



CURSO DE POSTGRADO

Bioinformática Aplicada a Estudios Genómicos y Transcriptómicos

SEMESTRE Nombre Curso AÑO

PROF. ENCARGADO
Nombre Completo Cédula Identidad

Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile

UNIDAD ACADÉMICA

TELÉFONO E-MAIL

TIPO DE CURSO
(Básico, Avanzado, Complementario, Seminarios Bibliográficos, Formación General)

CLASES	39 HRS.
PRESENTACIÓN DE TRABAJO	06 HRS.

Nº HORAS PRESENCIALES	45
Nº HORAS NO PRESENCIALES	135
Nº HORAS TOTALES	180

CRÉDITOS
(1 Crédito Equivale a 27 Horas Semestrales)

CUPO ALUMNOS
(N° mínimo) (N° máximo)

PRE-REQUISITOS

INICIO TERMINO

DIA/HORARIO POR SESION DIA / HORARIO POR SESION

LUGAR

Escuela De Postgrado (Sala a determinar) u otro lugar

METODOLOGÍA

El curso consta de quince (15) semanas de clases organizados en:

- 13 clases teórico-prácticas
- 2 sesiones para evaluación final de presentación de trabajos

(Clases, Seminarios, Prácticos)

EVALUACIÓN (INDICAR % DE CADA EVALUACION)

Se desarrollará un trabajo final en donde se propondrá/buscarán un problema biológico y los estudiantes deberán tratar de responderlo a través de la implementación de metodologías bioinformáticas. El trabajo escrito es formato tesilla, con una extensión máxima de 5 página, times new roman 10, con portada, introducción, objetivos, materiales y métodos, posibles resultados. Se evaluará todos los puntos, pero lo más importante será la implementación de la metodología propuesta y los resultados esperados.

Evaluación

Escrito trabajo final: 50%

Presentación Trabajo final: 50% (La presentación final es oral y comprenderá la presentación (10 min) de una propuesta de investigación y una discusión (10 min) con los profesores y alumnos del curso). Esta nota también tendrá la apreciación de participación en clases.

Requisitos asistencia

Clases : 80%

PROFESORES PARTICIPANTES (INDICAR UNIDADES ACADÉMICAS)

- Dr. Vinicius Maracaja Coutinho, Facultad Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile
- Dr. Victor Aliaga Tobar, Facultad Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile
- Dr. Raúl Arias Carrasco, Facultad Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Universidad de Chile
- Dra. Mónica Saldarriaga, Centro de Investigación en Recursos Naturales y Sustentabilidad, Universidad Bernardo O'Higgins

DESCRIPCIÓN / OBJETIVOS

El curso ***Bioinformática Aplicada a Estudios Genómicos y Transcriptómicos***, es un curso dirigido a estudiantes de posgrado. Es un curso teórico-práctico, en que se estudiarán las diferentes técnicas y metodologías bioinformáticas para el estudio de genomas y transcriptomas. La genómica y bioinformática ha crecido de manera exponencial gracias al desarrollo de nuevas metodologías de secuenciación masiva de ácidos nucleicos, que permiten el estudio en larga escala de diferentes genomas y transcriptomas. Esta cantidad masiva de datos han cambiado la manera en que comprendemos la biología sistémica de los organismos vivos. El curso se compone de cátedras y actividades prácticas, en los que se tratará de abordar los conceptos utilizados en las diferentes metodologías y su aplicación en el análisis de datos genómicos y transcriptómicos, utilizando los abordajes más relevantes de cada tópico cubierto por el curso.

Objetivo general del curso. Familiarizarse con los conceptos y las metodologías bioinformáticas para la realización de análisis de datos genómicos y transcriptómicos.

Tópicos:

Introducción a genómica y bioinformática.

1. Conceptos generales en genómica y bioinformática, utilización de pipelines.

Sistemas Linux y Shell scripting

1. Conceptos generales, definiciones de términos, sistemas operativos Unix.
2. Sistemas Linux – GUI.
3. Sistemas Linux – Terminal y manipulación de software y archivos usando Shell scripting.

Bioinformática Aplicada

1. Comparaciones de secuencias y ensamblaje de novo de genomas y transcriptomas.
2. Predicción de genes, anotación funcional y ontologías génicas.
4. Bases de datos biológicas
5. Genómica comparativa aplicada a estudios filogenéticos
6. Genómica comparativa aplicada al diseño de pangenomas.
7. Metagenómica funcional y taxonómica
8. Reconstrucción de transcriptomas usando genomas de referencia.
9. Manipulación de coordenadas genómicas.
10. Bioinformática de RNAs
11. Análisis de expresión diferencial
12. Biología de redes y de sistemas

BIBLIOGRAFÍA

- Artículos científicos referentes a los diferentes software y bases de datos utilizados durante el curso.
- Artículos científicos referentes a técnicas genómicas y bioinformáticas. Entregados durante el curso.
- Capítulo 1: Durham AM; Gubitoso MD. Using Linux. Chapter A1. IN: Bioinformatics in Tropical Disease Research: A Practical and Case-Study Approach. National Center for Biotechnology Information (US); 2008.
- Capítulos 1 a 10: Pevsner J. Bioinformatics and Functional Genomics. 3ª Edición. Willey Blackwell; 2015.
- Maracaja-Coutinho V., Arias-Carrasco R., Nakaya H.I., Aliaga-Tobar V. (2019) Predicting RNA Families in Nucleotide Sequences Using StructRNAfinder. In: Kollmar M. (eds) Gene Prediction. Methods in Molecular Biology, vol 1962. Humana, New York, NY.
- Maracaja-Coutinho V., Paschoal A.R., Caris-Maldonado J.C., Borges P.V., Ferreira A.J., Durham A.M. (2019) Noncoding RNAs Databases: Current Status and Trends. In: Lai X., Gupta S., Vera J. (eds) Computational Biology of Non-Coding RNA. Methods in Molecular Biology, vol 1912. Humana Press, New York, NY.

Calendario

SESIÓN	FECHA	TEMA	EXPOSITORES
Sesión 1	15/06	Introducción al curso. Conceptos generales de la Genómica y la Bioinformática. Conceptos generales de pipelines bioinformáticos.	Vinicius Maracaja
Sesión 2	22/06	Intrudicción a sistemas Linux	Victor Aliaga
Sesión 3	29/06	Shell Scripting	Victor Aliaga
Sesión 4	06/07	Comparaciones de secuencias y ensamblaje de novo de genomas y transcriptomas	Vinicius Maracaja
Sesión 5	13/07	Predicción de genes, anotación funcional y ontologías génicas	Vinicius Maracaja
Sesión 6	20/07	Bases de datos biológicas	Vinicius Maracaja
Sesión 7	27/07	Genómica comparativa aplicada a estudios filogenéticos	Mónica Saldarriaga
Sesión 8	03/08	Genómica comparativa aplicada al diseño de pangenomas.	Vinicius Maracaja
Sesión 9	10/08	Metagenómica funcional y taxonómica	Raúl Arias
Sesión 10	17/08	Reconstrucción de transcriptomas usando genomas de referencia. Manipulación de coordinadas genómicas.	Vinicius Maracaja
Sesión 11	24/08	Bioinformática de RNAs	Vinicius Maracaja
Sesión 12	31/08	Análisis de expresión diferencial	Vinicius Maracaja
Sesión 13	07/09	Biología de redes y de sistemas	Vinicius Maracaja
Sesión 14	14/09	Presentación de trabajo final	Vinicius Maracaja
Sesión 15	21/09	Presentación de trabajo final Entrega de trabajo escrito final	Vinicius Maracaja

- Las clases serán realizadas en principio en el Laboratorio de Matemáticas de la Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas o de manera online utilizando la plataforma indicada en el momento oportuno. Programa modificado día 18 de mayo de 2020.