



1821 Universidad de Buenos Aires

Resolución Consejo Directivo

Número:

Referencia: EX-2022-04635387- -UBA-DMESA#FCEN- POSGRADO- SESION
05/09/2022

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 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 el 5 DE SEPTIEMBRE DE 2022,

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 dictado del curso de posgrado Bioinformática (DOC8800065) de 120 horas de duración, que será dictado por los Dres. AdrianTurjanski y Marcelo Martí con la colaboración de Patricio Craig, Lautaro Álvarez DaríoFernandez Do Porto Ernesto Roman y el Lic. David Gonilski.

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 segundo cuatrimestre de 2022.

ARTÍCULO 3º: Aprobar un puntaje máximo de cuatro (4) puntos para la Carrera del Doctorado.

ARTÍCULO 4º: Establecer que le mencionado curso no será arancelado (CATEGORÍA 1).

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 Biblioteca de la FCEyN y a la Secretaría de Posgrado con copia del programa incluida. Cumplido, pase QBIOLOGICA#FCEN y resérvese.

ANEXO

Programa

Bioinformática

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. PSIBLAST, 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 predictive 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 metabólico (expresoma,
proteoma y metaboloma), MicroArrays específicos sobre splicing alternativo (exon
arrays, splicing sensitive arrays), MicroArrays de Glicómica