

QUILMES, 7 ABR 2010

VISTO el Expediente N° 827-1505/09, y

CONSIDERANDO:

Que por el citado Expediente se tramita la aprobación del 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 esta Casa de Altos Estudios.

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:**

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

ARTICULO 2°: Designar como docentes expositores para el dictado del curso al Dr. Pablo Daniel Ghiringhelli, a la Lic. Carolina Susana Cerrudo y a la Lic. Cristina Borio.

ARTICULO 3°: Disponer que el curso tendrá una duración total de 90 horas y que se podrá dictar hasta el ciclo lectivo 2012.



00242



ARTICULO 4º: Establecer un cupo máximo de 20 alumnos. En el caso que los postulantes excedan esa cifra, el docente a cargo realizará la selección correspondiente.

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



RESOLUCION (R) Nº: 00242

Mg. Alfredo Alfonso  
Secretario General  
UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES

Gustavo Eduardo Lugones  
Rector  
Universidad Nacional de Quilmes

## ANEXO

Título del Curso de Doctorado: "Bioinformática".

Lugar de Realización: Universidad Nacional de Quilmes - Roque Sáenz Peña 352, Bernal.

Docentes Expositores: Dr. Pablo Daniel Ghiringhelli, Lic. Carolina Susana Cerrudo, Lic. Cristina Silvia Borio.

Carga horaria: 90 horas distribuidas en:

- Teóricas: 30 horas.
- Seminarios: 20 horas.
- Experimental: 40 horas.

Fecha de realización: año 2010 con aprobación hasta el ciclo lectivo 2012.

Destinatarios: Graduados en Biotecnología, Biología, Bioquímica, Agronomía, Veterinaria y carreras afines.

Nota: los candidatos deberán enviar conjuntamente con la solicitud de inscripción, sus Curriculum Vitae y una nota donde indiquen el temario de trabajo y manifiesten los motivos de la importancia de tomar el presente curso. Estos elementos sólo serán utilizados como criterios de selección, si existiesen más postulantes que el cupo disponible.

Objetivos:

Desarrollar las capacidades cognitivas y analíticas necesarias para utilizar adecuadamente las herramientas básicas de la Bioinformática para el análisis, interpretación y uso de la información molecular de origen biológico.

Importancia académica

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.

Contenidos y bibliografía:

Unidad 1

Teoría

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

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

Unidad 2

Teoría

00242



Estrategias básicas para la búsqueda de similitud entre dos o más secuencias, nucleotídicas o aminoacídicas. Métodos basados en matrices de puntos (Dot Plot). Métodos basados en programación dinámica. Principales algoritmos: Needleman-Wunsch y Smith-Waterman. Métodos basados en un análisis local (BLAST) y métodos basados en un análisis global (Clustal). Ensamble de secuencias derivadas de secuenciaciones automáticas (CONTIGS). Estrategias de mostración de resultados.

#### Práctica

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

### Unidad 3

#### Teoría

Búsqueda de patrones y motivos en secuencias nucleotídicas y aminoacídicas. Principales algoritmos. Bases de datos de motivos (PROSITE, Pfam, etc.). Análisis basados en cadenas de texto (strings). Análisis basados en perfiles de búsqueda (profiles). Análisis basados en modelos ocultos de Markow (HMM). Estimaciones probabilísticas y validez de los resultados. Una aproximación a la predicción de posibles funciones biológicas de una secuencia nucleotídica o aminoacídica. Minería de datos (datamining) Estrategias de mostración de resultados.

#### Práctica

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

### Unidad 4

#### Teoría

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. Estrategias de mostración de resultados.

#### Práctica

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.



## Unidad 5

### Teoría

Análisis de secuencias nucleotídicas y aminoacídicas basado en aspectos composicionales. Frecuencias de residuos (nucleótidos o aminoácidos), distintos tipos de aproximaciones. Abundancia relativa de oligonucleótidos cortos (Genomic Signature). Abundancia vs Frecuencia. Uso de codones. Asimetría composicional en genomas, alternativas de análisis. Estrategias de mostración de resultados.

### Práctica

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

## Unidad 6

### Teoría

La filogenia basada en secuencias nucleotídicas o aminoacídicas. El problema del análisis filogenético basado en segmentos de secuencias. Evolución molecular: filogenia y mecanismos de transferencia de material genético. Micro y Macroevolución. Principales programas relacionados con la inferencia filogenética: PHYLIP (Phylogeny Inference Package) y MEGA4; criterios para el análisis e interpretación de resultados. Comparación de árboles filogenéticos (Component). Filogenómica. La filogenia y el criterio de Total Evidence. Estrategias de mostración de resultados.

### Práctica

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

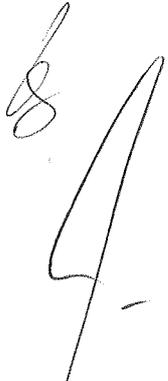
## Unidad 7

### Teoría

La filogenia basada en secuencias nucleotídicas o aminoacídicas. El problema del análisis filogenético basado en segmentos de secuencias. Evolución molecular: filogenia y mecanismos de transferencia de material genético. Micro y Macroevolución. Principales programas relacionados con la inferencia filogenética: PHYLIP (Phylogeny Inference Package) y MEGA4; criterios para el análisis e interpretación de resultados. Comparación de árboles filogenéticos (Component). Filogenómica. La filogenia y el criterio de Total Evidence. Estrategias de mostración de resultados.

### Práctica

00242



UNQ
MJA
ca

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

## Unidad 8

### Teoría

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 (Jpred3, etc.). Validez de los resultados. Aproximaciones a la predicción de estructura terciaria en proteínas (homology modelling, molecular threading, folding recognition, etc.). Estrategias de mostración de resultados.

### Práctica

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

## Unidad 9

### Teoría

Genómica funcional: genomas, proteomas, transcriptomas, regulomas, etc. Generación de datos. Bases de datos y herramientas de análisis. Metodologías adicionales relacionadas con proteómica.

### Práctica

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

## Unidad 10

Repaso, consultas y evaluación final.

### Bibliografía principal

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

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

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

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

**Computational Molecular Biology: An Introduction.** Peter Clote. 2000. Editor-in-Chief Simon Levin. Wiley series in Mathematical and Computational Biology. John Wiley & Sons. Inc. New York, USA.

**Genomics, gene expression and DNA arrays.** David J. Lockhart & Elizabeth A. Winzeler. 2000. Nature 405, 827-835

**Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins.** 2ND

Edition. A.D. Baxevanis and B.F. Francis Ouellette. 2001. Methods of Biochemical Analysis Volume 43. John Wiley & Sons, Inc. New York, USA.

**Developing Bioinformatics Computer Skills.** Cynthia Gibas and Per Jambeck. 2001. O'Reilly & Associates, Inc. Sebastopol, CA, USA

**Bioinformatics Computing.** Bryan Bergeron. 2002. Prentice Hall PTR

**Data Analysis in Molecular Biology and Evolution.** Xuhua Xia. 2002. Kluwer Academic Publishers. New York, USA.

**Bioinformatics: sequence and genome analysis.** Davis W. Mount. 2003. Cold Spring Harbor Laboratory Press.

**Algebraic Statistics for Computational Biology.** Lior Pachter and Bernd Sturmfels. 2005. Edited by Lior Pachter and Bernd Sturmfels. Berkeley, California, USA.

Publicaciones científicas del área.

Apuntes de la asignatura.

INTERNET.

Metodología: Teórico-práctico

Modalidad: Presencial

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

00242

Evaluación: Trabajo Final.

Certificación: Certificados de Asistencia y Aprobación de la Universidad Nacional de Quilmes.

Cupo máximo: 20 alumnos.

Arancel:

- General: \$ 450,00.
- Comunidad Universidad Nacional de Quilmes (Graduados de esta Casa, docentes y personal administrativo y de servicios): \$225,00.
- Alumnos de Doctorado y/o Maestrías Universidad Nacional de Quilmes: exentos de pago.

Presupuesto:

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



Requerimientos:

Los currículos de los docentes constan de fs. 8 a 25 del Expediente N° 827-1505/09.

ANEXO RESOLUCIÓN (R) N°: **00242**

Mg. Alfredo Alfonso  
Secretario General  
UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES

Gustavo Eduardo Liguones  
Rector  
Universidad Nacional de Quilmes