



VISTO el Expediente N° 827-1728/12, y

CONSIDERANDO:

Que por el citado Expediente se tramita la aprobación del curso de Doctorado denominado "Bioinformática 2013".

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

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 Artículo 15 del Reglamento mencionado.

Que mediante Resolución (CS) N° 552/12 y su modificatoria se aprueba el Presupuesto correspondiente al Ejercicio 2013.

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 2013", cuyo programa y características generales se detallan en el Anexo de la presente Resolución.

ARTICULO 2º: Designar como docente expositores al Dr. Pablo Daniel Ghringhelli, a la Dra. Carolina Susana Cerrudo, a la Lic. Solange Ana Belén Miele y al Lic. Matías Javier Garavaglia.

ARTICULO 3º: Disponer que el curso tendrá una duración total de noventa (90)



Universidad
Nacional
de Quilmes

horas y que se podrá dictar hasta el ciclo lectivo 2014.

ARTICULO 4º: Establecer un cupo máximo de veinte (20) alumnos. En el caso que la cantidad de postulantes excedan esa cifra, los docentes a cargo realizarán la selección correspondiente.

ARTICULO 5º: Aprobar el ingreso de los fondos que se generen por el dictado del curso de Doctorado "Bioinformática 2013".

ARTICULO 6º: Encomendar a la Secretaria de Posgrado la administración de los fondos ingresados, pudiendo erogar lo recaudado en aquellos conceptos vinculados a la realización del curso.

ARTICULO 7º: El gasto autorizado en la presente Resolución deberá imputarse a las Partidas y Dependencias que correspondan, Presupuesto 2013, Organización Funcional por Programas.

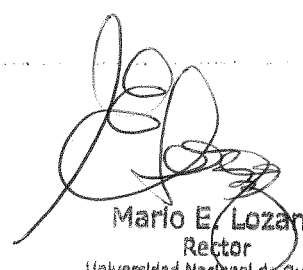
ARTICULO 8º: Regístrese, practíquense las comunicaciones de estilo y archívese.

RESOLUCIÓN (R) N°:

- 00565



Mg. Alfredo Alfonso
Secretario General
UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES



Mario E. Lozano
Rector
Universidad Nacional de Quilmes



Universidad
Nacional
de Quilmes

ANEXO

Título del Curso de Doctorado: "Bioinformática 2013".

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

Docentes Expositores: Dr. Pablo Daniel Ghiringhelli, Dra. Carolina Susana Cerrudo, Lic. Solange A. B. Miele y Lic. Matías J. Garavaglia.

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

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

Destinatarios: Biotecnología, Biología, Bioquímica, Agronomía, Veterinaria, 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.

-00565



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 - Día 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 - Día 2

Teoría

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

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

Unidad 3 - Día 3

Teoría

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

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

Unidad 4 - Día 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.

Práctica

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

Unidad 5 - Día 5

Teoría



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

Práctica

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

Unidad 6 - Día 6

Teoría

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

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

Unidad 7 - Día 7

Teoría

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

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

Unidad 8 - Día 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 (SCOP, CATH, Jpred 2, etc.). Validez de los resultados. Modelado molecular de proteínas (homology modelling, molecular threading, folding recognition, etc.).

Práctica

Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

Unidad 9 - Día 9

Teoría

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

Práctica Análisis de ejemplos específicos en servidores locales e internacionales.

Día 10

Repaso, consultas y evaluación final.

Bibliografía principal

Bibliografía principal

Molecular evolution: Computer analysis of protein and nucleic acid sequences. R.

F. Doolittle.



Universidad
Nacional
de Quilmes

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

-00565

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.

BIOINFORMÁTICA

Niveles de información. Acceso remoto a bancos de datos, algoritmos de búsqueda.

Bancos de datos genéticos. Análisis de secuencias biológicas. Identidades y similitudes secuenciales y estructurales. Minería de datos (data mining): búsqueda de patrones y motivos. Teoría de la información y su aplicación al estudio de las secuencias biológicas. Aspectos composicionales en ácidos nucleicos y proteínas. Evolución molecular: filogenia y mecanismos de transferencia de material genético.

Micro y Macroevolución. Predicción de la estructura secundaria en ácidos nucleicos.

Predicción de la estructura secundaria en proteínas. Aproximaciones a la predicción de estructura terciaria en proteínas: modelado por homología (homology modelling), etc.

Metodologías relacionadas con proteómica.

Metodología: Teórico-práctico

Modalidad: Presencial

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

Evaluación: Seminarios, examen



Universidad
Nacional
de Quilmes

Certificación: Certificados de Asistencia y Aprobación de la UNQ.

Cupo máximo: 20 alumnos.

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 a fojas N° 9-32 del Expediente N° 827-1728/12.

ANEXO DE RESOLUCIÓN (R) N°:

000563

Mg. Alfredo Alfonso
Secretaría General
UNIVERSIDAD NACIONAL DE QUILMES

Mario E. Lozano
Rector
Universidad Nacional de Quilmes