

## FORMULARIO DE PRESENTACIÓN DE CURSOS DE POSGRADO

1.1. Indique la denominación del curso propuesto:  
Introducción a la Genómica de la Biodiversidad

1.2. Inserto en un carrera de posgrado

X Sí                      No

1.3. En caso de que el curso ya sea dictado en otra carrera indique la siguiente información:

Carrera	Tipo de dictado	Modalidad	Carácter

2. Equipo docente.

2.1. Responsable a cargo.

Apellido: Olave  
Nombre: Melisa  
Documento: 32668841  
Correo electrónico: molave@mendoza-conicet.gob.ar  
CUIT/CUIL: 27-32668841-5

2.2. Integrantes del equipo docente (repetir cuantas veces sea necesario)

Apellido: Meier  
Nombre: Joana  
Pasaporte: X0D83Z47  
Correo electrónico: jm66@sanger.ac.uk  
CUIT/CUIL: n/a

Apellido: Nasvall  
Nombre: Karin  
Pasaporte: AA2255581  
Correo electrónico: kn9@sanger.ac.uk

Apellido: Rueda  
Nombre: Nicol  
Pasaporte: AV186231  
Correo electrónico: [nr10@sanger.ac.uk](mailto:nr10@sanger.ac.uk)  
CUIT/CUIL: n/a

Apellido: Pereira da Silba Ferreira Seixas

Nombre: Fernando Antonio

Pasaporte: CB600730

Correo electrónico: [fs20@sanger.ac.uk](mailto:fs20@sanger.ac.uk)

CUIT/CUIL: n/a

3. Fecha probable de dictado

Semestre      1er                      X 2do                                      mes: Noviembre 2025

4. Número máximo y mínimo de alumnos

mínimo 15, máximo 30

5. Carga horaria propuesta

5.1. Exprese la carga horaria relacionada al dictado de la actividad en horas reloj.

Modalidad	Carga teórica	Carga práctica	Total	Porcentaje
<b>Presencial</b>	20hs	25hs	45hs	100%
<b>No presencial</b>	0hs	0hs	0hs	0%
<b>Total</b>	20hs	25hs	45hs	

6. Objetivos (2000 caracteres)

-Proporcionar una base sólida en la ciencia genómica para la investigación de la biodiversidad: Asegurar que los estudiantes comprendan los principios fundamentales de la genómica, incluyendo las tecnologías de secuenciación de ADN, el análisis de datos genómicos y el rol de la genómica en la comprensión de la biodiversidad.

-Desarrollar habilidades bioinformáticas: Enseñarles a los alumnos usar herramientas bioinformáticas para el análisis de datos genómicos, incluyendo operaciones de línea de comandos de UNIX, programación en R para la manipulación y visualización de datos, y software específico para el ensamblaje, la anotación de genomas y estudios de genómica comparada.

-Integrar la biología evolutiva, la ecología, la sistemática y la conservación de la biodiversidad con un abordaje desde la genómica: Ilustrar cómo la genómica puede utilizarse para estudiar procesos ecológicos y evolutivos, como la especiación, la adaptación y la hibridación, con aplicaciones en la delimitación de especies, la inferencia filogenética, la genómica de poblaciones y la genómica de la conservación.

7. Contenidos. (2000 caracteres)

Introducción a Unix: Cómo enviar trabajos al clúster.  
Introducción a las tecnologías de secuenciación de nueva generación (NGS).  
Filtrado de lecturas de Illumina.  
Mapeo a un genoma de referencia.  
Llamada de variantes.  
Estadísticas de calidad y filtrado de archivos VCF.  
Estudio de la estructura poblacional: PCA y ADMIXTURE.  
Pruebas de selección: Escaneos genómicos con FST y Dxy.  
Pruebas de introgresión: Estadística D.  
Escaneos genómicos para introgresión: fd.  
Genómica comparativa y filogenómica.  
Debate sobre los proyectos de los participantes.

8. Describa las actividades prácticas desarrolladas, indicando lugar donde se desarrollan y modalidad de supervisión. (Si corresponde). (2000 caracteres)

El curso se realizará en modalidad intensiva de una semana, e incluirá clases teóricas y prácticas, en la sala Payunia del CCT Mendoza. Los alumnos recibirán asistencia del equipo docente para el análisis de datos parte de sus temas de investigación.

Cronograma:

**Día 1**

**Primera sesión (1.5 h) (9-10:30h)**

- a. Bienvenida incluyendo horario, cómo plantear preguntas, etc.
- b. Introducción de los profesores
- c. Introducción a la genómica de la biodiversidad y las tecnologías NGS
  1. Descripción general de la genómica de la biodiversidad, que muestra diferentes tecnologías de secuenciación Illumina, Nanopore, UCE, RAD, eDNA
  2. Resumen de cómo obtener lecturas sin procesar de Illumina en vcf

**Pausa para café: 30 minutos (10:30-11:00)**

**Segunda sesión (1.45 h) (11-12:45h)**

3. Conferencia Archivos de secuencias crudas y control de calidad
- a. Introducción a Unix (Comandos principales de Unix impresos ) y control de calidad práctico
  1. Separar grupos para iniciar sesión en el clúster (Mac/Linux, Windows). Enviar el PDF ese mismo día durante el descanso.

**Pausa para el almuerzo: 1 hora (12:45-13:45 h)**

**Tercera sesión (2 h) (14-16 h)**

2. Hands-on trabajando en la nube, mostrando lecturas de fastq files (Illumina reads, forward and reverse) y fastqc

**Pausa para café: 30 minutos (16:00-16:30 h)**

**Cuarta sesión (1.30h) (16:30-18:00h)**

- b. 10 charlas de alumnos

**Día 2**

**Primera sesión (1,5 h) (9-10:30h)**

- a. Filtrado práctico de lecturas de Illumina. Cómo obtener ayuda con herramientas bioinformáticas como fastp
- b. Ensamblaje del genoma
- c. Mapeo a un genoma de referencia (bwa-mem)
  1. Teórico sobre mapeo genómico
  2. Handson con bwa-mem ( 40 minutos, Nicol) ✓

**Pausa para café: 30 minutos (10:30-11:00)**

**Segunda sesión (1.45 h) (11-12:45h)**

- c. Continuación del mapeo: Trabajo con múltiples individuos.
- d. Llamada variante
  1. Teórico sobre genotipo y variantes ( Freebayes, GATK
  2. Mapeo Handson con bcftools y exploración de un archivo vcf

**Pausa para el almuerzo: 1 hora (12:45-13:45 h)**

**Tercera sesión (2 h) (14-16 h)**

- e. Teórico: Estadísticas de calidad y filtrado del archivo vcf
  1. Práctica con vcftools/bcftools/R

**Pausa para café: 30 minutos (16:00-16:30 h)**

**Cuarta sesión (2h) (16:30-18:00 h)**

- d. 10 charlas de los alumnos ( 1 hora )

**Día 3**

**Primera sesión (1,5 h)**

- f. Estudio de la estructura poblacional mediante el archivo vcf de Mechanitis. Breve introducción a Mech. polimnia y lisimnia.
  1. Charla introductoria sobre ithomiini y su interpretación filogenética.
  2. Teórico de PCA, filogenética, ADMIXTURE, introgresión, modelización demográfica
  3. Handson IQtree

**Pausa para el café**

**Segunda sesión (1,45 h)**

1. Handson Dstats
2. PCA práctico

**Pausa para el almuerzo**

**Tercera sesión (2 h)**

4. Pruebas de selección con Mecanitis vcf

1. Teórico sobre escaneos genómicos, incluyendo fd, estadísticas de haplotipos de largo alcance, GWAS, búsqueda de genes, CRISPR
2. Escaneos genómicos prácticos con FST, Dxy

#### Día 4

##### Primera sesión (1.5 hs)

- g. Mecanitis del flujo genético con fd

##### Pausa para el café

##### Segunda sesión (1.5 hs)

- h. genómica comparativa
1. Teórico: Introducción a los genomas de referencia, estructura del genoma, expansiones genéticas, TE, conversión genética, posiblemente rachas de homocigosidad (30 minutos, Karin)
  - i. Sintenia práctica con minimapa (SyntenyploR) y genes BUSCO (cirklize)
  - j.

##### Pausa para el almuerzo

##### Tercera sesión (2 hs)

- k. filogenómica
1. Conferencia: datos para filogenias, genes BUSCO, redes filogenómicas
  2. Práctica con BUSCO, Orthofinder, mafft, IQtree

##### Pausa para el café

##### Cuarta sesión (2hs)

1. Teórico: ¿selección?
  1. ¿Selección práctica de dN/dS?

#### Día 5

##### Primera sesión (1.5 hs)

- m. Buffer

##### Pausa para el café

##### Segunda sesión (1.45 hs)

- n. buffer/ discusión de datos propios
- o.

##### Pausa para el almuerzo/fin del curso

##### Examen (2hs)

9. Bibliografía propuesta (2000 caracteres)

Se proveerá un link a Google drive con una serie de papers donde se presentan los programas a utilizar, así como también estudios empíricos y teóricos de relevancia para

apoyar las clases teóricas.

10. Modalidad de evaluación y requisitos de aprobación y promoción. (2000 caracteres)

Para la aprobación los alumnos deberán obtener un puntaje mínimo del 60% en el examen escrito final.

11. Tiempo de entrega de evaluaciones y calificaciones una vez finalizado el curso

15 días

12. Ingrese toda otra información que considere pertinente, incluidos requisitos específicos si corresponde. (1600 caracteres)

Esta será la segunda edición del curso "Introduction to Biodiversity Genomics" (primera edición dictado en el 2024 en Ecuador). Sus inscripciones estarán abiertas a Latinoamericanos.

La genómica de la biodiversidad es un campo dinámico e interdisciplinario que integra la genómica, la ecología, la biología evolutiva, la biología de la conservación y la bioinformática. Este curso introductorio está diseñado para estudiantes, posdoctorados y profesores latinoamericanos que comienzan a analizar conjuntos de datos genómicos o que pronto lo harán. Ofrecerá una introducción a las herramientas y enfoques más comunes para analizar datos genómicos.

Los participantes comenzarán familiarizándose con el entorno UNIX y los comandos básicos de bash antes del curso. El curso proporciona una visión general del manejo de datos de Illumina, guiando a los estudiantes en el filtrado de lecturas, el mapeo a un genoma de referencia, la identificación de variantes y el filtrado del archivo VCF (Variant Call Format) resultante. El archivo VCF se utiliza para analizar la estructura poblacional y las firmas de hibridación, así como para detectar regiones genómicas bajo selección. El curso también incluirá una breve introducción a la genómica comparativa, con énfasis en la comparación de genomas de referencia.

Requisitos (excluyentes):

**Formación académica:** Estudiantes de último año de grado, posgrado (estudiantes de maestría/doctorado), posdoctorados o profesores en Evolución, Ecología, Genética de la Biodiversidad, Bioinformática o áreas afines. Los participantes deben encontrarse trabajando en un tema de investigación que involucre análisis de datos genómicos aplicados a biología evolutiva, ecología, conservación y/o sistemática.

**Conocimientos estadísticos:** Comprensión de conceptos y métodos estadísticos, con cierta familiaridad con R para el análisis de datos.

**Terminal de Linux:** Es necesario conocimiento básico de Unix y bash. Los participantes que no estén familiarizados con el uso de una terminal de Linux ni con los comandos

básicos de bash recibirán un tutorial para completar antes del curso. Los ejercicios prácticos se llevarán adelante en el servidor Toko de la FCEN-UNCuyo. Todos los alumnos recibirán una cuenta temporal y gratuita durante el desarrollo del curso.

**Requisitos de datos de secuenciación de próxima generación (NGS):** Los solicitantes deben tener datos de secuenciación de próxima generación (NGS) para sus proyectos de investigación, listos para su análisis.

**Nivel de inglés:** El curso se dictará en Inglés, por lo que se requiere una buena capacidad para seguir las clases, leer literatura científica, participar en debates y comprender los materiales del curso en inglés.

**Tiempo:** Disponibilidad suficiente de tiempo para asistir de manera completa a las clases teórico/práctica de manera exclusiva durante la semana de dictado.

**Formulario de solicitud y carta de motivación:** Completar el formulario de solicitud, que incluye una declaración concisa que detalla el interés del solicitante en el curso, su relevancia para sus objetivos académicos o de investigación y los resultados esperados de su participación (250 a 500 palabras).