**** FACULTAD DE CIENCIAS

**CURSO DE POSTGRADO**

|  |  |
| --- | --- |
| **Nombre del curso**  | **Genómica Microbiana y Metagenómica** |
| **Tipo de curso** (Obligatorio, Electivo, Seminario) | Electivo |
| **N° de horas totales** (Presenciales + No presenciales) | 14 |
| **N° de Créditos**  |  |
| **Fecha de Inicio – Término** | 14-16 diciembre 2021 |
| **Días / Horario** | 9:00-13:30 |
| **Lugar donde se imparte** | Online a través de U-cursos |
| **Profesor Coordinador del curso** | Andrés Marcoleta (Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile) |
| **Profesores Colaboradores o Invitados** | Camilo Berríos (estudiante de doctorado en Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile)Luis Orellana (Max Planck Institute) |
| **Descripción del curso**  | En este curso se abordarán aspectos básicos relacionados con la secuenciación y el análisis de genomas y metagenomas microbianos, con ejemplos de estudios de patógenos bacterianos y microbiología ambiental. Se discutirán las principales tecnologías de secuenciación masiva y se revisarán de manera teórica y práctica distintas herramientas bioinformáticas útiles para el análisis de este tipo de datos. Además, se entregará un entrenamiento inicial (básico) sobre trabajo en línea de comandos desde la terminal, dirigida a la ejecución de dichas herramientas. Se discutirá además, cómo la secuenciación y el análisis del genoma de bacterias modelo como *Klebsiella pneumoniae* ha contribuido al detallado entendimiento de la su virulencia y resistencia a antibióticos. También, se abordará el estudio de metagenomas en muestras ambientales para la caracterización de las comunidades microbianas dominantes y la búsqueda de genes vinculados a determinados procesos metabólicos o rasgos fenotípicos. |
| **Objetivos**  | Entregar formación teórica y práctica básica en aspectos fundamentales de técnicas de secuenciación masiva, trabajo bioinformático, y análisis de genomas microbianos y metagenomas. |
| **Contenidos**  | Introducción a la genómica y la metagenómica; introducción a UNIX y el trabajo en la línea de comandos; técnicas de secuenciación masiva de ADN; basecalling; calidad, filtrado, y trimming de lecturas; ensamblaje; anotación general y especializada; análisis filogenómicos; diversidad de secuencia y cobertura de metagenomas; obtención de genomas a partir de metagenomas; análisis funcional y abundancia de genes presentes |
| **Modalidad de evaluación**  | Evaluación cualitativa (formativa) de acuerdo a un cuestionario aplicado al final del curso |
| **Bibliografía**  | Será provista en cada sesión de acuerdo a los contenidos abordados |
|  |