

### Programa de curso

Unidad Académica	:Departamento de Oncología Básico _ Clínico Departamento de Oncología Básico _ Clínico
Nombre del curso	:Bioinformática e investigación reproducible para análisis genómicos
Nombre en inglés del curso	:Bioinformatics and reproducible research for genomic analyses
Idioma en que se dicta	:Español
Código ucampus	:CAIBERAG
Versión	:v. 5
Modalidad	:Presencial
Semestre	:2
Año	:2025
Días/Horario	:Mie 14:30-17:30,
Fecha inicio	:20/08/2025
Fecha de término	:17/12/2025
Lugar	:Sala de computación, Facultad de Medicina, Campus Norte
Cupos mínimos	:4
Cupos máximo	:15
Créditos	:4

#### Tipo de curso

AVANZADO

#### Datos de contacto

Nombre	: Ricardo Verdugo Salgado
Teléfono	: 228770782
Email	: raverdugo@uchile.cl
Anexo	: 70782

#### Horas cronológicas

Presenciales:	: 42
A distancia:	: 0

#### Tipos de actividades(Horas directas estudiante)

Clases(horas)	: 0
Seminarios (horas):	: 0
Evaluaciones (horas)	: 0
taller/trabajo práctico	: 42
Trabajo/proyecto	: 14
investigación:	: 14
Créditos	: 4

**PROFESOR ENCARGADO/A DEL CURSO (PEC)**

Verdugo Salgado Ricardo Alejandro

Docente Participantes	Unidad Academica	Función	Horas directas.	Horas indirectas.	Horas totales
Constanza de la Fuente	Programa de Genética Humana	Profesor Participante	3	9	12
Karen Oróstica Tapia	Otra Unidad (Invitado)	Profesor Participante	6	18	24

**Fundamentos, Antecedentes que justifican la necesidad de dictar el curso**

En Chile existen escasas oportunidades de formación en genómica y bioinformática a nivel de postgrado. Ofreceremos un curso intensivo de bioinformática, orientado a entregar las herramientas básicas para análisis de datos genómicos en el contexto de genética, especialmente la genética de poblaciones. Este un curso avanzado sobre el manejo de metodologías reproducibles de análisis bioinformático de datos provenientes de la genómica y la transcriptómica.

**Destinatarios**

Estudiantes de postgrado en áreas de genética, ciencias biológicas, ciencias biomédicas y afines.

**Requisitos**

Formación a nivel universitario en biología y matemáticas. Ser estudiante regular de un programa de postgrado.

**Resultado de aprendizaje**

Curso avanzado sobre el manejo de metodologías reproducibles de análisis bioinformático de datos provenientes de la genómica y la transcriptómica.

**Objetivos generales:**

- 1) Revisar a nivel teórico y práctico los métodos bioinformáticos clásicos de análisis secuencias genómicas
- 2) Capacitar en control de calidad, procesamiento, y análisis estadístico datos transcriptómicos.
- 3) Brindar las herramientas computacionales de software libre, mejores prácticas y metodologías de reproducibilidad de la ciencia para efectuar, documentar y publicar proyectos bioinformáticos de análisis genómicos.

**Metodologías de enseñanza y aprendizaje**

Metodologías de enseñanza y aprendizaje	Cantidad
Taller	42

Metodologías de evaluación	Cantidad	Duración horas	Ponderación
Informe, trabajo o proyecto de investigación	14	14	100.0 %
		<b>Suma (Para nota presentación examen)</b>	100.0 %
		<b>Total %</b>	%

**Requisitos de aprobación y asistencia.**

Todas las actividades son presenciales y la asistencia es obligatoria. Las inasistencias deben ser justificadas. Una inasistencia mayor al 30% es causal de reprobación. Todas las tareas son obligatorias. Los puntajes se suman para todas las tareas de una misma unidad. El estudiante obtiene una nota por unidad, las cuales se promedian al final del curso. Nota mínima de aprobación 4.0 (escala 1.0-7.0). No hay examen.

## Unidades

Unidad: Introducción a la programación

Encargado: Verdugo Salgado Ricardo Alejandro

Logros parciales de aprendizajes:

Familiaridad con conceptos computación y programación. Manejo de comando básicos en Unix y R.

Acciones Asociadas:

Cuatro clases teórico-prácticas, cada una asociada a un tutorial y tarea.

Contenidos:

Código en computación Introducción a la consola y línea de comando de bash Scripts Documentación de scripts y del proyecto Markdown git y GitHub R y RStudio Funciones básicas de R más importantes para bioinformática Rmarkdown y R Notebook Funciones propias de R: crear funciones y utilizarlas con source Manipulación y limpieza de datos en R

Unidad: Genética de poblaciones con software especializado

Encargado: Verdugo Salgado Ricardo Alejandro

Logros parciales de aprendizajes:

Manejo a nivel de usuario de software especializado para genética de poblaciones con datos genómicos.

Acciones Asociadas:

Tres clases teórico-prácticas, cada una asociada a un tutorial y tarea.

Contenidos:

Formatos VCF-tool plink Análisis de estructura poblacional Análisis de mestizaje Particularidades de los datos aDNA Limpieza de datos Llamado de variantes Algunos análisis poblaciones con aDNA

Unidad: Introducción a la genómica y secuenciación de siguiente generación

Encargado: Verdugo Salgado Ricardo Alejandro

Logros parciales de aprendizajes:

Comprende la generación y análisis de datos genómicos.

Acciones Asociadas:

Cuatro clases teórico-prácticas, cada una asociada a un tutorial y tarea.

Contenidos:

Técnicas de secuenciación Errores de secuenciación Limpieza de datos crudos Datos de secuencias Bases de datos biológicas Alineamiento de secuencias Llamado de variantes Llamado de mutaciones somáticas Aplicaciones para la precisión del diagnóstico

Unidad: Análisis de transcriptomas

Encargado: Verdugo Salgado Ricardo Alejandro

Logros parciales de aprendizajes:

Manejo de conceptos de diseño y análisis de datos transcriptómicos.

Acciones Asociadas:

Tres clases teórico-prácticas, cada una asociada a un tutorial y tarea.

Contenidos:

Microarreglos Diseño experimental Análisis de expresión diferencial Clustering Enriquecimiento funcional Generación de datos Modelamiento de datos Software

**Bibliografía**

Caracter	Título	Autor	Edición	Idioma	Formato	Vínculo(Url)	Fecha de consulta
Obligatorio	Tutoriales del curso	Mastretta-Yanez, A.; Verdugo, R.	2	Español	Sitio Web	<a href="https://github...">https://github....</a>	08/01/2020

Plan de clases					
Fecha	Horario	Actividad	Condición	Tema	Profesor(es)
2025-08-20,Mie	14:30 - 17:30	Sesión 1.1 - Mis primeros comandos	Obligatoria	(1) Código en computación, (2) Introducción a la consola y línea de comando de bash Scripts	Verdugo Salgado Ricardo Alejandro
2025-08-27,Mie	14:30 - 17:30	Sesión 1.2 - Documentación	Obligatoria	(1) Documentación de scripts y del proyecto, (2) Markdown, (3) git y GitHub	Verdugo Salgado Ricardo Alejandro
2025-09-03,Mie	14:30 - 17:30	Sesión 1.3 - R	Obligatoria	(1) R y RStudio, (2) Funciones básicas de R más importantes para bioinformática, (3) Rmarkdown y R Notebook	Verdugo Salgado Ricardo Alejandro
2025-09-10,Mie	14:30 - 17:30	Sesión 1.4 - Programación y análisis de datos en R	Obligatoria	(1) Funciones propias de R: crear funciones y utilizarlas con source, (2) Manipulación y limpieza de datos en R	Verdugo Salgado Ricardo Alejandro
2025-09-24,Mie	14:30 - 17:30	Sesión 2.1 - Datos genéticos	Obligatoria	(1) Formatos VCF-tool, (2) plink	Verdugo Salgado Ricardo Alejandro
2025-10-01,Mie	14:30 - 17:30	Sesión 2.2 - Análisis de poblaciones	Obligatoria	(1) Análisis de estructura poblacional, (2) Análisis de mestizaje	Verdugo Salgado Ricardo Alejandro
2025-10-08,Mie	14:30 - 17:30	Sesión 2.3 - Análisis de ADN antiguo	Obligatoria	(1) Particularidades de los datos aDNA, (2) Limpieza de datos, (3) Llamado de variantes, (4) Algunos análisis poblaciones con aDNA	Constanza de la Fuente

2025-10-29,Mie	14:30 - 17:30	Sesión 3.1 - Generación y alineamiento de datos NGS	Obligatoria	(1) Técnicas de secuenciación, (2) Errores de secuenciación, (3) Limpieza de datos crudos	Verdugo Salgado Ricardo Alejandro
2025-11-05,Mie	14:30 - 17:30	Sesión 3.2 - Introducción a la Bioinformática	Obligatoria	(1) Datos de secuencias, (2) Bases de datos biológicas	Karen Oróstica Tapia
2025-11-12,Mie	14:30 - 17:30	Sesión 3.3 - Análisis de secuencias	Obligatoria	(1) Alineamiento de secuencias, (2) Llamado de variantes	Verdugo Salgado Ricardo Alejandro
2025-11-19,Mie	14:30 - 17:30	Sesión 4 – Genómica del cáncer	Obligatoria	(1) Llamado de mutaciones somáticas, (2) Aplicaciones para la precisión del diagnóstico	Karen Oróstica Tapia
2025-12-03,Mie	14:30 - 17:30	Sesión 1 - Expresión diferencial	Obligatoria	(1) Microarreglos, (2) Diseño experimental Análisis de expresión diferencial	Verdugo Salgado Ricardo Alejandro
2025-12-10,Mie	14:30 - 17:30	Sesión 4.2 - Análisis funcional	Obligatoria	(1) Clustering, (2) Enriquecimiento funcional	Verdugo Salgado Ricardo Alejandro
2025-12-17,Mie	14:30 - 17:30	Sesión 3 - RNA-seq	Obligatoria	(1) Generación de datos, (2) Modelamiento de datos, (3) Software	Verdugo Salgado Ricardo Alejandro