



INFORME DEL CUMPLIMIENTO DE TAREAS OFICIALES O SERVICIOS INSTITUCIONALES EN EL EXTERIOR

Nº SOLICITUD: FECHA DE LA SOLICITUD (dd-mmm-aaaa)
19/09/2017

DATOS GENERALES

APELLIDOS-NOMBRES DE LA O EL SERVIDOR: PUESTO:
Castillo García José Gabriel Profesor / Investigador

CIUDAD - PAIS NOMBRE DE LA UNIDAD DE LA O EL SERVIDOR
Guayaquil - Ecuador FCSH

INFORME DE ACTIVIDADES Y PRODUCTOS ALCANZADOS

Presentación en el Primer Taller de Ciencias Sociales Experimentales y del Comportamiento - Cali, Colombia

ITINERARIO	SALIDA / CASA O TRABAJO	LLEGADA / CASA O	NOTA
FECHA dd-mmm-aaaa	<i>13/09/2017</i>	<i>17/09/2017</i>	Estos datos se refieren al tiempo efectivamente utilizado en el comisión, desde la salida del lugar de residencia o trabajo habituales o del cumplimiento de la licencia según sea el caso, hasta su llegada de estos sitios.
HORA hh:mm	<i>19:10</i>	<i>23:15</i>	
HORA Inicio de Labores el día de retorno			

TRANSPORTE UTILIZADO

SALIDA

LLEGADA

TIPO DE TRANSPORTE (Aéreo, terrestre, otros)	NOMBRE DEL TRANSPORTE	ruta	FECHA dd-mmm-aaaa	HORA hh:mm	FECHA dd-mmm-aaaa	HORA hh:mm
Aéreo	<i>Avianca</i>	<i>GYE-CLO</i>	<i>13/09/2017</i>	<i>19:10</i>	<i>13/09/2017</i>	<i>20:40</i>
Aéreo	<i>Avianca</i>	<i>CLO-GYE</i>	<i>17/09/2017</i>	<i>21:45</i>	<i>17/09/2017</i>	<i>23:15</i>
Aéreo						

NOTA: En caso de haber utilizado: 1) transporte público, aéreo, fluvial o terrestre, se deberá adjuntar obligatoriamente los pases a bordo o boletos, de acuerdo a lo que establece en artículo N°. 23 y 2) vehículos institucionales, se adjuntará la hoja de ruta con tipo de vehículo, número de placa, kilometraje recorrido y los nombres apellidos del conductor.

OBSERVACIONES

FIRMA SERVIDOR/A COMISIONADO	NOTA
	El presente informe deberá presentarse dentro del término máximo de 4 días de cumplida la licencia, caso contrario la liquidación se demorará e incluso de no presentarlo tendría que restituir los valores pagados. Cuando la licencia sea superior al número de horas o días autorizados, se deberá adjuntar la autorización por escrito de la Máxima Autoridad o su Delegado/a.

FIRMAS DE APROBACIÓN

JEFE/E INMEDIATO DE LA O EL RESPONSIBLE DE LA UNIDAD	MÁXIMA AUTORIDAD O SU DELEGADO/A
 ESTADÍSTICA SUPERIOR TECNICA DEL LITORAL ESPOL CALLE 1200 DE CANOAS ENTRADA AGUILAR DECANO DEPARTAMENTO DE CIENCIAS Y HUMANIDADES	 ESTADÍSTICA SUPERIOR TECNICA DEL LITORAL ESPOL CALLE 1200 DE CANOAS ENTRADA AGUILAR DECANO DEPARTAMENTO DE CIENCIAS Y HUMANIDADES

NOMBRE NOMBRE

INFORME DE ACTIVIDADES

"PRESENTACIÓN EN EL 1ER. TALLER LATINOAMERICANO EN CIENCIAS SOCIALES EXPERIMENTALES Y DEL COMPORTAMIENTO-LAWEBESS"

DE: José Gabriel Castillo, PhD.
PARA: Leonardo Estrada, Ph.D. / Decano FSCH
FECHA: 19 de septiembre de 2017
ASUNTO: Informe de actividades de participación en el LAWEBESS-Cali

1. ANTECEDENTES

La Universidad del Valle invita a participar en el Primer Taller Latinoamericano en Ciencias Sociales Experimentales y del Comportamiento (LAWEBESS por sus siglas en inglés) a organizarse en la Facultad de Ciencias Sociales y Económicas (Campus Meléndez, Edificio 387, Auditorio Antonio J. Posada) en la ciudad de Cali el 14 y 15 de Septiembre del presente año.

La conferencia está organizada por Boris Salazar, Javier Medina y Lina M. Restrepo, con colaboración de Enrique Fatas (Universidad de Anglia del Este) y Raymond Duch (Colegio Universitario Nuffield, Universidad de Oxford).

El objetivo del LAWEBESS es convocar a investigadores de todas las áreas de las ciencias sociales que estén interesados en los métodos experimentales. Dado a que las Ciencias del Comportamiento surgieron en un ambiente multidisciplinar, interactuando con una amplia gama de temas y metodologías, el objetivo de la conferencia es fomentar el diálogo abierto entre académicos e investigadores de diferentes disciplinas, permitiendo así que discutan acerca de sus avances, reciban retroalimentación e interactúen con colegas y estudiantes de posgrado. El programa incluye charlas por parte de conferencistas invitados y de los autores de los artículos aceptados (solo en inglés).

Esta conferencia constituye un importante evento dentro del circuito de conferencias experimentales de investigadores de Economía Experimental de Latinoamérica.

En esta conferencia presenté el documento de investigación (Working Paper) denominado: ***"Institutional Legitimacy and Public Goods Game: A Laboratory Experiment on the Distribution of Sanctioning Power."***



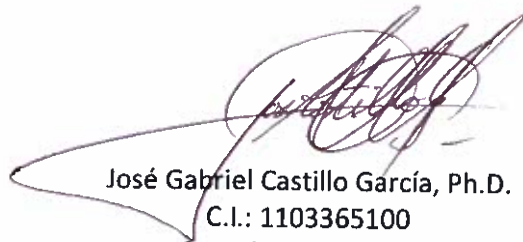
2. ACTIVIDADES DESARROLLADAS

Se desarrollaron las siguientes actividades:

- Presentación del working paper.
- Asistencia a las sesiones de discusión de los trabajos en la agenda.
- Asistencia a las sesiones plenarias con los presentadores invitados.
- Se promovieron múltiples contactos con el fin de promover la actividad de investigación en el Laboratorio de Economía Experimental de la FCSH.
- Se destaca la coordinación del "Segundo taller de economía experimental y del comportamiento-L.E.E." en el mes de noviembre, con la participación de Enrique Fatas, Decano de la Facultad de Economía de East Anglia University, UK; y organizador de la conferencia LAWEBESS en Cali, con quien mantenemos conversaciones para implementar una agenda conjunta de investigación.


3. CONCLUSIONES

Las actividades planificadas se desarrollaron con éxito. Es importante mantener el auspicio y promover la participación de nuestros profesores en congresos de esta índole pues facilita la generación de una red de contactos necesaria para promover las actividades de investigación, la vinculación de la universidad con la academia internacional y potenciar la capacidad de futuras publicaciones.



José Gabriel Castillo García, Ph.D.
C.I.: 1103365100

Profesor/Investigador FCSH



ESUELA SUPERIOR POLITÉCNICA DEL LITORAL-ESPOL
FRANCISCO LEONARDO ESCOBAR A
FACULTAD DE CIENCIAS SOCIALES Y HUMANAS



HOTELES MS S.A.S. - HOTEL MS CIUDAD JARDIN



NIT. 900.241.172-7

IVA - REGIMEN COMUN

Carrera 101 15A - 35 Cali - Colombia

CONMUTADOR: 3156060

FACTURA DE VENTA

No. CJ-21614

Página : 1 de 1

Resolución Habilitación No. : 18762001095842 de 2016/11/06 Desde CJ15001 Hasta CJ52499 - Vigencia al 2018/05/06

Fecha : 2017/09/17

Vence : 2017/09/17

Cliente CASTILLO GARCIA JOSE GABRIEL
Identificación 1103365100-1
Dirección UR B LAS CUMBRES GUAYAQUIL
Telefono 0995094754
Ciudad GUAYAQUIL - CO
Nombre Huésped CASTILLO GARCIA, JOSE GABRIEL

Reserva: 22967
Habitación: 405
Llegada: 2017/09/13
Salida: 2017/09/17

FECHA	DESCRIPCION	DEBITOS	CREDITOS
	ALOJAMIENTO EXENTO	\$ 720.000	
	GALLETAS OREO	\$ 2.500	
	TC DINERS		\$ 542.500
	DEPOSITO APLICADO		\$ 180.000
	TOTALES	\$ 722.500	\$ 722.500
	SALDO	\$ 0	

BASE 16%	\$ 0	IVA 16%	\$ 0
BASE 19%	\$ 2.101	IVA 19%	\$ 399
BASE 05%	\$ 0	IVA 05%	\$ 0
BASE 08%	\$ 0	IPOCONSUMO 08%	\$ 0
Total Exentos:	\$ 620.000	Total Excluidos:	\$ 100.000

OBSERVACIONES:

Esta factura se asimilará en sus efectos a la letra de cambio, según el artículo 774 y 779 del código de comercio.

LA FIRMA POR TERCERO, EN REPRESENTACION, MANDATO U OTRA CALIDAD SIMILAR A NOMBRE DEL COMPRADOR, IMPLICA SU OBLIGACION DE ACUERDO AL ARTICULO 640 DEL CODIGO DE COMERCIO.

FIRMA - SIGNATURE

CUENTA CORRIENTE No. 829469853-24 BANCOLOMBIA - HOTELES MS S.A.S.

Favor enviar relación de facturas canceladas al correo electronico: admonmsciudadjardin@hotelesms.com

Factura Elaborada en Computador por Hoteles MS Nit 900.241.172-7 - Software Galaxy Hotel de Technology Global Group - NIT 900237437

ORIGINAL



Universidad
del Valle

CERTIFICATE OF PARTICIPATION

This certificate is awarded to:

Jose Gabriel Castillo Garcia

For participating as Speaker in the First Latinamerican Workshop on Behavioural and Experimental Social Sciences (LAWEBESS), held at the Universidad del Valle (Cali), during the 14th and 15th of September 2017.

14th of September 2017

14th of September 2017

Date

Boris Salazar Trujillo

Boris Salazar Trujillo

Dean of the Social Sciences and Economics Faculty

13 SEP 2017 ▶ 17 SEP 2017 DESTINO CALI, COLOMBIA**PREPARADO PARA
CASTILLO/JOSE**VANDERVIAJES S.A.
(5934) 283-7805 283-7895 2837-778
2097-843
info@vanderviajes.com
ASESOR DE VIAJES PCCÓDIGO DE RESERVACIÓN UPFRGW
AIRLINE RESERVATION CODE L3IE4V(AV)**PARTIDA: MIÉRCOLES 13 SEP** Por favor verifique el horario de vuelo antes de la salida

AVIANCA AV 8386 Operado por: /AEROGAL Duración: 1horas 30minutos Clase: Económica Estado: Confirmado	GYE GUAYAQUIL, ECUADOR	▶ CLO CALI, COLOMBIA	Avión: AIRBUS INDUSTRIE A319 JET
	Sale a la(s): 19:10 Terminal: No disponible	Llega a la(s): 20:40 Terminal: No disponible	Millaje: 460 Escala(s): 0 Comidas: Refrigerio

Nombre del pasajero: » CASTILLO/JOSE	Asientos: Sin asignar	Recibo(s) de boleto(s) electrónico(s): 5475697183240
---	--------------------------	---

**PARTIDA: DOMINGO 17 SEP** Por favor verifique el horario de vuelo antes de la salida

AVIANCA AV 8387 Operado por: /AEROGAL Duración: 1horas 30minutos Clase: Económica Estado: Confirmado	CLO CALI, COLOMBIA	▶ GYE GUAYAQUIL, ECUADOR	Avión: AIRBUS INDUSTRIE A319 JET
	Sale a la(s): 21:45 Terminal: No disponible	Llega a la(s): 23:15 Terminal: No disponible	Millaje: 460 Escala(s): 0 Comidas: Refrigerio

Nombre del pasajero: » CASTILLO/JOSE	Asientos: Sin asignar	Recibo(s) de boleto(s) electrónico(s): 5475697183240
---	--------------------------	---

OTROS: VIERNES 30 MAR

OTROS Estado: Confirmado	GYE GUAYAQUIL, ECUADOR	
	Información: VANDERVIAJES	

Notas

Vanderviajes agradece su preferencia tarifa no reembolsable penalidad por cambio de fecha solo la emision del tkt garantiza la tarifa cotizada revisar que las fechas y horarios que aparecen en el itinerario sean los correctas confirme que sus documentos y requisitos esten en orden



Registro Oficial N° 11 del 10 de junio del 2013

INFORME DE VIÁTICOS, MOVILIZACIONES, SUBSISTENCIAS Y ALIMENTACIÓN AL EXTERIOR

FECHA DE INFORME (dd-mmm-aaaa)
10/8/2017

DATOS GENERALES

APELLIDOS-NOMBRES DE LA O EL SERVIDOR:

Restrepo Cardona Leda Carolina

PUESTO:

Investigador

CIUDAD - PROVINCIA DE LA COMISION

San Pedro-Santa Elena

NOMBRE DE LA UNIDAD DE LA O EL SERVIDOR

CENAIM

INFORME DE ACTIVIDADES Y PRODUCTOS ALCANZADOS (Enumerar, según Art. 23)

El entrenamiento permitió que la suscrita realizará análisis requeridos para comprender una parte importante en lo que ocurre en los genomas de las bacterias probióticas, orientándose en investigar los mecanismos moleculares funcionales presentes en las bacterias que son utilizadas para controlar enfermedades emergentes en camarón, esto con el fin de conducir un análisis más extenso y contribuir al desarrollo de estrategias para combatir distintos agentes infecciosos de alta prevalencia en Ecuador. Para obtener estos resultados, nos apoyamos en herramientas avanzadas para el desarrollo de la investigación. Además, éste curso permitió que la suscrita se instruyera en el análisis de datos obtenidos con tecnologías de secuenciación de nueva generación (NGS), los cuales van a ser de gran utilidad para los estudios posteriores que se desarrollaran a lo largo del proyecto del SENESCYT mencionado previamente. Como resultado de las actividades que desarrollaron en esta estancia, se elaborará un artículo de peer review: "Análisis y caracterización del genoma de una bacteria probiótica, implicaciones en el tratamiento de enfermedades emergentes en Ecuador". La publicación se realizará en forma conjunta entre CENAIM y el Laboratorio de Biología Computacional de la Universidad de los Andes.

ITINERARIO	SALIDA / CASA O TRABAJO	LLEGADA / CASA O TRABAJO	NOTA
FECHA dd-mmm-aaaa	10/8/2017	28/8/2017	Estos datos se refieren al tiempo efectivamente utilizado en el comisión, desde la salida del lugar de residencia o trabajo habituales o del cumplimiento de la licencia según sea el caso, hasta su llegada de estos sitios.
HORA hh:mm	12:00	22:00	
HORA Inicio de Labores el día de retorno			

TRANSPORTE UTILIZADO

TIPO DE TRANSPORTE (Aéreo, terrestre, ctros)	NOMBRE DEL TRANSPORTE	RUTA	SALIDA		LLEGADA	
			FECHA dd-mmm-aaaa	HORA hh:mm	FECHA dd-mmm-aaaa	HORA hh:mm
Aéreo	Avianca	Guayaquil-Bogota	10/8/2017	12:00	10/8/2017	14:15
Aéreo	Avianca	Bogota-Guayaquil	28/8/2017	22:00	28/8/2017	0:15

NOTA: En caso de haber utilizado: 1) transporte público, aéreo, fluvial o terrestre, se deberá adjuntar obligatoriamente los pasajes a bordo o boletos, de acuerdo a lo que establece en artículo 19. 25 y 2) vehículos institucionales, se adjuntará la hoja de ruta con tipo de vehículo, número de placa, kilometraje recorrido y los nombres apellidos del conductor.

OBSERVACIONES

FIRMA SERVIDOR/A COMISIONADO

Leda Restrepo C

NOTA

El presente informe deberá presentarse dentro del término máximo de 4 días de cumplida la licencia, caso contrario la liquidación se demorará e incluso de no presentarlo tendría que restituir los valores pagados. Cuando la licencia sea superior al número de horas o días autorizados, se deberá adjuntar la autorización por escrito de la Máxima Autoridad o su Delegado/a.

FIRMAS DE APROBACIÓN

JEFE/E INMEDIATO DE LA O EL RESPONSABLE DE LA UNIDAD

Bonny Bayot

MÁXIMA AUTORIDAD O SU DELEGADO/A

Bonny Bayot

NOMBRE

NOMBRE



CENAIM-PROY-SALUD ANIMAL-46-2017
San Pedro, 7 de agosto del 2017

Ingeniero
Moisés V. Sosa Moreno
GERENTE GENERAL ESPOL-TECH E.P.
Presente.-

ESPOL-TECH E.P.
11 SEP 2017 12:10
(Handwritten initials)

De mis consideraciones:

GUAYAQUIL:
Campus "Gustavo Galindo"
Km. 30.5 Vía Perimetral
Casilla: 09-01-5863

TELÉFONOS:
PBX: (593-4) 2269 269
Teléfonos: 2851 094
2854 560 - 2854 518
2854 486

Campus "Las Peñas"
Malecón 100 y Loja
Peñas Administr. 2081 071

QUITO:
Av. 6 de Diciembre N 33-55
y Eloy Alfaro, Edif. Torre
Blanca, Piso N°2
Casilla: 17-01-1076

TELÉFONOS:
PBX: (593-2) 2521 408
2561 199 - 2527 986

www.espol.edu.ec

Por medio de la presente, autorizo se proceda con el pago de viáticos y liquidación de viáticos perteneciente a Leda Restrepo Cardona por viaje a Curso de Análisis de datos de Secuenciación Masiva, curso realizado en la Universidad de los Andes de Colombia, desde el 10 de agosto del 2017 al 28 de agosto del 2017.

El egreso total será de \$3.091,00 (Tres mil noventa y uno 00/100 dólares) con cargo a los fondos del Proyecto "Desarrollo e implementación de métodos de control y prevención de enfermedades en especies acuáticas de uso comercial y uso potencial en maricultura o repoblación", del Centro de costo No. 2135-50-03.

Objetivo Específico: 1. Actividad 1.1 Adquisición de equipos, materiales, suministros y contratación de personal

Código de clasificación presupuestario: 7.3.03.04

Rubro: Viajes Técnico, Curso secuenciación masiva.

Sin otro particular y en espera de una respuesta favorable a mi petición, le reitero mi agradecimiento.

Atentamente

Bonny Bayot

Bonny Bayot Arroyo Ph.D.
Directora del Proyecto "Desarrollo e implementación de métodos de control y prevención de enfermedades"

Hortals
Por permiso
Contratista
CA
(17-01)

No solicitaron pasajes a nombre de Restrepo Cardona
Marta

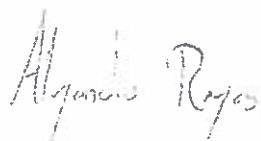
este valor de los
de cuentas recibidas
del presupuesto
emitido por el
proyecto del proyecto
al cual corresponde

Bogotá, Agosto 29 de 2017

A QUIEN PUEDA INTERESAR

Por medio de la presente me permito certificar que la investigadora Leda Carolina Restrepo Cardona, identificada con número de pasaporte AP911141 emitido en la ciudad de Bogotá, cumplió a cabalidad el programa del curso de Análisis de datos de Secuenciación Masiva, aplicado al análisis de datos de bacterias probióticas, llevado a cabo del 10 de Agosto al 28 de Agosto de 2017 en las instalaciones de la Universidad de los Andes, en Bogotá-Colombia.

Atentamente,



Alejandro Reyes Muñoz, PhD
Profesor Asistente
Director BCEM (bcem.uniandes.edu.co)
Departamento de Ciencias Biológicas
Universidad de los Andes
Bogotá, Colombia
Carrera 1 #18A-12, Of. A307
Tel: +57 1 3394949 Ext. 2763

Informe de viaje
Asistencia al curso: “Análisis de datos de Secuenciación Masiva, aplicado al análisis de datos de bacterias probióticas”.
Bogotá, Colombia, 10 – 28 de agosto de 2017

Realizado por Leda Carolina Restrepo Cardona, MSc.
Centro Nacional de Acuicultura e Investigaciones Marinas (CENAIM)

1. Antecedentes

Desde el 10 de agosto del 2017 al 28 de agosto de 2017, la suscrita realizó una estancia en la ciudad de Bogotá (Colombia) cuyo objetivo fue asistir al curso: “Análisis de datos de Secuenciación Masiva, aplicado al análisis de datos de bacterias probióticas”, impartido por el Dr. Alejandro Reyes en la Universidad de los Andes. El curso abarcó el análisis bioinformático avanzado para el estudio de genómica bacteriana enfatizándose en bacterias probióticas. El Dr. Alejandro Reyes-Muñoz, es microbiólogo de la Universidad de los Andes con Maestría en Ciencias Biológicas de la misma Universidad y obtuvo su doctorado en Biología Computacional y de Sistemas de Washington University en Saint Louis. Tiene más de 10 años de experiencia en investigación en Biología Molecular y microbiología participando en proyectos de desarrollo de tecnologías y métodos computacionales para la identificación y caracterización de microorganismos usando tecnología de última generación. Es profesor asistente del Departamento de Ciencias Biológicas de la Universidad de los Andes desde 2013, profesor asistente adjunto del departamento de Patología e Inmunología de Washington University in Saint Louis y co-coordinador de la maestría en Biología Computacional. Los tópicos abordados en el entrenamiento sobre ciencias ómicas son en los que el CENAIM está incursionando en el marco de 2 de los 3 proyectos de investigación de CENAIM financiados por SENESCYT: PIC-14-CENAIM-001 - "Caracterización de la biodiversidad de invertebrados de la reserva marina el pelado a escalas taxonómicas, metabolómicas y metagenómicas para uso en salud humana y animal" y PIC-14-CENAIM003 - "Desarrollo e implementación de métodos de control y prevención de enfermedades en especies acuáticas de uso comercial y uso potencial en maricultura o repoblación".

A continuación, se resume brevemente las principales actividades realizadas tanto en el curso avanzado y el trabajo investigativo que se realizó con el Dr. Reyes. Cabe destacar que los gastos de hospedaje y alimentación fueron cubiertos por el Proyecto SENESCYT PIC-14-CENAIM-003.

2. Curso: “Análisis de datos de Secuenciación Masiva, aplicado al análisis de datos de bacterias probióticas”.

El entrenamiento tuvo una duración de 19 días (entre el 10 y 28 de agosto de 2017) para un total de 152 horas. Fue impartido por el Dr. Alejandro Reyes-Muñoz, quien es profesor asistente del Departamento de Ciencias Biológicas de la Universidad de los Andes, profesor asistente adjunto del departamento de Patología e Inmunología de Washington University en Saint Louis y co-coordinador de la maestría en Biología Computacional.

El entrenamiento fue impartido casi completamente de forma práctica, aunque hubo sesiones teóricas que impartía el Dr. Reyes.

Un resumen de las actividades es mostrado a continuación:

Semana 1 – Jueves 10 de Agosto-Domingo 20 de agosto de 2017–Introducción al análisis de datos de secuenciación masiva de bacterias probióticas

- **Evaluación del control de calidad**

Se realizó un control de calidad de los datos crudos provenientes de bacterias probióticas, se buscaba identificar y excluir datos con problemas serios de calidad, lo cual me permite ahorrar gran cantidad de tiempo en los análisis posteriores. Las herramientas que emplee para chequear la calidad de las secuencias, fue para evaluar la probabilidad de que la base asignada en cada read sea la base correcta, que la distribución de los nucleótidos sea la adecuada, la distribución del contenido de GC se real, evaluación de las secuencias repetidas, entre otros parámetros. Luego de la evaluación de la calidad inicial de los datos, se realizaron los procesos de corrección pertinentes para cada una de las cepas, filtrando los reads que presentaban baja calidad y fragmentando a partir de la posición en la cual la calidad comienza a decaer.

Los datos provenían de una cepa probiótica ecuatoriana con la que se trabajó en el curso: "Introducción al análisis de datos de secuenciación masiva de bacterias probióticas", posteriormente los mismos datos de calidad luego de la corrección de los datos realizada, obteniendo y dejando los datos limpios para el ensamblaje.

- **Ensamblaje de novo**

Se evaluaron diferentes métodos para el ensamblaje de novo. Todas las metodologías utilizadas se basan en la suposición de que fragmentos de ADN altamente similares se originan de la misma posición dentro del genoma, pero los algoritmos utilizados por cada programa para conectar los fragmentos individuales en secuencias contiguas más largas, son diferentes para cada uno de éstos. Luego de ensamblar los reads se obtuvieron unas secuencias consenso denominadas contigs. Se evaluaron diferentes metodologías para el ensamblaje de novo, debido a que el reto en este tipo de análisis está dado desde el punto de vista computacional, puesto que la corta longitud de los reads, dificulta los ensamblajes en genomas bacterianos que tienen un gran número de repeticiones, ya que no se sabe con certeza de que repetición se obtuvo determinado read.

Con las secuencias de la bacteria que se analizó se tenían dos tipos de librerías: Paired-Ends de Illumina y de PacBio. La muestra fue secuenciada con la técnica de extremos pareados (Paired-Ends), las cuales permiten alargar los reads usando herramientas computacionales, conociendo la secuencia de ambos extremos de un fragmento, la distancia aproximada entre ellos se logra un solapamiento de los reads, lo que permite unirlos para formar una secuencia más larga. Los ensambladores que utilizamos basan sus análisis en los grafos De Bruijn. Los cuales modelan la relación entre subcadenas exactas de longitud k dentro de los reads, los nodos en el gráfico representan como k -mers, y los conectores indican que k -mers adyacentes se solapan por $k-1$ letras, por lo que la longitud

del k-mer correlaciona con la longitud del solapamiento que el ensamblador es capaz de detectar. En esta metodología no se modelan directamente los reads, sino que están implícitamente representados por los conectores en el gráfico de Bruijn.

Cuando se tuvieron los contigs se procedió a realizar el proceso de Scaffolding, mediante el cual se conectaron los contigs obtenidos. A pesar de no conocer la secuencia entre ellos, se pueden conectar, infiriendo cuándo dos contigs son adyacentes, dejando una distancia aproximada, determinada por la longitud del inserto (en PE).

- **Control de calidad luego del ensamblaje**

Luego de los ensamblajes se evaluó el número de fragmentos obtenidos con el fin de observar que se haya cubierto el cromosoma completo de la bacteria y también la secuencia completa de los plásmidos accesorios. Se evaluaron parámetros métricos como: la talla mínima, máxima y media de los contigs, así como la talla total del ensamblaje, el cual coincidió con la talla reportada del genoma. De igual manera, se tuvo en cuenta el valor N50, el cual muestra el menor número de los contigs que cubren el genoma.

Semana 2 – Lunes 21- Lunes 28 de agosto del 2017 – Terminación de análisis de datos de secuenciación masiva de bacterias probióticas

- **Cierre de genomas bacterianos**

La terminación del genoma es el proceso en el cual se hace un cierre de los **gaps** presente en el genoma ensamblado. Este paso es laborioso computacionalmente, pero permitió corregir varios de los errores de las secuencias presentes por la secuenciación y algunos causados luego de los ensamblajes, uniendo los datos obtenidos por la tecnología de PacBio y por la tecnología de Illumina.

- **Anotación estructural y funcional de los genomas**

Luego de tener el genoma ensamblado y cerrado se procedió a realizar la anotación estructural y la anotación funcional, los cual nos permitió identificar las principales características del genoma. Para la anotación estructural se utilizaron dos metodologías: el método *ab initio* y el método por comparación. El método *ab initio* utiliza algoritmos estadísticos para el reconocimiento de patrones que determinan si la secuencia de interés es codificante o no, mostrando la detección de motivos específicos en la secuencia. El método por comparación identifica zonas de alta similitud en organismos relacionados para reconocer las regiones codificantes.

Para la anotación funcional, también utilizamos dos métodos diferentes: Por homología y dominios funcionales. La comparación por homología busca inferir la función de un gen comparándolo con secuencias homólogas en bases de datos. La búsqueda de motivos y dominios funcionales busca asignar los genes encontrados en familias génicas e indicar el grupo de procesos en los que pueda estar involucrado, ítems importantes al caracterizar bacterias probióticas.

3. Herramientas bioinformáticas y softwares de análisis utilizados a lo largo del curso “Análisis de datos de Secuenciación Masiva, aplicado al análisis de datos de bacterias probióticas”

- **Programas con interfaz gráfica**

R: <http://www.r-project.org/>) + R packages

Paquetes y librerías de R:

BSgenome

(<http://www.bioconductor.org/packages/release/bioc/html/BSgenome.html>)

GenomicFeatures

(<http://www.bioconductor.org/packages/release/bioc/html/GenomicFeatures.html>)

RStudio: www.rstudio.com

- **Control calidad y limpieza**

FastQC (<http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>)

FASTX-Toolkit (http://hannonlab.cshl.edu/fastx_toolkit/)

Trimmomatic: <http://www.usadellab.org/cms/?page=trimmomatic>

- **Ensamblaje de novo**

Velvet: <https://www.ebi.ac.uk/~zerbino/velvet/>

SPAdes Genome Assembler | Algorithmic Biology Lab:

bioinf.spbau.ru/spades

- **Ensamblaje por referencia**

Samtools (<http://samtools.sourceforge.net/>)

BEDTools (<https://github.com/arq5x/bedtools2>) Version: 2.20.1

Bowtie (<http://bowtie-bio.sourceforge.net/index.shtml>) Version: Bowtie 1.1.0

UCSC tools (<http://hgdownload.cse.ucsc.edu/admin/exe/>)

IGV genome browser (<http://www.broadinstitute.org/igv/>)

- **Cierre del genoma**

Tophat (<http://ccb.jhu.edu/software/tophat/index.shtml>)

Cufflinks (<http://cufflinks.cbc.umd.edu/>)

bedGraphToBigWig command from the UCSC tools:

<http://hgdownload.cse.ucsc.edu/admin/exe/>

htseq-count: <http://www-huber.embl.de/users/anders/HTSeq/doc/count.html>

- **Anotación Funcional y Estructural**

PFAM: desde el link <ftp://ftp.ebi.ac.uk/pub/databases/Pfam/releases/Pfam28.0/>

MACS (<http://liulab.dfci.harvard.edu/MACS/index.html>) Version: Macs 1.4.2

PeakAnalyzer (<http://www.ebi.ac.uk/bertone/software>)

MEME suite (<http://ebi.edu.au/ftp/software/MEME/index.html>) Version: 4.9.1

SICER (home.gwu.edu/~wpeng/Software.htm)

ngsplot (<http://code.google.com/p/ngsplot>) Version: 2.41.2

RAST: <http://rast.nmpdr.org/>

4. Conclusiones y Proyecciones de aplicación en ESPOL

El entrenamiento permitió que la suscrita realizará análisis requeridos para comprender una parte importante en lo que ocurre en los genomas de las bacterias probióticas, orientándome en investigar los mecanismos moleculares funcionales presentes en las bacterias que son utilizadas para controlar enfermedades emergentes en camarón, esto con el fin de conducir un análisis más extenso y contribuir al desarrollo de estrategias para combatir distintos agentes infecciosos de alta prevalencia en Ecuador. Para obtener estos resultados, nos apoyamos en herramientas avanzadas para el desarrollo de la investigación. Además, éste curso permitió que la suscrita se instruyera en el análisis de datos obtenidos con tecnologías de secuenciación de nueva generación (NGS), los cuales van a ser de gran utilidad para los estudios posteriores que se desarrollaran a lo largo del proyecto del SENESCYT mencionado previamente. Como resultado de las actividades que desarrollaron en esta estancia, se elaborará un artículo de peer review: "Análisis y caracterización del genoma de una bacteria probiótica, implicaciones en el tratamiento de enfermedades emergentes en Ecuador". La publicación se realizará en forma conjunta entre CENAIM y el Laboratorio de Biología Computacional de la Universidad de los Andes. La experticia que se adquirió en el uso de herramientas bioinformáticas permitirá instaurar e implementar el uso de todos los softwares necesarios para los análisis de datos ómicos en el servidor de alto rendimiento que se adquirió en el marco del proyecto SENESCYT para el desarrollo de los mismos.

Aprobación del informe

Autorizo

Leda Restrepo C.
MsC. Leda Restrepo Cardona

Bonny Bayot
Bonny Bayot A. PhD.
Directora del Proyecto