



Rectorado

"Año del Bicentenario, de la consolidación de nuestra Independencia, y de la conmemoración de las heroicas batallas de Junín y Ayacucho"

RESOLUCIÓN RECTORAL

N° 144 -2024-UNTRM/R

Chachapoyas, 08 MAY 2024

VISTO:

El Oficio N° 0896-2024-UNTRM/INDES-CES, de fecha 03 de mayo de 2024, del Director Ejecutivo del Instituto de Investigación para el Desarrollo Sustentable de Ceja de Selva (INDES-CES); y

CONSIDERANDO:

Que la Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas, organiza su régimen de gobierno de acuerdo a la Ley Universitaria N° 30220, su Estatuto y reglamentos, atendiendo a sus necesidades y características;

Que mediante Resolución de Asamblea Universitaria N° 022-2023-UNTRM/AU, de fecha 01 de diciembre de 2023, se aprueba la Actualización del Estatuto de la Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas;

Que el Estatuto Universitario, establece en la "Segunda Disposición Complementaria. La Universidad cuenta con los siguientes Institutos de Investigación: (...). - Instituto de Investigación para el Desarrollo Sustentable de Ceja de Selva (INDES - CES). (...)";

Que con el Oficio N° 0896-2024-UNTRM/INDES-CES, de fecha 03 de mayo de 2024, el Director Ejecutivo del INDES-CES, informa que tiene programado realizar el evento denominado: "Genómica y Evolución de Hongos Fitopatógenos: Curso Teórico-Práctico", el cual tiene como objetivo proporcionar conocimientos teóricos y prácticos fundamentales en el campo de genómica fúngica, con énfasis principal en los hongos fitopatógenos. En tal sentido, con la finalidad de continuar con las actividades programadas, solicita se emita el acto resolutorio que apruebe dicho evento el cual se llevará a cabo los días del 03 al 07 de junio de 2024, en el auditorio del Laboratorio de Geomática y Teledetección;

Que asimismo el Estatuto Universitario, establece en el "Artículo 40. Atribuciones del Rector. Son atribuciones y ámbito funcional del Rector las siguientes: (...). b) Dirigir la actividad académica de la Universidad y su gestión administrativa, económica y financiera";

Que estando a lo expuesto y en ejercicio de las atribuciones que la Ley Universitaria N° 30220, el Estatuto Universitario y el Reglamento de Organización y Funciones aprobado mediante Resolución Rectoral N° 022-2023-UNTRM/R y ratificado con Resolución de Consejo Universitario N° 012-2023-UNTRM/CU, le confieren al Rector de la Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas, y contando con el visto bueno de la Oficina de Asesoría Jurídica;

SE RESUELVE:

ARTÍCULO PRIMERO.- APROBAR el evento denominado "Genómica y Evolución de Hongos Fitopatógenos: Curso Teórico-Práctico", organizado por el Instituto de Investigación para el Desarrollo Sustentable de Ceja de Selva (INDES-CES), a efectuarse del 03 al 07 de junio de 2024, en el auditorio del Laboratorio de Geomática y Teledetección de esta Casa Superior de Estudios, de acuerdo al anexo que forma parte integrante de la presente resolución en siete (07) folios.

ARTÍCULO SEGUNDO.- NOTIFICAR la presente resolución a los estamentos internos de la universidad y a los interesados, de forma y modo de Ley para conocimiento y fines.

REGÍSTRESE Y COMUNÍQUESE.

UNIVERSIDAD NACIONAL
TORIBIO RODRÍGUEZ DE MENDOZA DE AMAZONAS

Jorge Luis Maicelo Quintana Ph.D.
Rector

UNIVERSIDAD NACIONAL
TORIBIO RODRÍGUEZ DE MENDOZA DE AMAZONAS

Abg. Mag. Roger Angeles Sánchez
Secretario General

JLMQ/R.
RAS/SG
HVDM/Abg.



UNIVERSIDAD NACIONAL
TORIBIO RODRÍGUEZ DE
MENDOZA DE AMAZONAS

Instituto de Investigación para el Desarrollo
Sustentable de Ceja de Selva – INDES-CES

"Año del Bicentenario, de la consolidación de nuestra Independencia, y de la conmemoración de las heroicas batallas de Junín y Ayacucho"

UNIVERSIDAD NACIONAL TORIBIO RODRÍGUEZ DE MENDOZA DE AMAZONAS

INSTITUTO DE INVESTIGACIÓN PARA EL DESARROLLO SUSTENTABLE DE CEJA
DE SELVA (INDES-CES)



"Genómica y Evolución de Hongos Fitopatógenos: Curso Teórico-Práctico"

Dr. Segundo Manuel Oliva Cruz
Director Ejecutivo



Chachapoyas, 25 de abril de 2024



I. INTRODUCCIÓN

El proyecto CUI N°2315081 "Creación e Implementación del Centro de Investigación e Innovación Tecnológica en Cacao de la Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas" (CEINCACAO); el Grupo de Investigación Consolidado de Fitopatología y Micología (GIFMI) (aprobado por Resolución de Consejo Universitario N°268-2023-UNTRM/CU); y el Laboratorio de Investigación en Sanidad Vegetal (LABISANV) del INDES-CES, tienen como una de sus finalidades desarrollar las capacidades y transferir conocimiento a profesionales, estudiantes e investigadores en temas de genómica y bioinformática.

El presente plan contempla actividades estipuladas para la ejecución y desarrollo del proyecto CEINCACAO en apoyo con investigadores y miembros de los grupos de Investigación GIFMI, y del laboratorio de LABSIANV. Estas actividades contemplan el desarrollo de capacidades en el área de genómica y bioinformática.

II. OBJETIVO

El objetivo de este curso es proporcionar conocimientos teóricos y prácticos fundamentales en el campo de genómica fúngica, con énfasis principal en los hongos fitopatógenos. Al concluir el curso, los/las estudiantes conocerán las tecnologías de secuenciación de ADN y serán capaces de realizar el ensamblaje y la anotación de genomas fúngicos. Además, estarán familiarizados con los métodos utilizados en el estudio de la genómica comparativa.

III. PONENTES

Las ponencias serán lideradas por el Dr. Mario Emilio Ernesto Franco, investigador dentro del Programa de Protección Vegetal Sostenible, del Instituto de Investigación y Tecnología Agroalimentarias (IRTA), España, con apoyo del Dr. Jorge Ronny Díaz Valderrama, coordinador del proyecto CUI N°2315081 "Creación e Implementación del Centro de Investigación e Innovación Tecnológica en Cacao de la Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas" (CEINCACAO), e investigador titular del Grupo de Investigación en Fitopatología y Micología.

IV. TEMÁTICA

1. Introducción a la Genómica

Conceptos básicos de genómica. Tecnologías de secuenciación. Importancia de la genómica en la fitopatología.

2. Ensamblaje de Genomas

Tipos de archivos y formatos de datos genómicos. Control de calidad de las lecturas. Procesamiento de lecturas: *quality trimming* y filtrado. Ensamblaje de genomas: enfoque *de novo* y basado en genoma de referencia. Genoma mitocondrial.

3. Control de Calidad del Ensamblaje del Genoma





Estadísticas de ensamblaje de genomas. Validación. Análisis comparativo de ortólogos universales de copia única. Identificación de secuencias contaminantes en genomas borradores.

4. Anotación de Genomas

Anotación estructural de genes mediante métodos *ab initio*, basados en homología, expresión de ARN, y su combinación. Anotación funcional de genes. Predicción de la localización de proteínas, efectores fúngicos, y grupos de genes de metabolitos secundarios.

5. Genómica Comparativa

Bases de datos de secuencias. Filogenómica. Reconstrucción ancestral de tamaños de familias de genes. Redes de similitud de secuencia de grupos de genes de metabolitos secundarios; familias de grupos de genes de metabolitos secundarios. Pangenómica.

V. METODOLOGÍA

El curso se llevará a cabo de manera presencial, combinando sesiones teóricas con sesiones prácticas. Las sesiones prácticas incluirán actividades donde los/las participantes trabajarán con datos reales.

Requisitos: No se requieren conocimientos previos en genómica, pero se recomienda tener conocimientos básicos de biología molecular, microbiología y de la línea de comandos de UNIX.

VI. PROGRAMA



Lugar y Fecha : Chachapoyas, Amazonas, 03–07 de junio del 2024.
Local : Auditorio del Laboratorio de Geomática y Teledetección –
Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas

Cronograma:

Lunes 03/06: Introducción a la Genómica (2 hrs); Ensamblaje de Genomas (6 hrs)

Martes 04/06: Control de Calidad del Ensamblaje del Genoma (4 hrs)

Miércoles 05/06: Anotación de Genomas (4 hrs)

Jueves 06/06: Genómica Comparativa (4 hrs)

Viernes 07/06: Consultas. Evaluación (4 hrs)



VII. BIBLIOGRAFÍA

Genómica y Hongos Fitopatógenos

- Aragona, Maria, et al. "New-generation sequencing technology in diagnosis of fungal plant pathogens: a dream comes true?." *Journal of Fungi* 8.7 (2022): 737.
- Aylward, Janneke, et al. "A plant pathology perspective of fungal genome sequencing." *IMA fungus* 8 (2017): 1-15.
- Fouché, Simone, Clémence Plissonneau, and Daniel Croll. "The birth and death of effectors in rapidly evolving filamentous pathogen genomes." *Current opinion in microbiology* 46 (2018): 34-42.
- Möller, Mareike, and Eva H. Stukenbrock. "Evolution and genome architecture in fungal plant pathogens." *Nature Reviews Microbiology* 15.12 (2017): 756-771.
- Raffaele, Sylvain, and Sophien Kamoun. "Genome evolution in filamentous plant pathogens: why bigger can be better." *Nature Reviews Microbiology* 10.6 (2012): 417-430.
- Sánchez-Vallet, Andrea, et al. "The genome biology of effector gene evolution in filamentous plant pathogens." *Annual review of phytopathology* 56 (2018): 21-40.
- Stukenbrock, Eva Holtgrewe. "Evolution, selection and isolation: a genomic view of speciation in fungal plant pathogens." *New Phytologist* 199.4 (2013): 895-907.

Secuenciación y Anotación

- Challis, Richard, et al. "BlobToolKit—interactive quality assessment of genome assemblies." *G3: Genes, Genomes, Genetics* 10.4 (2020): 1361-1374.
- Cornet, Luc, and Denis Baurain. "Contamination detection in genomic data: more is not enough." *Genome Biology* 23.1 (2022): 60.
- Del Angel, Victoria Dominguez, et al. "Ten steps to get started in Genome Assembly and Annotation." *F1000Research* 7 (2018).
- Espinosa, Elena, et al. "Advancements in long-read genome sequencing technologies and algorithms." *Genomics* (2024): 110842.
- Funannotate: <https://funannotate.readthedocs.io;>
<https://github.com/nextgenusfs/funannotate>
- Goodwin, Sara, John D. McPherson, and W. Richard McCombie. "Coming of age: ten years of next-generation sequencing technologies." *Nature reviews genetics* 17.6 (2016): 333-351.
- Jin, Jian-Jun, et al. "GetOrganelle: a fast and versatile toolkit for accurate de novo assembly of organelle genomes." *Genome biology* 21 (2020): 1-31.
- Jung, Hyungtaek, et al. "Twelve quick steps for genome assembly and annotation in the classroom." *PLoS computational biology* 16.11 (2020): e1008325.
- Lang, B. Franz, et al. "Mitochondrial genome annotation with MFannot: a critical analysis of gene identification and gene model prediction." *Frontiers in Plant Science* 14 (2023): 1222186.
- Reuter, Jason A., Damek V. Spacek, and Michael P. Snyder. "High-throughput sequencing technologies." *Molecular cell* 58.4 (2015): 586-597.





- Sohn, Jang-il, and Jin-Wu Nam. "The present and future of de novo whole-genome assembly." *Briefings in bioinformatics* 19.1 (2018): 23-40.
- Thomma, Bart PHJ, et al. "Mind the gap; seven reasons to close fragmented genome assemblies." *Fungal Genetics and Biology* 90 (2016): 24-30.
- Yandell, Mark, and Daniel Ence. "A beginner's guide to eukaryotic genome annotation." *Nature Reviews Genetics* 13.5 (2012): 329-342.

Efectores y Metabolitos Secundarios

- Blin, Kai, et al. "antiSMASH 6.0: improving cluster detection and comparison capabilities." *Nucleic acids research* 49.W1 (2021): W29-W35.
- Kautsar, Satria A., et al. "MIBiG 2.0: a repository for biosynthetic gene clusters of known function." *Nucleic acids research* 48.D1 (2020): D454-D458.
- Keller, Nancy P. "Fungal secondary metabolism: regulation, function and drug discovery." *Nature Reviews Microbiology* 17.3 (2019): 167-180.
- Kuhnert, Eric, and Jérôme Collemare. "A genomic journey in the secondary metabolite diversity of fungal plant and insect pathogens: From functional to population genomics." *Current Opinion in Microbiology* 69 (2022): 102178.
- Navarro-Muñoz, Jorge C., et al. "A computational framework to explore large-scale biosynthetic diversity." *Nature chemical biology* 16.1 (2020): 60-68.
- Rokas, Antonis, et al. "Biosynthetic gene clusters and the evolution of fungal chemodiversity." *Natural product reports* 37.7 (2020): 868-878.
- Rokas, Antonis, Jennifer H. Wisecaver, and Abigail L. Lind. "The birth, evolution and death of metabolic gene clusters in fungi." *Nature Reviews Microbiology* 16.12 (2018): 731-744.
- Sperschneider, Jana, and Peter N. Dodds. "EffectorP 3.0: prediction of apoplasmic and cytoplasmic effectors in fungi and oomycetes." *Molecular plant-microbe interactions* 35.2 (2022): 146-156.



Genómica Comparativa

- awesome-genome-visualization. <https://github.com/cmdcolin/awesome-genome-visualization>
- Badet, Thomas, and Daniel Croll. "The rise and fall of genes: origins and functions of plant pathogen pangenomes." *Current opinion in plant biology* 56 (2020): 65-73.
- Chen, Kevin, Dannie Durand, and Martin Farach-Colton. "NOTUNG: a program for dating gene duplications and optimizing gene family trees." *Journal of Computational Biology* 7.3-4 (2000): 429-447.
- Csűös, Miklós. "Count: evolutionary analysis of phylogenetic profiles with parsimony and likelihood." *Bioinformatics* 26.15 (2010): 1910-1912.
- Emms, David M., and Steven Kelly. "OrthoFinder: phylogenetic orthology inference for comparative genomics." *Genome biology* 20 (2019): 1-14.
- Eren, A. Murat, et al. "Anvi'o: an advanced analysis and visualization platform for 'omics data." *PeerJ* 3 (2015): e1319.



- Grigoriev, Igor V., et al. "MycCosm portal: gearing up for 1000 fungal genomes." *Nucleic acids research* 42.D1 (2014): D699-D704. <https://mycocosm.jgi.doe.gov/mycocosm/home>
- Laetsch, Dominik R., and Mark L. Blaxter. "KinFin: software for taxon-aware analysis of clustered protein sequences." *G3: Genes, Genomes, Genetics* 7.10 (2017): 3349-3357.
- McCarthy, Charley GP, and David A. Fitzpatrick. "Pan-genome analyses of model fungal species." *Microbial genomics* 5.2 (2019): e000243.

Unix Shell & Galaxy Tools

- Cock, Peter JA, et al. "Galaxy tools and workflows for sequence analysis with applications in molecular plant pathology." *PeerJ* 1 (2013): e167.
- Kross, Sean. (2019). "The Unix Workbench". <https://seankross.com/the-unix-workbench/>
- O'Neil, Shawn T. "The Command Line and Filesystem." *A Primer for Computational Biology* (2019). <https://open.oregonstate.education/computationalbiology/>
- The Carpentries. "Introduction to the Command Line for Genomics". <https://datacarpentry.org/shell-genomics/index.html>

VIII. COMITÉ ORGANIZADOR

"Genómica y Evolución de Hongos Fitopatógenos: Curso Teórico-Práctico"

Presidente:

- Dr. Segundo Manuel Oliva Cruz.

Coordinación General y Temática:

- Dr. Jorge Ronny Díaz Valderrama
- Dr. Mario Emilio Ernesto Franco
- Dra. Liz Marjory Stefanny Cumpa Velasquez
- Dr. Manuel Alejandro Ix Balam
- Mg. Kelvin James Llanos Gómez
- Mg. Ingrid Iliquin Inga
- Mg. Angel Fernando Huamán Pilco

Ponentes:

- Dr. Mario Emilio Ernesto Franco
- Dr. Jorge Ronny Díaz Valderrama

Coordinación Logística:

- Lic. Elizabeth Silva Díaz
- Bach. Jhuvitza Rojas Huamán

Coordinación de Promoción y Difusión:

- Heyton Deyvi García Cruz
- Denís Díaz





Habrà emisión de certificados, cupos limitados.

Inscripciones con el Dr. Jorge Ronny Díaz Valderrama

Coordinador de CEINCACAO Responsable de Laboratorio LABISANV / Investigador Titular de GIFMI

Correo electrónico: labisanv@untrm.edu.pe

IX. AFICHE DE ENVENTO

CURSO TEÓRICO - PRÁCTICO

Genómica y evolución de hongos fitopatógenos

JUNIO
del 03 al 07

- 9:00 a. m.
- Lugar:** Auditorio del laboratorio de geomática

POLENTE:

 **Dr. Mario Emilio Ernesto Franco**
Investigador del Programa de Protección Vegetal Sostenible, del Instituto de Investigación y Tecnología Agroalimentarias (IRTA), España.



UNTRM



Rumbo a la
CERTIFICACIÓN
INTERNACIONAL