

Programa de curso

Unidad Académica	:Programa de Microbiología y Micología Programa de Virología Programa de Microbiología y Micología Programa de Virología
Nombre del curso	:Bioinformática aplicada al estudio de microorganismos
Nombre en inglés del curso	:Applied bioinformatics for microorganisms study
Idioma en que se dicta	:Español
Código ucampus	:SBAEM
Versión	:v. 2
Modalidad	:Presencial
Semestre	:1
Año	:2024
Días/Horario	:Mie 11:00-13:00, Mie 18:00-18:00,
Fecha inicio	:10/04/2024
Fecha de término	:03/07/2024
Lugar	:Escuela de Postgrado
Cupos mínimos	:4
Cupos máximo	:12
Créditos	:4

Tipo de curso

SEMINARIO BIBLIOGRÁFICO

Datos de contacto

Nombre	: Jonás Chnaiderman
Teléfono	: +56979091518
Email	: jchnaiderman@med.uchile.cl
Anexo	: 86940

Horas cronológicas

Presenciales:	: 24
A distancia:	: 0

Tipos de actividades(Horas directas estudiante)

Clases(horas)	: 8
Seminarios (horas):	: 18
Evaluaciones (horas)	: 0.5
taller/trabajo práctico	: 18
Trabajo/proyecto	: 2
investigación:	: 2
Créditos	: 4

PROFESOR ENCARGADO/A DEL CURSO (PEC)

Chnaiderman Figueroa Jonas Francisco

Docente Participantes	Unidad Académica	Función	Horas directas.	Horas indirectas.	Horas totales
Del Canto Fuentes Felipe Antonio	Programa de Microbiología y Micología	Profesor Coordinador	8	24	32
Magne . Fabien	Programa de Microbiología y Micología	Profesor Coordinador	6	18	24

Fundamentos, Antecedentes que justifican la necesidad de dictar el curso

El aumento de la capacidad de cómputo así como la enorme producción de información con tecnologías de secuenciación masiva ha llevado a que cada vez más la investigación biomédica incluya el análisis de grandes cantidades de información, específicamente de secuencias de ácidos nucleicos. El estudio de microorganismos no es la excepción y por eso es que los profesionales dedicados a esta área deben tener la capacidad de comprender los tipos de análisis que son plausibles, el tipo de conclusión que puede extraerse y estar habilitado a realizar ciertos análisis básicos. Con este curso esperamos iniciar a los estudiantes en la problemática del análisis de secuenciaciones masivas focalizado a la comprensión de microorganismos, no sólo respecto a la reconstrucción genómica de microorganismos individuales, su relación taxonómica con otros microorganismos, sino que además al estudio de poblaciones complejas por medio de metagenómica y metaviromica.

Destinatarios

Profesionales de la salud con interés en tecnologías de análisis de información derivada de ensayos microbiológicos.

Requisitos

Conocimientos de Biología Celular y Molecular. Conocimientos de Bacteriología y Virología.

Resultado de aprendizaje

Una vez aprobado el curso, los estudiantes serán capaces de proponer preguntas asociadas a problemas microbiológicos cuyas respuestas puedan ser obtenidas a partir del análisis de información obtenida por secuenciaciones masivas. Asimismo, serán capaces de realizar análisis básicos para la reconstrucción de genomas así como la composición genómicas de comunidades de microorganismos.

Metodologías de enseñanza y aprendizaje

	Cantidad
Clase teórica	8
Seminario	6
Taller	8
Paso práctico en laboratorio	10
Lectura dirigida	12

Metodologías de evaluación

	Cantidad	Duración horas	Ponderación
Control	3	0.5	45.0 %
Informe, trabajo o proyecto de investigación	1	2	55.0 %
		Suma (Para nota presentación examen)	100.0 %
		Total %	%

Requisitos de aprobación y asistencia.

La nota final debe ser mayor o igual a 4.00. La nota del informe debe ser mayor o igual a 4.00. La asistencia a los trabajos prácticos y seminarios debe ser del 100%. Al final de cada seminario (24 de abril, 29 de mayo y 19 de junio) habrá un control respecto a los temas discutidos y cada control pesará un 15% de la nota final. El informe tendrá una instancia de corrección antes de la entrega de su versión final. La inasistencia sin justificación formal a trabajos prácticos ó seminarios será causa de reprobación del curso. Hasta un control de seminario podrá ser recuperado en caso de inasistencia formalmente justificada.

Unidades

Unidad: Genómica microbiana

Encargado: Del Canto Fuentes Felipe Antonio

Logros parciales de aprendizajes:

Al concluir la unidad, el estudiante será capaz de:

- Proponer un protocolo de estudio en base a genómica microbiana.
- Realizar el control de calidad de lecturas y obtener reporte de ensamblajes.
- Explorar bases de datos para obtener secuencias genómicas.
- Realizar operaciones básicas de genómica comparativa.

Acciones Asociadas:

- 1 clase teórica.
- 2 trabajos prácticos.
- 1 seminario.

Contenidos:

- Genomas microbianos: conceptos básicos. - Secuenciación masiva aplicada al estudio de microorganismos. - Control de calidad de lecturas y ensamblaje. - Bases de datos.

Unidad: Microbioma

Encargado: Magne . Fabien

Logros parciales de aprendizajes:

Al concluir la unidad, el estudiante será capaz de:

- Proponer un protocolo de estudio de comunidades bacterianas.
- Realizar la identificación de bacterias y arqueas en base al gen de la subunidad ribosomal 16S y en base a secuencias genómicas.

Acciones Asociadas:

- 1 clase teórica.
- 1 trabajo práctico.
- 1 seminario.

Contenidos:

- Microbiota y microbiomas: conceptos básicos. - Estrategias básicas para el estudio de comunidades microbianas. - Genes marcadores: subunidad ribosomal 16S. - Metagenómica.

Unidad: Metavirómica

Encargado: Chnaiderman Figueroa Jonas Francisco

Logros parciales de aprendizajes:

Al concluir la Unidad, el estudiante será capaz de:

- Proponer un protocolo de estudio de una muestra viral de composición compleja.
- Verificar la calidad de un ensayo de secuenciamiento masivo.
- Clasificar los ácidos nucleicos secuenciados en un ensayo de secuenciamiento masivo.
- Ensamblar genomas virales simples (no segmentados) obtenidos a partir del secuenciamiento de muestras complejas.

Acciones Asociadas:

- 2 clases teóricas.
- 2 trabajos prácticos.
- 1 seminario.

Contenidos:

- Contextos de estudio de poblaciones virales complejas. - Control de calidad de ensayos de secuenciamiento masivo de ácidos nucleicos virales. - Herramientas de taxonomía aplicadas a secuenciamientos masivos. - Ensamblaje de genomas virales (no segmentados).

Bibliografía							
Caracter	Título	Autor	Edición	Idioma	Formato	Vínculo(Url)	Fecha de consulta
Obligatorio	The human virome: assembly, composition and host interactions	Liang G, Bushman FD.		Inglés	Publicación de revista	https://pubmed...	00/00/0000
Obligatorio	Application of next generation sequencing in clinical microbiology and infection prevention.	Deurenberg RH, Bathoorn E, Chlebowicz MA, Couto N, Ferdous M, García-Cobos S, et al.		Inglés	Publicación de revista	https://www.ncbi...	00/00/0000
Obligatorio	Beginners guide to comparative bacterial genome analysis using next-generation sequence data.	Edwards DJ, Holt KE.		Inglés	Libro digital	https://www.ncbi...	00/00/0000
Obligatorio	The Microbiome and Human Biology.	Knight R, Callewaert C, Marotz C, Hyde ER, Debelius JW, McDonald D, et al.		Inglés	Publicación de revista	https://www.ncbi...	00/00/0000
Obligatorio	Human microbiome analysis.	Morgan XC, Huttenhower C.		Inglés	Publicación de revista	https://www.ncbi...	00/00/0000
Obligatorio	The Road to Metagenomics: From Microbiology to DNA Sequencing Technologies and Bioinformatics.	Escobar-Zepeda A, Vera-Ponce de León A, Sanchez-Flores A.		Inglés	Publicación de revista	https://www.ncbi...	00/00/0000
Obligatorio	Detecting viral sequences in NGS data.	Cantalupo PG, Pipas JM.		Inglés	Publicación de revista	https://www.ncbi...	00/00/0000
Obligatorio	A Clinicians Guide to Bioinformatics for Next-Generation Sequencing.	Larson NB, Oberg AL, Adjei AA, Wang L.		Inglés	Publicación de revista	https://pubmed...	00/00/0000
Complementario	Beyond cells - The virome in the human holobiont.	García-López R, Pérez-Brocal V, Moya A.		Inglés	Publicación de revista	https://www.ncbi...	00/00/0000

Plan de clases					
Fecha	Horario	Actividad	Condición	Tema	Profesor(es)
2024-04-10,Mie	11:00 - 13:00	Clase teórica	Libre	Introducción. Esquema general del procesamiento de secuenciamientos masivos.	Chnaiderman Figueroa Jonas Francisco
2024-04-17,Mie	11:00 - 13:00	Clase teórica	Libre	Estructura de genomas microbianos y estrategias de análisis.	Del Canto Fuentes Felipe Antonio
2024-04-24,Mie	11:00 - 13:00	Seminario	Obligatoria	Epidemiología genómica y genómica comparativa bacteriana.	Del Canto Fuentes Felipe Antonio
2024-05-08,Mie	11:00 - 13:00	Trabajo práctico	Obligatoria	Obtención y análisis de secuencias genómicas bacterianas.	Del Canto Fuentes Felipe Antonio
2024-05-15,Mie	11:00 - 13:00	Trabajo práctico	Obligatoria	Genómica comparativa bacteriana.	Del Canto Fuentes Felipe Antonio
2024-05-22,Mie	11:00 - 13:00	Clase teórica	Libre	Microbiota, microbioma y estrategias de estudio.	Magne . Fabien
2024-05-29,Mie	11:00 - 13:00	Seminario	Obligatoria	16S vs metagenómica.	Magne . Fabien
2024-06-05,Mie	11:00 - 13:00	Trabajo práctico	Obligatoria	Identificación de microorganismos en base a secuencias. Obtención y análisis de secuencias de comunidades microbianas.	Magne . Fabien
2024-06-12,Mie	11:00 - 13:00	Clase teórica	Libre	Genomas virales, comunidades virales y análisis metavirómico.	Chnaiderman Figueroa Jonas Francisco
2024-06-19,Mie	11:00 - 13:00	Seminario	Obligatoria	Comunidades virales y su análisis genómico.	Chnaiderman Figueroa Jonas Francisco

2024-06-26,Mie	11:00 - 13:00	Trabajo práctico	Obligatoria	Taxonomía de muestras virales complejas.	Chnaiderman Figueroa Jonas Francisco
2024-07-03,Mie	11:00 - 13:00	Trabajo práctico	Obligatoria	Ensamblaje de genomas virales monomoleculares.	Chnaiderman Figueroa Jonas Francisco
2024-07-03,Mie	18:00 - 18:00	Entrega Informe Final	Libre	Entrega Informe Final	Chnaiderman Figueroa Jonas Francisco;Del Canto Fuentes Felipe Antonio;Magne . Fabien