

QUILMES, 28 MAY. 2012

VISTO el Expediente N° 827-0694/12, y

CONSIDERANDO:

Que mediante el citado Expediente se tramita la aprobación del Curso de Doctorado denominado "Bioinformática".

Que por 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. 15° del Reglamento de Cursos y Seminarios de Posgrado de esta Casa de Altos Estudios.

Que mediante Resolución (CS) N° 797/11, y sus modificatorias, se aprueba el Presupuesto correspondiente al Ejercicio 2012.

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

Por ello,

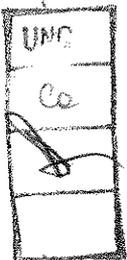
EL RECTOR DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES

RESUELVE:

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

ARTICULO 2º: Designar como docentes expositores para el dictado del curso al Dr. Pablo Daniel Ghiringhelli, a la Lic. Carolina Susana Cerrudo, a la Lic. Solange A. B. Miele y al Lic. Matías Garavaglia.

00437



ARTICULO 3º: El gasto autorizado en la presente deberá imputarse a las Partidas que correspondan, Dependencia 004.000, Fuente 12, Programa 04.03.00.04, Presupuesto 2012, Organización Funcional por Programas.

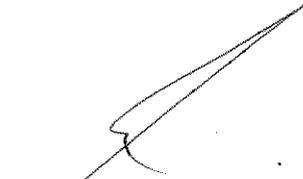
ARTICULO 4º: Disponer que el curso tendrá una duración total de 90 horas y que se podrá dictar hasta el ciclo lectivo 2014.

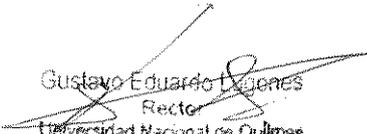
ARTICULO 5º: Establecer un cupo máximo de 20 alumnos. En el caso que la cantidad de postulantes excedan esa cifra, el docente a cargo realizará la selección correspondiente.

ARTICULO 6º: Regístrese, practíquense las comunicaciones de estilo y archívese.



RESOLUCION (R) N°: 00437


Mg. Alfredo Alfonso
Secretario General
UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES


Gustavo Eduardo Degenes
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. Solange A. B. Miele y Lic. Matías Garavaglia.

Carga horaria: 90hs. Totales, de las cuales serán 30hs. teóricas, Seminarios 20hs, y Experimental 40 hs.

Fecha de realización: año 2012 con aprobación hasta el 2014.

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

Nota: los candidatos deben enviar, junto con la solicitud de inscripción, el CV y una nota donde indiquen su tema de trabajo y expliquen la importancia de tomar el curso. Estos elementos serán utilizados como criterios de selección si hay 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:

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.

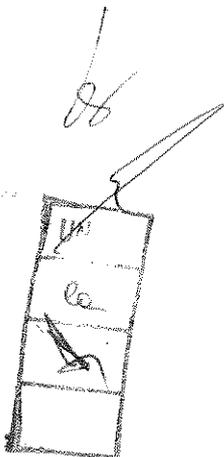
Práctica

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

Unidad 2

Teoría

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.

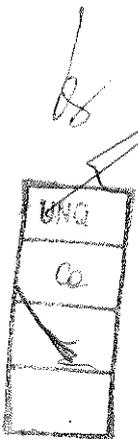
Práctica

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



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.

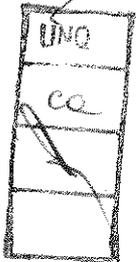
Bibliografía principal:

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.

Evaluación: Trabajo Final.

Certificación: Certificados de Asistencia y Aprobación de la UNQ.

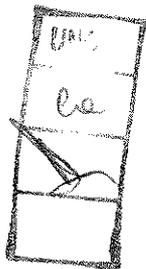
Cupo máximo: 20 alumnos.

Arancel:

Arancel general de \$ 900. Comunidad UNQ (graduados de la Universidad Nacional de Quilmes, docentes y personal administrativo y de servicios) \$450. Alumnos de Doctorado, Maestrías y Especialización UNQ exentos de pago.

Presupuesto:

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



Requerimientos:

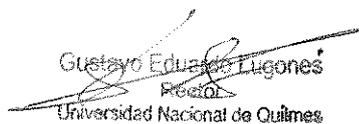
Los currículos de los docentes lucen de fs. 14 a 40 del Expediente citado en el Visto.

ANEXO RESOLUCIÓN (R) N°:

00437



Mg. Alfredo Alfonso
Secretario General
UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES



Gustavo Eduardo Lugones
Rector
Universidad Nacional de Quilmes