

### 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 Academica	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 metavirómica.

**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 %
		<b>Suma (Para nota presentación examen)</b>	100.0 %
		<b>Total %</b>	%

**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	<a href="https://pubmed...">https://pubmed...</a>	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	<a href="https://www.ncbi...">https://www.ncbi...</a>	00/00/0000
Obligatorio	Beginners guide to comparative bacterial genome analysis using next-generation sequence data.	Edwards DJ, Holt KE.		Inglés	Libro digital	<a href="https://www.ncbi...">https://www.ncbi...</a>	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	<a href="https://www.ncbi...">https://www.ncbi...</a>	00/00/0000
Obligatorio	Human microbiome analysis.	Morgan XC, Huttenhower C.		Inglés	Publicación de revista	<a href="https://www.ncbi...">https://www.ncbi...</a>	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	<a href="https://www.ncbi...">https://www.ncbi...</a>	00/00/0000
Obligatorio	Detecting viral sequences in NGS data.	Cantalupo PG, Pipas JM.		Inglés	Publicación de revista	<a href="https://www.ncbi...">https://www.ncbi...</a>	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	<a href="https://pubmed...">https://pubmed...</a>	00/00/0000
Complementario	Beyond cells - The virome in the human holobiont.	García-López R, Pérez-Brocal V, Moya A.		Inglés	Publicación de revista	<a href="https://www.ncbi...">https://www.ncbi...</a>	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