

Cronograma del Taller

“Secuenciación y análisis de datos de microbiomas usando el equipo MiSeq de Illumina”

Este taller está dividido en dos partes. En la primera se realizará la preparación de librerías del gen 16S en el CIBCM y se secuenciarán las mismas en el MiSeq de Illumina. La segunda parte corresponde al análisis de los datos en la plataforma Galaxy, así como desde el command line en el cluster del CNCA.

Instructores:

Sarah Craig, PhD, de The Pennsylvania State University impartirá toda la parte del trabajo en laboratorio de la generación de secuencias en el MiSeq.

Daniel Blankenberg, PhD, de Cleveland Clinic Lerner Research Institute impartirá la parte de análisis de datos usando la plataforma Galaxy y desde el command line.

| Taller | Fecha | Hora | Actividad |
|---|-----------------------|---------------|---|
| Secuenciación (CIBCM) | Lunes 8 de enero | 8:30-9:45am | Vistazo general del protocolo 16S. Sesión de preguntas. |
| | | 10am-4:30pm | Paso 1: Preparación del PCR 16S incluyendo el control positivo (Zymo mock community). Correr el gel de agarosa. |
| Secuenciación (CIBCM) | Martes 9 de enero | 8:30am - 12pm | Paso 2: Purificación con perlas magnéticas. Paso 3: Indexar los productos de PCR. |
| | | 1-4:30pm | Paso 4: Purificación con perlas magnéticas. Paso 5: Medición de concentración con el Quantus. |
| Secuenciación (CIBCM) | Miércoles 10 de enero | 8:30am-12pm | Paso 6: Normalización. Paso 7: Electroforesis en el QIAxcel. Paso 8: Pool para la corrida en el MiSeq. |
| | | 1-2pm | Paso 9: Empezar la corrida en el MiSeq. |
| Análisis de datos (Lab. Cómputo, Facultad de Microbiología) | | 2-5pm | Introducción a Galaxy y al estudio de metagenómica. |
| Análisis de datos (Lab. Cómputo, Facultad de Microbiología) | Jueves 11 de enero | 8am-12pm | Subir los datos a Galaxy y control de calidad. Clasificar las secuencias. |
| | | 1-4pm | Rarefacción y normalización. Manejo de múltiples muestras como colecciones de sets de datos. |
| Análisis de datos (Lab. Cómputo, Facultad de Microbiología) | Viernes 13 de enero | 8:30am-12pm | Métricas de diversidad. Estadística y visualización. |
| | | 1-4:30pm | Metagenómica desde el command line. |