



1821 Universidad de Buenos Aires

Resolución Consejo Directivo

Número:

Referencia: EX-2022-03400761- -UBA-DMESA#FCEN - POSTGRADO - Sesión
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 Programación y Algoritmos en Bioinformática Avanzada para el año 2022,

CONSIDERANDO:

lo actuado por la Comisión de Doctorado,

lo actuado por la Comisión de Posgrado,

lo actuado por la Comisión de Presupuesto y Administración,

lo actuado por este Cuerpo en la sesión realizada el día 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**

R E S U E L V E:

ARTÍCULO 1º: Aprobar el nuevo curso de posgrado Programación y Algoritmos en Bioinformática Avanzada de 120 horas de duración, que será dictado por el Dr. Marcelo Martí con la colaboración de los Dres. Ernesto Roman y Darío Fernández Do Porto.

ARTÍCULO 2º: Aprobar el programa del curso de posgrado Programación y Algoritmos en Bioinformática Avanzada 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 cinco (5) puntos para la Carrera del Doctorado.

ARTÍCULO 4º: Establecer un arancel de CATEGORÍA 4 estableciendo que dicho arancel estará sujeto a los descuentos y exenciones estipulados mediante la Resolución CD N° 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 QBIOLOGICA#FCEN y resérvese.

ANEXO

Programa

Programación y Algoritmos en Bioinformática Avanzada

Contenidos: Python y Biopython. Estructura de un programa de python. Manejo de secuencias. Alineamiento de a pares y múltiple de secuencias (ClustalW, Muscle, BLAST). Manejo y acceso a las base de datos bioinformáticas. Manejo y acceso de estructuras de biomoléculas. Lectura/escritura de archivos PDB. Representación de la estructura en Biopython. Modelos Ocultos de Markov. Utilización de HMMER. Filogenia con Bio.Phylo. Análisis de grafos y clusterización. Manejo de datos de NGS.

Módulos de GATK.

Unidad 1) Python y Biopython. Estructura de un programa de python, variables, listas, loops, condicionales, operaciones lógico/algebraicas, entrada/salida de datos módulos, funciones. Bibliotecas (numpy, pandas, etc) Entorno de programación Jupyter notebook. Que es Biopython? Instalación de Biopython. Quick Start.

Unidad 2) Manejo de secuencias. Secuencias y alfabetos, transcripción, traducción, Creación de registros de tipo Seq (formato FASTA, genebank). Alineamiento de a pares y múltiple de secuencias (ClustalW, Muscle, BLAST).

Unidad 3) Manejo y acceso a las base de datos bioinformáticas Acceso y bajada de NCBI. Swiss-Prot y ExPASy, Prosite. PubMed

Unidad 4) Manejo y acceso de estructuras. Modulo PDB. Lectura/escritura de archivos PDB. Representación de la estructura en Biopython. Navegando una estructura. Análisis estructurales (distancias, ángulos, dihedros) Superposición estructural. Acceso al PDB.

Unidad 5) Modelos Ocultos de Markov. Utilización de HMMER. Problema de entrenamiento (hmmbuild, hmmscan, hmmeval). Problema de alineamiento (hmmalign). Búsqueda en bases de datos (hmmsearch, hmmscan, hmmpfam).

Unidad 6) Filogenia con Bio.Phylo Construcción de árboles filogenéticos. Colorear ramas de los árboles. Búsqueda y modificación de árboles

Unidad 7) Análisis de grafos y clusterización. Construcción de grafos. Bases de

datos mapeadas sobre grafos (KEGG, String). Análisis de grafos (centralidad, chokepoint). Funciones de distancia. Clusterización Jerárquica. Análisis de componentes principales.

Unidad 8) Manejo de datos de NGS. Módulos de GATK. Mapeo, Alineamiento y llamado de Variantes. VQSR. Anotación de VCF.

Bibliografía:

- 1) Biopython Tutorial and Cookbook. Jeff Chang, Brad Chapman, Iddo Friedberg, Thomas Hamelryck, Michiel de Hoon, Peter Cock, Tiago Antao, Eric Talevich, Bartek Wilczyński 2019 (Biopython 1.74)
- 2) Applied Computational Genomics, Springer Nature Singapore Pte Ltd. 2018 DOI <https://doi.org/10.1007/978-981-13-1071-3>
- 3) Bioinformatics Algorithms: An Active Learning Approach. Philp Compeau. Editor: Active Learning Publishers (2014)
- 4) STRUCTURAL BIOINFORMATICS : AN ALGORITHMIC APPROACH CRC press 2017.

Bibliografía complementaria.

- 1) Translational Bioinformatics, PLOS Computational Biology, December 2012 | Volume 8 | Issue 12 | e1002796
- 2) Bioinformatics: Sequence and Genome Analysis, by David Mount (Author), Cold Spring Harbor Laboratory Press. 2013
- 3) Essentials of Genomic and Personalized Medicine, by Geoffrey S. Ginsburg (Editor), Huntington F Willard PhD (Editor). Academic Press; 1 edition (2009)
- 4) Jason R. Miller, Assembly algorithms for next-generation sequencing data, Genomics 95 (2010) 315–327 Bioresour. Bioprocess. 6, 40 (2019). <https://doi.org/10.1186/s40643-019-0276-2>

