



1821 Universidad de Buenos Aires

Resolución Consejo Directivo

Número:

Referencia: EX-2022-04635387- -UBA-DMESA#FCEN - POSTGRADO - Sesión
26/05/2025

VISTO:

La nota presentada por la Dirección del Departamento de Química Biológica, mediante la cual eleva la información del curso de posgrado **Bioinformática** (DOC8800065) para el año 2025,

CONSIDERANDO:

lo actuado por la Comisión de Doctorado,

lo actuado por la Comisión de Presupuesto y Administración,

lo actuado por este Cuerpo en la sesión realizada el día 26 de mayo de 2025,

en uso de las atribuciones que le confiere el Artículo 113° del Estatuto Universitario,

**EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD
DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES**

R E S U E L V E:

ARTÍCULO 1º: Aprobar el dictado del curso de posgrado **Bioinformática** (DOC8800065) de 160 horas de duración, que será dictado por los Dres. Adrián Turjanski y Dario Fernandez DoPorto, con la colaboración del JTP Ernesto Roman.

ARTÍCULO 2º: Aprobar el programa del curso de posgrado **Bioinformática** (DOC8800065) que como anexo forma parte de la presente Resolución, para su dictado en el primer cuatrimestre de 2025.

ARTÍCULO 3º: Aprobar un puntaje máximo de cinco (5) puntos para la Carrera de Doctorado.

ARTÍCULO 4º: Establecer un arancel de **CATEGORÍA ALTA**, estableciendo que dicho arancel estará sujeto a los descuentos y exenciones estipulados mediante la Resolución CD N.º 1072/19. Disponer que los fondos recaudados ingresen en la cuenta presupuestaria habilitada para tal fin, y sean utilizados de acuerdo a la Resolución 072/03.

ARTÍCULO 5º: Disponer que, de no mediar modificaciones en el programa, la carga horaria y el arancel, el presente Curso de Posgrado tendrá una vigencia de cinco (5) años a partir de la fecha de la presente Resolución.

ARTÍCULO 6º: Comuníquese a todos los Departamentos Docentes, a la Dirección de Estudiantes y Graduados, a la Dirección de Movimiento de Fondos, a la Dirección de Presupuesto y Contabilidad, a la Biblioteca de la FCEyN y a la Secretaría de Posgrado con copia del programa incluida. Cumplido, pase QBIOLÓGICA#FCEN y resérvese.

ANEXO

PROGRAMA

Bases de datos Primarias.

Definición de bases de datos primarias. Visión histórica de la creación de las mismas. Funcionamiento de las Bases de datos: índices, campos, métodos de búsqueda. Bases de datos de proteínas. Bases de datos de ADN. Ejemplos de bases de datos primarias: Genebank, EMBL, Swiss-Prot, TrEMBL, PDB.

Análisis de secuencias.

Introducción de probabilidad y estadística. Alineamiento global por pares. Alineamiento Múltiple. Generación de Matrices de score (BLOSUM, PAM). Dot-Plot. Programación dinámica. Programas de alineamiento: BLAST. FASTA. Búsquedas en bases de datos por similitud de secuencia. Patrones de secuencias y perfiles. Filogenia molecular. PSI-BLAST, PHI-BLAST, Mega-Blast.

Bases de datos Secundarias.

Definición de bases de datos secundarias. Construcción de bases de secundarias. El problema de los falsos positivos/negativos. Modelos ocultos de Markov. Ejemplos de bases de Datos secundarias: Pfam, Gene-Ontology, UniProt, PRINTS, ProSite. Algoritmos, complejidad y heurísticas. Diseño y mantenimiento de bases de Datos secundarias.

Análisis Bioinformático de Genomas.

Ensamblado y anotación de genomas, predicción de genes, Bidireccional best Hits y Iterative redictive Blast. Base de datos de Genomas. Mapeo físico de genes. Uso de Genome Browsers (NCBI), Ensembl y Galaxy. Comparación de Genomas. Análisis Bioinformático de datos high-throughput de microarreglos (MicroArrays). Introducción a los MicroArrays, Análisis estadístico de significancia de los datos, Análisis de expresión por MicroArrays, definición de estado, proteoma y metaboloma), MicroArrays específicos sobre splicing alternativo (exón, arrays, splicing sensitive arrays), MicroArrays de Glicómica.

Metagenómica y Metabolómica.

Introducción a la metagenómica, secuenciación de próxima generación. Anotación y

análisis de metagenomas. Introducción a la Metabolómica, análisis de vías y estados metabólicos. Uso de Base de datos KEGG.

Bionformática Estructural.

Repaso de Estructura de Proteínas. Predicción de estructura secundaria, DSSP. Análisis bioinformático de estructuras, alineamiento estructural. Predicción de estructura terciaria. Threading. Modelado comparativo. Métodos ab-initio. Búsqueda de motivos estructurales.

Interacciones entre biomoléculas.

Bases moleculares de reconocimiento específico. Interacción proteína-proteína. Interacción proteína-ADN. Interacción droga-proteína. Predicción de interacciones. Predicción de estructuras. Monte Carlo. Algoritmos genéticos. Docking. Clustering. Métodos evolutivos. Bases de datos de interacciones. BIND. DIP.CAPRI.

Actividades Prácticas

Bases de datos Primarias: Bases de datos Primarias: Sitios Populares de Bioninformática, Búsquedas en bases de datos: el NCBI y entrez, Análisis de registros.

Gene-Ontology.

Alineamiento I: Alineamiento de Secuencias: Dot-plot. Alineamiento, Búsqueda en base de datos por BLAST. Alineamiento Múltiple. Construcción de Árboles Filogenéticos (Caso real Kinasas). Búsqueda y uso de bases de datos secundarias:

PFAM.

Alineamiento II: Programación de un algoritmo de alineamiento, análisis y generación de las matrices de scoring.

Bases de datos Secundarias: Búsquedas y navegación en PFAM, Prosite, construcción de patrones, interrelación entre las bases.

Predicción de genes: Algoritmos de predicción de genes, Glimmer, Blast-Extended Repraze. Determinación de la calidad y confianza de la predicción.

Análisis y anotación de genomas: Estudio de los mapas físicos de genomas (Genome

Browser del NCBI), ensamblado y anotación de genomas.

Análisis de resultados de microarreglos: Análisis de resultados de microarreglos de

expresión, significancia de los datos, asociación a estados metabólicos según KEGG.

Estructura de proteínas: Manejo de programas de visualización. Visualización de estructuras de proteínas. Análisis de motivos. Análisis de interacciones entre biomoléculas. Uso del PDB, Entrez y PDB.

Predicción de estructura de proteínas: Modelado Comparativo. Uso de Modeller.

Ejemplos puntuales. Análisis por What-Check.

Interacción proteína-ligando: Docking proteína ligando: (Caso real inhibición Kinasas).

Comparación de algoritmo.

BIBLIOGRAFÍA

Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. Andreas D. Baxevanis, B. F. Francis Ouellette.

Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. David W. Mount.

Structural Bioinformatics (Methods of Biochemical Analysis, V. 44). Philip E. Bourne, Helge Weissig

Developing Bioinformatics Computer Skills. Cynthia Gibas, Per Jambeck.

Statistical Methods in Bioinformatics. Warren J. Ewens, Gregory R. Grant.

Protein Structure Prediction - A Practical Approach, M. J. E. Sternberg editor, Oxford University Press, 1996.

Introduction to Protein Structure, C. Branden and J. Tooze Garland Publishing, Inc. New York and London, 1999.