados en estudiar microbiomas o que ya trabajen con datos metagenómicos. No se requiere experiencia en bioinformática, pero el tener experiencia en trabajo en ambientes Linux con líneas de comando sería de gran beneficio.

- Duración

3 días, 8 horas diarias en dos sesiones de 4 horas cada una.

- Cupo máximo

20 personas

- Requisitos

Computadoras personales. (Mac o PC). Los requisitos mínimos de la computadora son:

Procesador a 64 bits (Intel i3, i5, i7, AMD64, más información:

<https://es.wikipedia.org/wiki/X86-64>)

4 Gb memoria RAM

Se proporcionará un sistema operativo Linux capaz de instalarse por completo o virtualmente en sus máquinas.

Tendremos tres disponibles para quien no pueda traer una. Aquí les ayudaremos a montar el software de análisis.

- Costos (materiales, equipos, reactivos)

Materiales generales para Microbiología y para Biología Molecular, particularmente columnas para aislamiento y limpieza de DNA ambiental; reactivos para amplificación y detección de grupos taxonómicos específicos.

- Requerimientos técnicos

- 1) Cañón y pantallas para proyección
- 2) Contactos eléctricos para varias computadoras

- Contacto

golmedo@ira.cinvestav.mx