

Curso de Doctorado: Introducción al análisis bioinformático de secuencias de RAD-seq

Unidad Académica organizadora:

- Doctorado en Ciencias Biológicas

Responsable Académico:

- Dr. Andrea Arístides COCUCCI

Temario a Desarrollar (resumen)

RAD-seq es actualmente una de las herramientas más utilizadas para realizar estudios de genómica de poblaciones y filogenómica gracias a su gran potencia y bajo costo relativo. En el curso veremos una introducción al análisis bioinformático básico de secuencias derivadas de esta técnica incluyendo: control de calidad, desmultiplexado, mapeo con genoma de referencia y ensamble de novo, obtención y filtrado de SNPs y exploración de la estructura poblacional.

Objetivos del curso

Durante este curso se espera que los asistentes desarrollen las habilidades bioinformáticas básicas para analizar y explorar los datos genómicos derivados de la técnica RAD-seq.

Contenidos mínimos

Introducción a UNIX. Uso de software especializados para análisis de secuencias de RAD-seq. Uso de software generales para análisis básicos de genómica de poblaciones.

Programa analítico

1. Introducción a UNIX, comandos básicos de navegación y métodos de acceso remoto a servidores bioinformáticos.
2. Verificación de calidad de secuencias derivadas de NGS mediante el software FastQC o similar. Filtros de calidad y desmultiplexado de las secuencias con el módulo process_radtags del software Stacks.
3. Mapeo de secuencias de RAD-seq en un genoma de referencia y ensamble de novo. Obtención de paneles de SNPs mediante los módulos gstacks y populations del software Stacks.
4. Análisis de la variabilidad genética mediante cálculos de Heterocigosidad observada y esperada, diversidad nucleotídica y alelos privados. Exploración de la estructuración poblacional mediante Admixture/Strucure, PCA, filogenias y cálculos de

FST.

Nombre de el/los disertante/s (se adjuntan CVs reducidos)

- Dr. Santiago Guillermo CEBALLOS

Disertantes invitados

- Lic. Yésica Patricia ÁLVEREZ OYARDO
- Lic. Alejandro Ezequiel ROJAS

Destinatarios de la actividad

Estudiantes de la carrera del Doctorado en Ciencias Biológicas y carreras afines

Fecha de realización

- Del 27 de noviembre al 1 de diciembre de 2023

Duración y programa de actividad diaria

- Duración: 40Hs.

Metodología a utilizar en el dictado

Clases teóricas y prácticas con uso intensivo de computadoras.

Referencias

Artículos:

- Rivera-Colón, A.G., Catchen, J., 2021. Population genomics analysis with RAD, reprised: Stacks 2. bioRxiv 2021.11.02.466953. <https://doi.org/10.1101/2021.11.02.466953>
- Rochette, N.C., Catchen, J.M., 2017. Deriving genotypes from RAD-seq short-read data using Stacks. Nat. Protoc. 12, 2640–2659. <https://doi.org/10.1038/nprot.2017.123>

- Rochette, N.C., Rivera-Colón, A.G., Catchen, J.M., 2019. Stacks 2: Analytical Methods for Paired-end Sequencing Improve RADseq-based Population Genomics. bioRxiv 615385. <https://doi.org/10.1101/615385>

Páginas web:

- Alicia Mastretta Yanes et al. Introducción a la Bioinformática para Biólogo/as y Genetistas: <https://github.com/AliciaMstt/BioinfinvRepro>
- Niklaus J. Grünwald et al. Population genetics and genomics in R: https://grunwaldlab.github.io/Population_Genetics_in_R/index.html

Evaluación final, metodología y profesores propuestos para realizarla

- **Evaluación:** SI
- **Aranceles:** \$32.000
- **Cupo:** 22 máximo.

Presupuesto estimativo y prioridades para la asignación de recursos

- **Honorarios:** a convenir con el Doctorado.
- **Reconocimiento de gastos:** transporte / hospedaje / viáticos
- **Fotocopias:** -
- **CDs:** -
- **Puntero laser y pilas:** -
- **Marcadores:** -

Entidad que operará como unidad ejecutora de recursos

- Doctorado en Ciencias Biológicas