

QUILMES, 30 NOV 2007

VISTO el Expediente N° 827-0708/07, y

CONSIDERANDO:

Que por el citado Expediente la Secretaría de Posgrado de la Universidad tramita el curso de doctorado denominado "Bioinformática estructural de Proteínas".

Que a través de la Resolución (CS) N° 283/05, se aprueba el Reglamento de Cursos y Seminarios de Posgrado de la Universidad.

Que el mencionado curso constituye un aporte relevante a la formación de posgrado en las especialidades involucradas.

Que los antecedentes académicos y profesionales de los docentes a cargo del dictado del mismo, garantizan calidad y solvencia en el desarrollo de los contenidos especificados.

Que la evaluación del citado curso ha cumplido con los requisitos estipulados en el Art. 6° del Reglamento de Cursos y Seminarios de Posgrado de esta Casa de Altos Estudios.

Que la presente se dicta en virtud de las atribuciones conferidas al Rector por el Art. 72° del Estatuto Universitario.

Por ello,

EL RECTOR DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES

RESUELVE:

ARTÍCULO 1º: Aprobar el dictado del curso de doctorado denominado "Bioinformática estructural de Proteínas", cuyo programa y características generales se detallan en el Anexo I de la presente Resolución.

ARTÍCULO 2º: Designar como docentes expositores para el dictado del curso a los Dres. Gustavo Parisi, María Silvina Fornasari y como colaboradores docentes a los Licenciados Nicolás Palopoli, Ezequiel Jurita y Virginia González.

ARTÍCULO 3º: Disponer que el curso tenga una duración total de cuarenta (40) horas y que pueda dictarse hasta el Ciclo Lectivo 2009.



00884



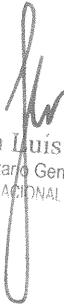
Universidad
Nacional
de Quilmes

ARTÍCULO 4º: Establecer un cupo máximo de quince (15) alumnos, y en el caso que los postulantes excedan esa cifra, el docente a cargo realizará la selección correspondiente.

UNQ
64
7
M

ARTÍCULO 5º: Regístrese, practíquense las comunicaciones de estilo y archívese.

RESOLUCIÓN (R) N°: 0 0 8 8 4


Arq. Juan Luis Merega
Secretario General
UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES


Daniel E. Gomez
Rector
UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES

ANEXO I

Título del Curso de Doctorado: "Bioinformática Estructural de Proteínas".

Lugar de Realización: UNQ - Roque Sáenz Peña 352, Bernal.

Docentes Expositores: Dres. Gustavo Parisi, María Silvana Fornasari.

Colaboradores docentes: Licenciados Nicolas Palopoli, Ezequiel Juritz y Virginia González.

Carga horaria: 40 hs.

Fecha de realización: año 2007 con aprobación hasta el 2009.

Destinatarios: graduados en Biotecnología, Bioquímica, Biología y carreras afines.

Objetivos: Integrar el estudio de distintas propiedades de las proteínas como son su secuencia, estructura, dinámica, función y evolución desde un punto de vista computacional.

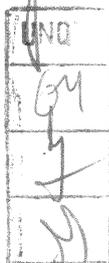
Contenidos:

Unidad 1:

Teoría: Estructura de proteínas. Descripción del estado nativo. Relación estructura-función. Información derivada de la estructura. Alineamiento de estructuras proteicas. Métodos computacionales para el estudio de la dinámica de proteínas. Bases de datos estructurales y de movimientos proteicos.

Práctico Computacional: Uso de bases de datos estructurales y dinámicas. Uso de programas de visualización de estructuras. Determinación de contactos proteína-proteína, proteína-ligando. Alineamiento estructural y dinámico. Búsqueda de similitud estructural.

Programas y/o bases de datos a usar: CATH, SCOP. DBAli. HSSP. Mammoth, Superpose, Multiprot y FATCAT. Weblab y Pymol. CSU y LPC.



Unidad 2:

Teoría: Alineamiento de secuencias. Alineamiento local y global. Algoritmos. Evaluación y calidad de los alineamientos. Definición de *Profiles* y su uso. *Patterns*. *Hidden Markov models*. Búsqueda de similitud secuencial (secuencia-secuencia, secuencia-profile y profile-profile). Asignación de dominios.

Práctico Computacional: Bases de datos, secuenciales, de familias, de dominios y especiales. Búsquedas de similitud secuencial. Alineamiento secuencial y secuencia-estructura. Alineamientos usando *profiles*.

Programas y/o bases de datos a usar: BLAST, PSIBLAST y HMMER. PRODOM. CDHIT. CLUSTALX, TCOFEE y Kalign.

Unidad 3:

Teoría: Predicción de estructura secundaria, terciaria y cuaternaria de proteínas. Pasos en el modelado estructural por homología. Predicción de estructura por cálculos *ab initio*. Métodos de evaluación de modelos. Refinamiento de modelos estructurales. *Threading*.

Práctico Computacional: Modelado por homología y evaluación de modelos por métodos energéticos, estructurales y evolutivos.

Programas y/o bases de datos a usar: SOPMA, PHDpredict, FFAS03, Modeller, PHYRE. PROSAIL, Verify3D, SCPE.

Unidad 4:

Teoría: Evolución de proteínas. Modelos de evolución molecular. Modelos de DNA, proteínas y codones. Velocidad de sustitución. Factores que afectan la velocidad de sustitución. Métodos de estimación filogenética. Teoría del reloj molecular.

Práctico Computacional: Selección de modelos evolutivos. Estimación filogenética por máxima verosimilitud. Evaluación de los árboles obtenidos.

Programas y/o bases de datos a usar: HYPHY, Phylml, Treeview.

Unidad 5:

Teoría: Secuencia-estructura-función de proteínas y su relación con la evolución molecular. Predicción de sitios funcionales, de *binding* y/o estructurales por

métodos evolutivos. Integración estructural y evolutiva. Selección positiva y *rate-shift*.

Practica: Estudio integrado de la relación secuencia-estructura-función. Métodos de predicción de sitios funcionales por análisis de *rate-shift*.

Programas y/o bases de datos a usar: HYPHY, Diverge.

Bibliografía:

Bioinformatics. Sequence, structure and databanks. Edited by Des Higgins and Willie Taylor. Oxford University Press. 2000.

Bioinformatics. Genes, Proteins and Computers. Edited by Orengo CA, Jones, DT and Thornton, JM. Bios Scientific Publishers. 2003.

Structural Bioinformatics. Edited by Philip Bourne and Helge Weissig. Wiley-Liss. 2003.

Molecular Evolution. Wen-Hsiung Li. Sinauer. 1997.

Computational molecular biology. An introduction. Peter Clote and Rolf Backofen. Wiley. 2000.

Biological sequence analysis. Probabilistic models of proteins and nucleic acids. Durbin, R, Eddy, S, Krogh, A and Mitchison, G. Cambridge University Press. 1998.

Protein Evolution. Patthy, L. Blackwell Science. 1999.

Sequence-evolution-function: Computational approaches in comparative genomics. Eugene Kooning and Michael Harperin. 2003.

Introduction to bioinformatics. A theoretical and practical approach. Edited by S. Krawetz and D. Womble. Human Press.

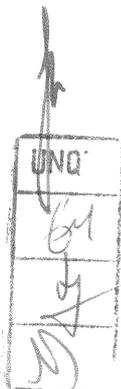
New uses for new phylogenies. Edited by Harvey, P, Brown, A, Maynard Smith, J and Nee S. Oxford.

Metodología: Teórico-práctico

Modalidad: Presencial

Requisitos de asistencia: Asistencia al 80 % del total de las clases.

Evaluación: Trabajo Final.



Certificación: Certificados de Asistencia y Aprobación de la UNQ.

Cupo máximo: 15 alumnos.

Arancel:

Arancel general de \$ 200.-

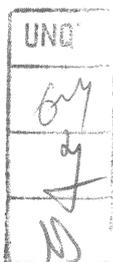
Los egresados de la Universidad están exentos del pago.

Presupuesto:

La realización del curso quedará sujeta a que la recaudación de fondos garantice la cobertura de su presupuesto.

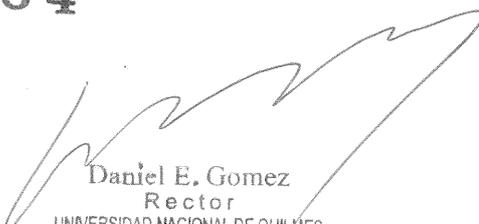
Requerimientos:

Los Currícula de los docentes constan de fojas N° 9 a 45 del Expediente N° 827-0708/07.



ANEXO RESOLUCIÓN (R) N°: **0 0 8 8 4**


Arq. Juan Luis Meregá
Secretario General
UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES


Daniel E. Gomez
Rector
UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES