



FACULTAD DE CIENCIAS

CURSO DE POSTGRADO

Genética y biotecnología de levaduras.

Nombre Curso

SEMESTRE

2°

AÑO

2021

PROF. ENCARGADO

Víctor Cifuentes Guzmán

7087361-3

Nombre Completo

Cédula Identidad

Depto. de Ciencias Ecológicas

UNIDAD ACADÉMICA

TELÉFONO

87346

E-MAIL

vcifuentes@uchile.cl

TIPO DE CURSO

Electivo

(Básico, Avanzado, Complementario, Seminarios Bibliográficos, Formación General)

Ejemplo:

CLASES	36 HRS.
SEMINARIOS	18 HRS.
PRUEBAS	4 HRS.
TRABAJOS	2 HRS.
PÁCTICAS	18 HRS.

Nº HORAS PRESENCIALES	78 HRS.
Nº HORAS NO PRESENCIALES	152 HRS.
Nº HORAS TOTALES	230 HRS.

CRÉDITOS

7 (Depende del reglamento de cada Programa)

(1 Crédito Equivale a 30 Horas Semestrales)

CUPO ALUMNOS

1

10

(Nº mínimo)

(Nº máximo)

PRE-REQUISITOS

INICIO

Agosto de 2021

TERMINO

Diciembre de 2021

DIA/HORARIO
POR SESION

Miércoles / 16:00 – 18:30

DIA / HORARIO
POR SESION

Viernes / 16:00 – 18:30

LUGAR

Laboratorio de Genética

METODOLOGÍA

Clases teóricas, Seminarios, Proyecto de revisión bibliográfica, Trabajos prácticos (Sesiones prácticas de Bioinformática aplicada a levaduras. Vía zoom).

(Clases, Seminarios, Prácticos)

EVALUACIÓN (INDICAR % DE CADA EVALUACION)

1 Prueba de contenidos (40%), Seminarios (20%), Defensa de proyecto (40%), Informes de prácticos.

PROFESORES PARTICIPANTES (INDICAR UNIDADES ACADEMICAS)

Alcaíno Jennifer.	U. de Chile.
Baeza Marcelo.	U. de Chile.
Cifuentes Víctor.	U. de Chile.
Hermosilla Germán.	U. de Chile.
Martínez Claudio.	U. de Santiago de Chile
Martínez-Moya Pilar.	U. de Chile
Orlando Julieta.	U. de Chile.
Rojas Cecilia.	U. de Chile.
Campusano Sebastián.	U. de Chile.

DESCRIPCIÓN

El curso toma como modelo principalmente a *Saccharomyces cerevisiae* y se extiende a otras levaduras no convencionales y hongos filamentosos de interés industrial. Básicamente ha habido una simbiosis entre hongos (filamentosos y levaduras) y la biotecnología, la cual es tan antigua como la humanidad, de manera que conocer aspectos básicos de estos microorganismos puede ser un aporte para su utilización en investigación básica y aplicada.

En cada sesión, se invita a un profesor con experiencia en el tema y su clase es luego acompañada por una sesión de seminario donde los estudiantes discuten artículos científico proporcionado por el profesor invitado del tema.

Al final del curso se desarrollarán actividades de prácticas experimentales de laboratorio que este año serán de sesiones prácticas de Bioinformática aplicada a levaduras. (Vía zoom).

OBJETIVOS

Entregar elementos teóricos y prácticos de genética clásica y molecular de levaduras y hongos filamentosos, y su aplicación a procesos biotecnológicos que puedan ser útiles para el desarrollo de investigación en este campo.

CONTENIDOS / TEMAS

Teóricos:

- 1) Introducción. Análisis genético clásico de *Saccharomyces cerevisiae*.
- 3) Transformación genética de levaduras.
- 4) Ciclo de vida de *S. cerevisiae*. Homotalismo y heterotalismo.
- 5) Elementos genéticos extracromosómicos y sistema killer de levaduras.
- 6) Sistemas de expresión de genes heterólogos en levaduras.
- 7) Diversidad genética y microevolución de levaduras.
- 8) Mecanismos moleculares de patogenicidad de levaduras.
- 9) Especificidad fúngica en la simbiosis líquénica.
- 10) Tecnología de la producción de vino. Proceso biológico básico y aplicación biotecnológica.
- 11) Organización estructural y funcional del sistema citocromo P450 de hongos.
- 12) Caracterización funcional de los genes de biosíntesis de giberelinas en hongos.
- 13) Control genético de la biosíntesis de carotenoides en levaduras.
- 14) Ingeniería metabólica de levaduras.
- 15) Proteómica funcional de levaduras

Sesiones prácticas: Bioinformática aplicada al estudio de levaduras. (Sebastián Campusano).

Sesión 1. Uso de la línea de comandos. Estructura de directorios. Comandos básicos. Creación/edición de archivos. Formato FASTA.

Sesión 2. BLAST. Instalación y uso de BLAST+ suite. Tipos de BLAST. Bases de datos. E-value. BLAST local y en línea.

Sesión 3. Acceso a datos públicos. Bases de datos: *Saccharomyces* Genome Database (SGD). Instalación y uso de SRA-toolkit. Descarga de datos de secuenciación masiva. Formato FASTQ.

Sesión 4. Trabajo con datos de secuenciación masiva de levaduras 1. Procesamiento de archivos FASTQ. Uso de cutadapt. Mapeo de lecturas de RNA-seq. HISAT2 y bowtie2. Formatos SAM y BAM. Uso de SAMtools.

Sesión 5. Trabajo con datos de secuenciación masiva de levaduras 2. Control de calidad de mapeos. Conteo de reads. Uso de HTseq-count.

Sesión 6. Análisis de datos de RNA-seq de levaduras 1. Instalación de R y RStudio. Estructuras de datos. Paquetes y viñetas. Repositorio Bioconductor. Uso de DESeq2 para expresión diferencial. Visualización de resultados.

Sesión 7. Análisis de datos de RNA-seq de levaduras 2. Análisis de enriquecimientos. Gene Ontology y KEGG. Prueba exacta de Fisher. Visualizaciones.

Sesión 8. Análisis y discusión de resultados.

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA

Molecular Biology of the Gene.

BIBLIOGRAFÍA RECOMENDADA

Artículos entregados por los invitados en cada sesión (disponibles en línea o proporcionados directamente por el profesor).