# FORMULARIO DE PRESENTACIÓN DE CURSOS DE POSGRADO

1.1. Indique la denominación del curso propuesto:
VI Curso de Genómica Funcional y Expresión de Genes

1.2. Inserto en un carera de posgrado

Sí X 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 |
|---|---|---|---|
| PROBIOL | Cada dos años (última edición 2018) | Presencial | Curso optativo |

2. Equipo docente.

2.1. Responsable a cargo.

Apellido: Calderón
Nombre: Luciano
Documento: 29154154
Correo electrónico: lucianocalderon@yahoo.com.ar
CUIT/CUIL: 20-29154154-3

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

Apellido: Lijavetzky
Nombre: Diego
Documento: 16557920
Correo electrónico: dlijavetzky@gmail.com
CUIT/CUIL: 20-16557920-9

Apellido: Paolinelli
Nombre: Marcos
Documento: 28388789
Correo electrónico: paolinellimarc@gmail.com
CUIT/CUIL: 20-28388789-9

Apellido: Tulle
Nombre: Walter
Documento: 28944987
Correo electrónico: wtulle@mendoza-conicet.gob.ar

CUIT/CUIL: 20-28944987-7

3. Fecha probable de dictado

Semestre 1er **X** 2do mes: Mayo/Junio

4. Número máximo y mínimo de alumnos
   Máximo: 18 alumnos – Mínimo: 10 alumnos

5. Carga horaria propuesta
   60 horas totales

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

| Modalidad | Carga teórica | Carga práctica | Total | Porcentaje |
|---|---|---|---|---|
| **Presencial** | 20 | 20 | 40 | 80 |
| **No presencial** | 10 | 10 | 20 | 20 |
| **Total** | 30 | 30 | 60 | 100 |

6. Objetivos (2000 caracteres)

- Introducir a estudiantes de postgrado (o postdoctorales) en aspectos teóricos y prácticos relacionados al uso de las tecnologías -omicas como herramientas para la detección de variación genética.
- Brindar conceptos de buenas prácticas para el correcto diseño de experimentos basados en la secuenciación masiva de genomas (DNAseq) y transcriptomas (RNAseq) completos.
- Abordar el uso de herramientas bioinformáticas para la identificación de variantes genómicas (SNPs, INDELs, SVs) y de genes diferencialmente expresados (DEGs), involucrados en los procesos biologicos de estudio.

7. Contenidos. (2000 caracteres)

Introducción general a las distintas tecnologías de secuenciación masiva para obtención de genomas (DNAseq) y transcriptomas (RNAseq) completos. Descripción de las principales tecnologías disponibles para la obtención de lecturas cortas y lecturas largas. Criterios de cómo y cuándo utilizar cada tecnología (e.g. Illumina, PacBio, Oxford Nanopore), dependiendo del objetivo del experimento. Buenas prácticas para un correcto diseño experimental y aprovechamiento de los datos generados (replicas biológicas, muestreos, disponibilidad de un genoma de referencia, etc.). Introducción al manejo de servidores para procesos informáticos de alta demanda. Introducción al lenguaje Unix para el uso básico de la línea de comandos (acceder y moverse entre directorios, instalación de programas especificación y utilización de los mismos).

Principios generales para la utilización de paquetes de R (instalar paquetes y correr los análisis requeridos). Buenas prácticas para la correcta elección y uso de las distintas herramientas bioinformáticas disponibles, dependiendo de las preguntas a responder y del tipo de datos a procesar. Identificación de variantes genómicas (SNPs, INDELs, SVs). Identificación de genes diferencialmente expresados y enriquecimiento funcional de genes (términos ontológicos). Métodos de visualización de los resultados obtenidos para su mejor interpretación y comunicación. Asociación de las variantes identificadas a nivel molecular a caracteres fenotípicos. Los ejemplos prácticos de implementación de las metodologías introducidas estarán basados principalmente en modelos biológicos vegetales de importancia agronómica.

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

Se llevaran a cabo actividades practicas relacionadas a la utilización de herramientas bioinformáticas basadas en el lenguaje Unix y en el uso de paquetes estadísticos basados en el lenguaje de R. Para estas actividades se utilizaran las facilidades disponibles en el Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (CONICET-UNCuyo), que es el lugar propuesto para brindar el presente curso. El IBAM cuenta con un servidor de alta capacidad de procesamiento (SARTOI), al cual los asistentes al curso podrán acceder de forma remota para realizar las actividades propuestas. Además, el IBAM cuenta con una sala de reuniones con la capacidad física para albergar cómodamente hasta 18 estudiantes. Esta sala cuenta con la infraestructura y facilidades necesarias para el dictado de clases, incluyendo proyector y pantallas. Todas las actividades practicas serán realizadas bajo la activa supervisión y asistencia de todos los miembros del equipo docente (Luciano Calderón, Diego Lijavetzky, Marcos Paolinelli y Walter Tulle). La idea es que cada alumno pueda realizar las actividades prácticas de manera individual para poder familiarizarse con los lenguajes informáticos introducidos (R y Unix). Para lo cual será fundamental que los asistentes al curso cuenten con una computadora (notebook) de uso personal (ver requisitos).

9. Bibliografía propuesta (2000 caracteres)

1- **Calderón, L**., Carbonell-Bejerano, P., Muñoz, C., Bree, L., Sola, C., Bergamin, D., **Tulle, W.**, Gomez-Talquenca, S., Lanz, C., Royo, C., Ibáñez, J., Martinez-Zapater, J. M., Weigel, D., & **Lijavetzky, D.** (2024). Diploid genome assembly of the Malbec grapevine cultivar enables haplotype-aware analysis of transcriptomic differences underlying clonal phenotypic variation. Horticulture Research, 11(5), uhae080. https://doi.org/10.1093/hr/uhae080
2- **Calderón, L.,** Mauri, N., Muñoz, C., Carbonell-Bejerano, P., Bree, L., Bergamin, D., Sola, C., Gomez-Talquenca, S., Royo, C., Ibáñez, J., Martínez-Zapater, J. M., & **Lijavetzky, D**. (2021). Whole genome resequencing and custom genotyping unveil clonal lineages in 'Malbec' grapevines (Vitis vinifera L.). Scientific Reports, 11(1), Article 1. https://doi.org/10.1038/s41598-021-87445-y
3- Maestri, S., Gambino, G., Lopatriello, G., Minio, A., Perrone, I., Cosentino, E., Giovannone, B., Marcolungo, L., Alfano, M., Rombauts, S., Cantu, D., Rossato, M.,

Delledonne, M., & **Calderón, L.** (2022). 'Nebbiolo' genome assembly allows surveying the occurrence and functional implications of genomic structural variations in grapevines (Vitis vinifera L.). BMC Genomics, 23(1), 159. https://doi.org/10.1186/s12864-022-08389-9
4- **Paolinelli, M**., Escoriaza, G., Cesari, C., Garcia-Lampasona, S., & Hernandez-Martinez, R. (2022). Characterization of Grapevine Wood Microbiome Through a Metatranscriptomic Approach. Microbial Ecology, 83(3), 658-668. https://doi.org/10.1007/s00248-021-01801-z
5- Sun, Y., Shang, L., Zhu, Q.-H., Fan, L., & Guo, L. (2022). Twenty years of plant genome sequencing: Achievements and challenges. Trends in Plant Science, 27(4), 391-401. https://doi.org/10.1016/j.tplants.2021.10.006
6- Tan, Y. C., Kumar, A. U., Wong, Y. P., & Ling, A. P. K. (2022). Bioinformatics approaches and applications in plant biotechnology. Journal of Genetic Engineering and Biotechnology, 20(1), 106. https://doi.org/10.1186/s43141-022-00394-5

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

La modalidad de evaluación será la presentación de un proyecto-evaluación de investigación en el que se apliquen las herramientas y conceptos brindados durante el cursado. Para la elaboración del proyecto-evaluación se conformaran grupos entre los asistentes, entre 3 y 4 integrantes, dependiendo de la cantidad total de asistentes. Durante la tarde del último día de cursado se solicitará a los grupos conformados que realicen una breve exposición oral (10 minutos), respaldada por algún tipo de soporte grafico (poster/presentación). Además, cada grupo deberá complementar la presentación oral con la presentación por escrito del proyecto-evaluación, siguiendo las bases de un modelo que será brindado al comienzo del curso. Para el aprobado del curso será imprescindible cumplir con las presentación oral y escrita, donde todos los miembros de cada grupo recibirán la misma nota en base a los contenidos presentados.

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

Se brindará una semana completa (7 días) para la entrega del proyecto-evaluación por escrito. Las calificaciones otorgadas a cada grupo consistirán en un promedio basado en la presentación oral y el proyecto-evaluación presentado por escrito. Se le adjudicara a todos los integrantes del grupo la misma nota.

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

El curso es principalmente introductorio al uso de herramientas necesarias para explotar eficientemente las nuevas tecnologías ómicas. Se buscará brindar los conocimientos y criterios necesarios para lo toma de decisiones a lo largo de un proyecto de investigación, donde se requiera el uso de dichas tecnologías. Por lo tanto, estará especialmente dirigido a estudiantes de postgrado (maestría, doctorado) y/o posdoctorado, aunque también se contemplara la posibilidad que asistan investigadores y/o docentes que justifiquen debidamente su necesidad para realizar el

curso. Los asistentes del curso podrán estar relacionados a la FCEN (UNCuyo), aunque también podrán provenir de otras Unidades Académicas, Universidades y/o Centros de investigación afines a la temática aquí propuesta. Se solicitará a los postulantes al curso que presenten una breve carta de motivación/intención (menor a 300 palabras) en la que fundamenten las razones y necesidades de emplear las herramientas que serán introducida en este curso. Además en dicha carta deberán indicar el título de su proyecto de tesis doctoral, posdoctoral, y en caso de ser investigadores/docentes se solicitará el título de su actual línea de investigación. Será requisito fundamental que cada uno de los asistentes al curso cuente con una computadora para uso personal (tipo notebook). Esa computadora deberá tener los requerimientos suficientes para conectarse a internet, para acceder a nuestro servidor (SARTOI) y poder desempeñarse correctamente durante el cursado.