



*1821 Universidad de Buenos Aires*

## **Resolución Consejo Directivo**

**Número:**

**Referencia:** EX-2022-02030706- -UBA-DMESA#FCEN Aprobada en sesión del día 4/4/22

---

VISTO

La nota presentada por la Subcomisión de Doctorado del Departamento de Computación, mediante la cual eleva la información del curso de posgrado Tópicos sobre Algoritmos de Análisis de Secuencias Biológicas para el año 2022,

CONSIDERANDO

Lo actuado por la Comisión de Doctorado,

Lo actuado por la Comisión de Posgrado,

Lo actuado por este Cuerpo en la sesión realizada en el día de la fecha,

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

## RESUELVE:

ARTÍCULO 1º: Aprobar el nuevo curso de posgrado Tópicos sobre Algoritmos de Análisis de Secuencias Biológicas de 40 horas de duración, que será dictado por el Dr. Guillermo Turjanski.

ARTÍCULO 2º: Aprobar el programa del curso de posgrado Tópicos sobre Algoritmos de Análisis de Secuencias Biológicas, que como anexo forma parte de la presente Resolución, para su dictado durante el primer cuatrimestre de 2022.

ARTÍCULO 3º: Aprobar un puntaje máximo de dos (2) puntos para la Carrera del Doctorado.

ARTÍCULO 4º: Disponer que de no mediar modificaciones en el programa y la carga horaria, el presente Curso de Posgrado tendrá una vigencia de cinco (5) años a partir de la fecha de la presente Resolución.

ARTÍCULO 5º: Comuníquese a todos los Departamentos Docentes, a la Dirección de Estudiantes y Graduados, a la Biblioteca de la FCEyN y a la Secretaría de Posgrado con copia del programa incluida. Cumplido pase a guarda temporal.

ANEXO

PROGRAMA

Tópicos sobre Algoritmos de Análisis de Secuencias Biológicas

El curso cubrirá algunos de los algoritmos más utilizados en la bioinformática para el análisis de secuencias biológicas. Se hará hincapié en la aplicación de los algoritmos en términos de programas computacionales. Durante el curso serán presentados y analizados problemas biológicos vinculados al análisis de secuencias biológicas, con el propósito de poner de relieve los puntos fuertes y débiles de los diferentes algoritmos que atacan dichos problemas. Se cubrirán los siguientes temas:

#### Algoritmos de ensamblado

- \* El problema biológico de la secuenciación y ensamblado de genomas
- \* Reconstrucción de cadenas a partir de sus k-meros
- \* Fuerza bruta
- \* Representación a través de grafos. Camino hamiltoniano
- \* Grafos de de Bruijn
- \* Camino Euleriano
- \* Problemas abiertos

#### Alineamiento Múltiple de Secuencias

- \* El problema de alineamiento
- \* Alineamiento de a pares
- \* Programación dinámica
- \* Métodos Iterativos
- \* Descubrimiento de Motivos

#### Búsqueda de patrones repetitivos en secuencias

- \* Repeticiones exactas maximales
- \* Repeticiones exactas súper maximales, nesteadas y no nesteadas

- \* Cubrimiento y familiaridad
- \* Búsqueda eficiente de patrones

Perfiles estadísticos para representar familias de proteínas basados en Modelos Ocultos de Markov

- \* Modelos de Markov
- \* Estados ocultos en secuencias biológicas
- \* Representación estadística de un conjunto de secuencias
- \* Algoritmo de Viterbi
- \* Probabilidad de secuencias observadas

## BIBLIOGRAFÍA:

### Libros

- Paul A. Gagnic. Algorithms in Bioinformatics: Theory and Implementation. Wiley, 2021.
- Ken Nguyen, Xuan Gu, Yi Pan. Multiple Biological Sequence Alignment: Scoring Functions, Algorithms and Evaluation. Wiley, 2016.
- Phillip Compeau. Pavel Pevzner. Bioinformatics Algorithms. An Active Learning Approach. Active Learning Publishers, 2014
- Martin Gollery. Handbook of Hidden Markov Models in Bioinformatics. CRC Press, 2008
- David W. Moun. Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis. 2nd Edition. Cold Spring Harbor, 2004.
- Dan Gusfield. Algorithms on Strings, Trees, and Sequences: Computer Science and Computational Biology. Cambridge University Press, 1997.

### Papers

- Krogh A, Brown M, Mian IS, Sjölander K, Haussler D. Hidden Markov models in computational biology. Applications to protein modeling. *J Mol Biol.* 235(5):1501-1531.(1994)
- Stephen F. Altschul, Warren Gish, Webb Miller, Eugene W. Myers, David J. Lipman, Basic local alignment search tool, *Journal of Molecular Biology*, *J Mol Biol* 215(3): 403-410. (1990)
- Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W., Lipman, D. J.. Gapped  
BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Research*, 25(17), 3389–3402. (1997)
- Thompson, J. D., Higgins, D. G., Gibson, T. J. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research*, 22(22), 4673–4680. (1994)
- Eddy, S. R. Accelerated Profile HMM Searches. *PLoS Computational Biology*, 7(10), e1002195.  
(2011)
- Zhang, W., Chen, J., Yang, Y., Tang, Y., Shang, J., Shen, B. A Practical Comparison of De Novo Genome Assembly Software Tools for Next-Generation Sequencing Technologies. *PLoS ONE*, 6(3), e17915. (2011)
- Turjanski, P.; Ferreiro, D.U."On the Natural Structure of Amino Acid Patterns in Families of Protein Sequences" *Journal of Physical Chemistry B.* 122(49):11295-11301 (2018)