

FORMULARIO DE PRESENTACIÓN DE CURSOS DE POSGRADO

1.1. Indique la denominación del curso propuesto:

Introduction to environmental sequencing (metabarcoding) and its use in ecology
Introducción a la secuenciación ambiental (metabarcoding) y su uso en ecología

1.2. Inserto en un carrera de posgrado

Sí

1.3. En caso de que el curso ya sea dictado en otra carrera indique la siguiente información:

Carrera	Tipo de dictado	Modalidad	Carácter

2. Equipo docente.

Mélanie Roy – Université Toulouse Paul Sabatier – UMI IFAECI

Invitados (puede cambiar):

- Maylin Gonzalez, instituto Humboldt, Colombia
- Marcos Paolinelli, INTA, Lujan de Cuyo
- Lucia Vivanco, IFEVA, Universidad de Buenos Aires
- Federico Ibarbalz, CONICET, CIMA, Universidad de Buenos Aires

2.1. Responsable a cargo.

Apellido: ROY.....

Nombre: Mélanie.....

Documento:..... Pasaporte francés 20EA07775

Correo electrónico:... melanie.roy@cima.fcen.uba.ar

CUIT/CUIL:.....

2.2. Integrantes del equipo docente (repetir cuantas veces sea necesario)

Apellido: ...Vivanco.....

Nombre:... ...Lucia.....

Documento:... ...DNI 24.159.480.....

Correo electrónico:... vivanco@agro.uba.ar.....

CUIT/CUIL:..... [27-24159480-2](#).....

3. Fecha probable de dictado

Semestre

~~1er~~

2do

mes: Agosto

4. Número máximo y mínimo de alumnos : 20 max y 5 min

5. Carga horaria propuesta

48h : 12h de clases teóricas; 16h de clases prácticas; 15h de trabajo grupal independiente; 3h de cierre/presentación del trabajo en grupo.

5.1. Exprese la carga horaria relacionada al dictado de la actividad en horas reloj.

Modalidad	Carga teórica	Carga práctica	Total	Porcentaje
Presencial	<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="-"/>
No presencial	<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="-"/>
Total	<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>	

Modalidad	Carga teorica	Carga practica	Total	Porcentage
Presencial (Virtual)	12	16	30	62,5
No presencial	10	8	18	37,5
Total	22	24	48	100

6. Objetivos (máx. 2000 caracteres).

El desarrollo de herramientas de secuenciación ambiental “metabarcoding” está revolucionando los estudios de la ecología en la actualidad, en particular sobre la diversidad del suelo, las interacciones y los ambientes de difícil acceso. Estos estudios se popularizan pero a la vez plantean nuevos retos, especialmente para la formación de estudiantes en ecología. Por ejemplo, aunque el acceso a millones de secuencias facilita la descripción de la diversidad, el metabarcoding depende de la constitución de bases de datos de referencia y del uso de herramientas bioinformáticas y nuevos lenguajes de programación. Además, las herramientas de secuenciación ambiental aún son jóvenes y producen sesgos como quimeras y contaminantes, que en algunos casos pueden representar la mitad de los resultados. Por lo tanto, se debe capacitar a los estudiantes para que tengan en cuenta estas dificultades, a fin de poder interpretar tanto los resultados publicados como sus propios datos brutos.

Objetivos

- Definir genómica ambiental, las preguntas y los objetos que permite estudiar (comunidad compleja, genoma de organismos no modelo, nivel de variabilidad, ADN antiguo), condiciones de implementación (muestreo, elección de marcadores y técnicas de secuenciación), las herramientas bioinformáticas necesarias (diferentes pipelines), limitaciones y precauciones (variabilidad intra e interespecífica, contaminación, umbrales, etc.).
- Ilustrar con ejemplos específicos las aplicaciones de estas técnicas (p. ej., secuenciación de un genoma procariótico, análisis de una comunidad de microorganismos), sin olvidar las cuestiones ecológicas o evolutivas iniciales.
- Comprender las técnicas utilizadas y sus límites para una lectura informada de la literatura científica
- Brindar herramientas para el uso del metabarcoding para estudiar redes de interacciones ecológicas.

7. Contenidos (máx. 2000 caracteres).

Contenidos teóricos:

- Introducción e historia del metabarcoding (2h)
- Metabarcoding y ecología : una revolución para estudiar la diversidad; discusión sobre los índices; ejemplos de usos con colegas especialistas en ecología (4 h)
- Metabarcoding y sus “errores”: entender las etapas del análisis y las fuentes de error; la importancia de los datos públicos (2h)
- Metabarcoding y redes de interacción: desarrollo y límites; comparación con el conocimiento y la biología de las interacciones (2h)
- Cómo armar un proyecto en Argentina: discusión práctica con colegas especialistas en ecología (2h)

Contenidos prácticos:

- Lenguaje informático útil; descubrimiento de clusters y diferentes herramientas (2h)
- Análisis de un pequeño conjunto de datos, trabajo en grupo desde los datos brutos hasta la construcción de una matriz comunitaria (10h)
- Comparación de herramientas disponibles (4h)

Total :

- 12h de clases teóricas
- 16h de clases prácticas
- 15h de trabajo grupal independiente
- 3h de cierre/presentación del trabajo en grupo.

8. Describa las actividades prácticas desarrolladas, indicando lugar donde se

desarrollan y modalidad de supervisión (Si corresponde). (máx.2000 caracteres)

Las clases prácticas serán virtuales y permitirán a los estudiantes poner en práctica diferentes herramientas bioinformáticas y manipular conjuntos de datos resultantes de la secuenciación ambiental. Se pondrán a disposición de los estudiantes pequeños conjuntos de datos. Los estudiantes podrán analizar datos y aplicar los pasos para crear una matriz comunitaria. Luego, pueden abordar preguntas simples comparando varias muestras. Las herramientas presentadas son de libre acceso (Obitools, Dada2), y una conexión a Internet será suficiente para acceder a ellas en los clústeres identificados. El conocimiento del entorno R para análisis estadísticos será útil pero no obligatorio.

9. Bibliografía propuesta (máx.2000 caracteres).

Barroso-Bergadà, D., Pauvert, C., Vallance, J., Deliere, L., Bohan, D.A., Buee, M. and Vacher, C., 2020. Microbial networks inferred from environmental DNA data for biomonitoring ecosystem change: Strengths and pitfalls. *Molecular Ecology Resources*.

Bohan, D.A., Vacher, C., Tamaddoni-Nezhad, A., Raybould, A., Dumbrell, A.J. and Woodward, G., 2017. Next-generation global biomonitoring: large-scale, automated reconstruction of ecological networks. *Trends in Ecology & Evolution*, 32(7), pp.477-487.

Faure, Denis, and Dominique Joly. *La génomique environnementale: La révolution du séquençage à haut débit*. ISTE Group, 2016.

Pauvert, C., Buée, M., Laval, V., Edel-Hermann, V., Fauchery, L., Gautier, A., Lesur, I., Vallance, J. and Vacher, C., 2019. Bioinformatics matters: The accuracy of plant and soil fungal community data is highly dependent on the metabarcoding pipeline. *Fungal Ecology*, 41, pp.23-33.

Pornon, A., Escaravage, N., Burrus, M., Holota, H., Khimoun, A., Mariette, J., Pellizzari, C., Iribar, A., Etienne, R., Taberlet, P. and Vidal, M., 2016. Using metabarcoding to reveal and quantify plant-pollinator interactions. *Scientific Reports*, 6(1), pp.1-12.

Ruppert, K.M., Kline, R.J. and Rahman, M.S., 2019. Past, present, and future perspectives of environmental DNA (eDNA) metabarcoding: A systematic review in methods, monitoring, and applications of global eDNA. *Global Ecology and Conservation*, 17, p.e00547.

Taberlet, Pierre, Eric Coissac, Mehrdad Hajibabaei, and Loren H. Rieseberg. Environmental DNA. *Molecular ecology* 21, no. 8 (2012): 1789-1793

Vacher, C., Tamaddoni-Nezhad, A., Kamenova, S., Peyrard, N., Moalic, Y., Sabbadin, R., Schwaller, L., Chiquet, J., Smith, M.A., Vallance, J. and Fievet, V., 2016. Learning ecological networks from next-generation sequencing data. *Advances in ecological research*, 54, pp.1-39.

Zinger, L., Chave, J., Coissac, E., Iribar, A., Louisanna, E., Manzi, S., Schilling, V., Schimann, H., Sommeria-Klein, G. and Taberlet, P., 2016. Extracellular DNA extraction is a fast, cheap and reliable alternative for multi-taxa surveys based on soil DNA. *Soil Biology and Biochemistry*, 96, pp.16-19.

Zinger, L., Bonin, A., Alsos, I.G., Bálint, M., Bik, H., Boyer, F., Chariton, A.A., Creer, S., Coissac, E., Deagle, B.E. and De Barba, M., 2019. DNA metabarcoding—Need for robust experimental designs to draw sound ecological conclusions.

10. Modalidad de evaluación y requisitos de aprobación y promoción (2000 caracteres)

Los estudiantes tendrán una semana para estudiar los contenidos del curso y hacer una presentación sobre los avances en la secuenciación ambiental en su tema de estudio. Al inicio del curso los estudiantes formarán grupos de 2-3 personas, reunidos por su tema de estudio (por ejemplo, biodiversidad de las turberas, interacciones planta-animal). Usando la literatura, los estudiantes buscarán casos de aplicaciones de secuenciación ambiental ofreciendo una lectura crítica y sugiriendo caminos a seguir. Esta presentación se realizará en forma oral.

Los criterios de puntuación serán la calidad de la presentación, la comprensión de las herramientas de secuenciación ambiental y la demostración del conocimiento de la bibliografía relevante sobre el tema.

11. Ingrese toda otra información que considere pertinente, incluidos requisitos específicos si corresponde (máx.1600 caracteres).

En Argentina, el desarrollo reciente de estas técnicas invita a los estudiantes a capacitarse en dichas herramientas, pero también implica hacer un inventario de las bases de datos de referencia disponibles y de los marcadores a usar. Además, el interés de investigadores de Mendoza (por ejemplo, el grupo de Diego Vázquez en el IADIZA, CCT CONICET Mendoza) en el estudio de redes de interacción es una motivación adicional para discutir la aplicación de las técnicas de metabarcoding para inferir interacciones en las comunidades ecológicas. De hecho, se están desarrollando nuevos algoritmos para inferir la topología de las redes de interacción, como las redes tróficas, a partir del ADN ambiental. Las discusiones con estudiantes familiarizados con estas redes serán, por lo tanto, particularmente enriquecedoras y pueden conducir a la elaboración de un punto de vista común sobre el uso de la secuenciación ambiental, aplicado a las redes de interacciones.