

Programa de curso

Unidad Académica	: Programa de Genética Humana Programa de Genética Humana
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. 1
Modalidad	: Semipresencial
Semestre	: 1
Año	: 2020
Días/Horario	: Lun 18:00-21:00, Mie 18:00-21:00,
Fecha inicio	: 06/04/2020
Fecha de término	: 11/05/2020
Lugar	: Sala Danko Brncic, 1er Piso, Programa de Genética Humana, ICBM, F. Medicina. Block C.
Cupos mínimos	: 4
Cupos máximo	: 15
Créditos	: 4

Tipo de curso

AVANZADO

Datos de contacto

Nombre	: Ricardo Verdugo
Teléfono	: +56229789527
Email	: raverdugo@uchile.cl
Anexo	: 89527

Horas cronológicas

Presenciales:	: 27
A distancia:	: 6

Tipos de actividades(Horas directas estudiante)

Clases(horas)	: 0
Seminarios (horas):	: 0
Evaluaciones (horas)	: 0
taller/trabajo práctico	: 33
Trabajo/proyecto	: 6
investigación:	: 6
Créditos	: 4

PROFESOR ENCARGADO/A DEL CURSO (PEC)

Ricardo Verdugo

Docente Participantes	Unidad Académica	Función
Camille Truong	Otra Unidad (Invitado)	Profesor Participante
Alicia Mastretta-Yanes	Otra Unidad (Invitado)	Profesor Participante
Matthieu J. Miossec	Otra Unidad (Invitado)	Profesor Participante

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. Mediante una colaboración entre el Posgrado en Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional Autónoma de México, CONABIO y la U. de Chile, 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 es un curso avanzado sobre el manejo de metodologías reproducibles de análisis bioinformático de datos provenientes de la genómica y la transcriptómica.

INSTRUCTORES:

* Dra. Alicia Mastretta Yanes Catedrática CONACYT-CONABIO, www.mastrettayanes-lab.org

* Dra. Camille Truong Investigadora Instituto de Biología, UNAM camilletruong.wixsite.com

* Verónica Reyes Galindo Estudiante doctorado Instituto de Ecología UNAM - CONABIO

* Ricardo Verdugo Salgado, PhD., Profesor Asistente, Programa de Genética Humana, ICBM, Facultad de Medicina, U. de Chile, <http://genomed.med.uchile.cl>

* Matthieu Joseph Miossec, PhD, CBBI, UNAB matthieu.miossec@unab.cl

Destinatarios

Estudiantes de postgrado en programas con un componente de investigación en genética o genómica.

Requisitos

El curso asume que el estudiante ya maneja los comandos básicos de UNIX, maneja al menos un lenguaje de programación y tienen familiaridad con Python y o R. Los estudiantes que no deben demostrar esta formación mediante una carta de motivación a ser enviada al profesor a cargo vía email, adjuntando certificados o concentraciones de notas. Los estudiantes no tienen esta formación previa, deben tomar el curso intensivo con las unidades introductorias 1 a 5, ofrecido por la profesora Alicia Mastretta de forma virtual en los siguientes horarios: • 13-24 de enero en modalidad intensiva: Lunes a viernes de 18:30 a 21 hrs (2.5 hrs diarias + tareas). • Febrero y marzo trabajo en casa en proyectos propios con atención de dudas online. Interesados deben escribir un email al profesor a cargo de este curso a raverdugo@uchile.cl

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

Taller

Cantidad

33

Metodologías de evaluación

Informe, trabajo o proyecto de investigación

Cantidad

11

Duración horas

6

Ponderación

100.0 %

Suma (Para nota presentación examen)

100.0 %

Total %

%

Requisitos de aprobación y asistencia.

La asistencia es opcional y semi-presencial. Los estudiantes del país donde se imparta cada sesión pueden estar presentes en la sala. Los que están en el país contrario, pueden seguir la sesión online en youtube. 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)

Unidades

Unidad: Introducción a la genómica y secuenciación de siguiente generación

Encargado: Ricardo Verdugo

Logros parciales de aprendizajes:

Se familiariza con NGS y con el tratamiento inicial de datos crudos.

Acciones Asociadas:

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

Contenidos:

Unidad: Análisis de transcriptomas

Encargado: Ricardo Verdugo

Logros parciales de aprendizajes:

Puede implementar un flujo de trabajo bioinformático para el análisis de datos transcriptómicos.

Acciones Asociadas:

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

Contenidos:

Unidad: Ensamblaje de genomas

Encargado: Camille Truong

Logros parciales de aprendizajes:

Puede implementar un flujo de trabajo bioinformático para el ensamblaje de datos genómicos.

Acciones Asociadas:

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

Contenidos:

Unidad: Ensamblaje de genomas

Encargado: Alicia Mastretta-Yanes

Logros parciales de aprendizajes:

Puede implementar un flujo de trabajo bioinformático para el ensamblaje de datos genómicos.

Acciones Asociadas:

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

Contenidos:

Unidad: Ensamblaje de genomas

Encargado: Matthieu J. Miossec

Logros parciales de aprendizajes:

Puede implementar un flujo de trabajo bioinformático para el ensamblaje de datos genómicos.

Acciones Asociadas:

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

Contenidos:

Unidad: Análisis genómicos reproducibles en la nube

Encargado: Camille Truong

Logros parciales de aprendizajes:

Puede implementar un flujo de trabajo bioinformático en ambiente de nube.

Acciones Asociadas:

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

Contenidos:

Unidad: Análisis genómicos reproducibles en la nube

Encargado: Alicia Mastretta-Yanes

Logros parciales de aprendizajes:

Puede implementar un flujo de trabajo bioinformático en ambiente de nube.

Acciones Asociadas:

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

Contenidos:

Unidad: Análisis genómicos reproducibles en la nube

Encargado: Matthieu J. Miossec

Logros parciales de aprendizajes:

Puede implementar un flujo de trabajo bioinformático en ambiente de nube.

Acciones Asociadas:

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

Contenidos:

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	https://github....	08/01/2020

Plan de clases					
Fecha	Horario	Actividad	Condición	Tema	Profesor(es)
2020-04-06,Lun	18:00 - 21:00	Unidad 6 - Sesión 1	Libre	Generación y alineamiento de datos NGS	Ricardo Verdugo
2020-04-08,Mie	18:00 - 21:00	Unidad 6 - Sesión 2	Libre	Alineamiento de lecturas de secuenciación	Ricardo Verdugo
2020-04-13,Lun	18:00 - 21:00	Unidad 6 - Sesión 3	Libre	Llamado de variantes	Ricardo Verdugo
2020-04-15,Mie	18:00 - 21:00	Unidad 7 - Sesión 1	Libre	Expresión diferencial	Ricardo Verdugo
2020-04-20,Lun	18:00 - 21:00	Unidad 7 - Sesión 2	Libre	Análisis funcional	Ricardo Verdugo
2020-04-22,Mie	18:00 - 21:00	Unidad 7 - Sesión 3	Libre	RNA-seq	Ricardo Verdugo
2020-04-27,Lun	18:00 - 21:00	Unidad 8 - Sesión 1	Libre	Metagenómica	Camille Truong
2020-04-29,Mie	18:00 - 21:00	Unidad 8 - Sesión 2	Libre	Ensamblaje de representación reducida de genoma	Alicia Mastretta-Yanes
2020-05-04,Lun	18:00 - 21:00	Unidad 9 - Sesión 1	Libre	Introducción a la plataforma Terra	Matthieu J. Miossec
2020-05-06,Mie	18:00 - 21:00	Unidad 9 - Sesión 2	Libre	Mejores prácticas de GATK	Matthieu J. Miossec
2020-05-11,Lun	18:00 - 21:00	Unidad 9 - Sesión 3	Libre	Otros llamadores de variantes	Matthieu J. Miossec