

QUILMES 29 ABR 2000

VISTO el Expediente N° 827-0234/08, y

CONSIDERANDO:

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

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

ARTÍCULO 2°: Designar como docentes expositores para el dictado del curso al Dr. Pablo Daniel Ghiringhelli y a la Lic. Carolina Susana Cerrudo, y como docente invitado al Lic. Javier Iserte.

ARTÍCULO 3°: Disponer que el curso tenga una duración total de noventa (90) horas y que pueda dictarse hasta el Ciclo Lectivo 2010.



00267



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.



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

RESOLUCIÓN (R) N°: 00267

Arq. Juan Luis Merega
Secretario General
UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES

Daniel B. Gomez
Rector
UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES



Anexo I

Título del Curso de Doctorado: "Bioinformática".

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

Docentes Expositores: Dr. Pablo Daniel Ghiringhelli y Lic. Cerrudo Carolina Susana.

Docente invitado: Lic. Javier Iserte.

Carga horaria: 90hs. Teóricas 30hs. - Seminarios 20hs.- Experimental 40 hs.

Fecha de realización: año 2008 con aprobación hasta el 2010.

Destinatarios: Biotecnología, Biología, Bioquímica, Agronomía, Veterinaria, Otras carreras afines.

Objetivos:

La Bioinformática es una disciplina científica emergente que utiliza tecnología de la información para organizar, analizar y distribuir información biológica con la finalidad de responder preguntas complejas en biología. La Bioinformática es un área de investigación multidisciplinaria, la cual puede ser ampliamente definida como la interfase entre varias ciencias: Biología, Bioquímica, Biotecnología, Computación, Tecnologías de la Información, etc. Principalmente esta impulsada por la incógnita de los proyectos genoma y la promesa de una nueva era en la cual la investigación genómica puede ayudar dramáticamente a mejorar la condición y calidad de vida. Los avances en la detección y tratamiento de enfermedades, la producción de alimentos genéticamente modificados y muchos otros temas son ejemplos de los beneficios mencionados más frecuentemente. La Bioinformática involucra la solución de problemas complejos usando herramientas de sistemas y computación. También incluye la colección, organización, almacenamiento y recuperación de la información biológica que se encuentra en base de datos.

En función de lo anterior, actualmente no existe proceso biotecnológico que no involucre etapas previas y/o posteriores de análisis bioinformático. Siendo, por tanto, un conocimiento imprescindible en la actualidad.



00267



Contenidos y bibliografía:

Unidad 1 - Día 1

Teoría - P.D. Ghiringhelli

Bioinformática: consideraciones generales. Vías de acceso a la información según la problemática. Bases de datos: características, acceso y principales herramientas para la búsqueda y el análisis de genes. Los proyectos genoma y el problema del análisis e interpretación de secuencias nucleotídicas y aminoacídicas.

Práctica - C.S. Cerrudo

Acceso a las principales bases de datos. Búsqueda de genes, secuencias, estructuras y funciones.

Unidad 2 - Día 2

Teoría - P.D. Ghiringhelli

Estrategias básicas para la búsqueda de similitud entre dos o más secuencias, nucleotídicas o aminoacídicas. Principales algoritmos: métodos basados en matrices de puntos (Dot Plot), métodos basados en un análisis global (Clustal), métodos basados en un análisis local (BLAST). Ensamble de secuencias derivadas de secuenciaciones automáticas (CONTIGS).

Práctica - C.S. Cerrudo

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

Unidad 3 - Día 3

Teoría - P.D. Ghiringhelli/J.A. Iserte

Búsqueda de patrones y motivos en secuencias nucleotídicas y aminoacídicas. Principales algoritmos. Bases de datos de motivos (PROSITE, Pfam, etc.). Análisis basado en perfiles de búsqueda. Estimaciones probabilísticas y validez de los resultados. Una aproximación a la predicción de posibles funciones biológicas de una secuencia nucleotídica o aminoacídica.

Práctica - C.S. Cerrudo

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

Unidad 4 - Día 4

Teoría - P.D. Ghiringhelli

La teoría de la información: conceptos básicos. La teoría de la información y el análisis de secuencias. Complejidad informativa (entropía) global y local. Análisis de secuencias basado en aspectos informativos. Herramientas para el análisis individual y múltiple. Aplicaciones prácticas: logos de secuencias, diseño de primers basado en complejidad informativa.

Práctica - C.S. Cerrudo

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

Unidad 5 - Día 5

Teoría - P.D. Ghiringhelli

Análisis de secuencias basado en aspectos composicionales. Abundancia relativa de oligonucleótidos cortos (Genomic Signature). Frecuencias nucleotídicas y aminoacídicas. Uso de codones.

Práctica - C.S. Cerrudo

[Handwritten signatures and a stamp]



Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

Unidad 6 - Día 6

Teoría - P.D. Ghiringhelli

La filogenia basada en secuencias nucleotídicas o aminoacídicas. El problema del análisis filogenético basado en segmentos de secuencias. PHYLIP (Phylogeny Inference Package), criterios para el análisis e interpretación de resultados. La filogenia y el criterio de Total Evidence.

Práctica - C.S. Cerrudo

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

Unidad 7 - Día 7

Teoría - P.D. Ghiringhelli

La predicción de estructuras secundarias en ácidos nucleicos. Principales criterios y algoritmos (FOLD, MULFOLD, RNADraw). La predicción de estructuras óptimas y subóptimas. Análisis comparativo de patrones de plegamiento entre las formas óptimas y subóptimas. Validez de los resultados.

Práctica - C.S. Cerrudo

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

Unidad 8 - Día 8

Teoría - P.D. Ghiringhelli

El análisis de secuencias y la predicción de estructuras secundarias en proteínas. Análisis y predicción de propiedades fisicoquímicas relacionadas con la estructura. Principales criterios y algoritmos (hidropatía, anfipaticidad, etc.). Predicción de estructuras secundarias (SCOP, CATH, Jpred 2, etc.). Validez de los resultados. Modelado molecular de proteínas (homology modelling, molecular threading, folding recognition, etc.).

Práctica - C.S. Cerrudo

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

Unidad 9 - Día 9

Teoría - P.D. Ghiringhelli

Genómica funcional: proteomas, transcriptomas, regulomas. Generación de datos. Bases de datos y herramientas de análisis.

Práctica - C.S. Cerrudo

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

Día 10

Repaso, consultas y evaluación final.

Bibliografía principal

Sequence analysis primer. M. Gribskov and J. Deveraux. 1991. UWBC Biotechnical Resource Series. Stockton Press. New York. USA.

Molecular evolution: Computer analysis of protein and nucleic acid sequences. R. F. Doolittle. 1990. Methods in Enzymology, volume 183. Academic Press. California. USA.

Computer Methods for Macromolecular Sequence Analysis. R. F. Doolittle. 1996. Methods in Enzymology, volume 266. Academic Press. California. USA.

00267



Bioinformatics. Methods and Protocols. S. Misener and S.A. Krawetz. 1999. Humana Press. New Jersey, USA.

Computational Methods in Molecular Biology. Salzberg S.L., Searls D.B. and Kasif S. 1998. Elsevier Science. USA.

Theoretical and Computational Methods in Genome Research. Suhai. 1998. Kluwer Academic Publishers. USA.

Apuntes de la asignatura.

INTERNET.

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: 20 alumnos.

Arancel:

Arancel general de \$ 300.-

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 7 a 19 del Expediente N° 827-0234/08.



ANEXO DE RESOLUCIÓN (R) N°:

00267

Arq. Juan Luis Merega
Secretario General
UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES

Daniel E. Gomez
Rector
UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES